



Prymitywne odmiany pszenicy w szkółce IHAR Radzików

Fot. G. Wodzyńska-Łapińska

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 249/2008



Prymitywne odmiany pszenicy w szkółce IHAR Radzików. *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

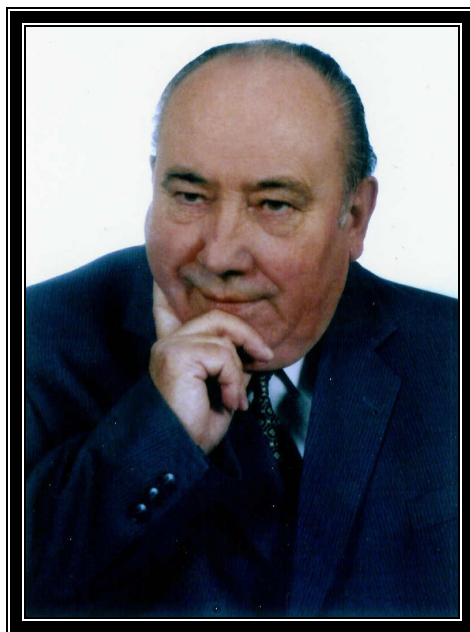
KOMITET NAUKOWY SYMPOZJUM

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

Prof. dr hab. Stanisław Węgrzyn
1931–2008



WSPOMNIENIE

Prof. Stanisław Węgrzyn urodził się w 1931 roku w Mstowie w powiecie Limanowskim. Po ukończeniu szkoły podstawowej w czasie II wojny światowej, częściowo na tajnych kursach rozpoczyna naukę w prywatnym gimnazjum i liceum prowadzonym przez OO. Cystersów w pobliskim Szczyrzycu. Szkoła ta była (na ówczesne czasy) jedną z najlepiej prowadzonych szkół średnich na Podhalu, miała jako nauczycieli doskonałych pedagogów uciekinierów z miast ogarniętych pożogami wojennymi; Warszawy, Lwowa i Krakowa. W szkole tej uczyli się wcześniej Władysław Orkan, dr Władysław Gębik, dr Sebastian Flisak, zapoznawał się z jej programem Juliusz Osterwa oraz wizytował kardynał Sapieha. Tam jako uczeń Stanisław Węgrzyn nauczył się łaciny i greki, a także francuskiego, angielskiego, niemieckiego. Interesując się biologią i matematyką stworzył mocne podstawy jego późniejszych pasji zawodowych, tj.

genetyki i statystyki, dyscyplin, które zajęły znaczną część jego działalności naukowej. Konsekwencją tych zainteresowań były studia na wydziale rolnym Uniwersytetu Jagiellońskiego, które ukończył już jako Wyższą Szkołą Rolniczą w stopniu magistra inżyniera.

Po ukończeniu studiów od 1955 roku aż do końca swojej kariery zawodowej był związany z Instytutem Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie. Już na początku swojej pracy swoje pasje badawcze rozwijał we współpracy z wybitnymi naukowcami, a szczególnie Profesorem Tadeuszem Ruebenbauerem, ówczesnym kierownikiem Zakładu Roślin Zbożowych w Krakowie. Również na początku swojej kariery odbył staż zagraniczny w USA w trakcie, którego zainteresował się najnowszymi osiągnięciami genetyki wykorzystywanymi do hodowli odmian heterozyjnych kukurydzy. Zdobyte doświadczenie i uzyskaną wiedzę wykorzystał w swojej pracy doktorskiej „Teoretyczne podstawy wykorzystania cytoplazmatycznej męskiej bezpłodności dla produkcji nasion mieszańcowych roślin uprawnych na przykładzie kukurydzy”, uzyskując stopień doktora nauk rolniczych w 1962 roku. W następnym okresie kontynuował swoje zainteresowania nad heterozją u roślin, których efektem była praca habilitacyjna pt. „Studia nad efektami heterozji u roślin w zależności od stopnia ploidalności na przykładzie hodowli żyta” przeprowadzona na Wydziale Rolnym Wyższej Szkoły Rolniczej w 1966 roku we Wrocławiu. W tym okresie Profesor Węgrzyn współpracował z praktyczną hodowlą, rozwiązując na bieżąco pojawiające się problemy genetyczne, hodowlane oraz związane z doświadczalnictwem rolniczym. Efektami tych prac były liczne publikacje. Również w tym okresie kierował rozwojem naukowym młodych pracowników nauki. Dorobek ten stanowił podstawę zdobycia tytułów profesora nadzwyczajnego w 1976 roku, a następnie profesora zwyczajnego nauk rolniczych w 1982 roku. Profesor Stanisław Węgrzyn przeszedł kolejne stanowiska: asystenta, adiunkta, kierownika Pracowni Statystyki i Dokumentacji, docenta aż do najwyższego stanowiska profesora nadzwyczajnego i profesora zwyczajnego.

Od 1971 roku był kierownikiem Oddziału IHAR w Krakowie i jednocześnie do chwili odejścia na emeryturę, tj. 31 grudnia 2001 roku kierownikiem Zakładu Roślin Zbożowych.

Działalność naukowa Profesora obejmowała genetykę i hodowlę zbóż, biometrię i doświadczalnictwo.

Profesor Węgrzyn opracował i wdrożył system doświadczeń hodowlanych, składający się z doświadczeń zakładowych, międzyzakładowych, przedwstępnych i wstępnych. Wzbudziło to duże zainteresowanie i uznanie wśród hodowców krajowych i zagranicznych. Ten system wyodrębniania najlepszych rodów, populacji, linii w hodowli zbóż z niewielkim zmianami funkcjonuje do dzisiaj. Był również animatorem grup hodowlano-badawczych ds. poszczególnych hodowli zbóż, pełniąc obowiązki kierownika grupy ds. hodowli pszenicy do 2002 roku. Dla potrzeb hodowli i doświadczalnictwa oraz badań genetycznych Profesor opracował liczne programy obliczeniowe. W początkowym okresie Pan Profesor wraz ze współpracownikami, korzystał z możliwości obliczeniowych komputerów typu Odra w Instytucie Zootechniki w Krakowie a następnie zakupionych do zakładu komputerów korzystających

z najnowocześniejszego oprogramowania, jakie były wówczas dostępne, tj. Algol, Fortran a na końcu Turbo Pascal.

Opracowania programy w tym języku są nadal wykorzystywane do prac badawczych i hodowlanych ze względu na oryginalność utworzonych algorytmów. Lista programów stosowane do celów służyła do rozlosowania doświadczeń zakładanych metodą bloków kompletnych, niekompletnych a także wzorcowych. Dużym wyzwaniem okazało się opracowanie programów do syntetycznego opracowania wykonanych już doświadczeń polowych. Stosowanie do zakładanych doświadczeń i potrzeb hodowlanych rezultaty doświadczeń polowych zakładanych w jednej oraz wielu miejscowościach w kilku powtórzeniach opracowano odpowiednie programy. Wykonują one analizy wariancji dla doświadczeń polowych w układzie bloków kompletnych i niekompletnych z pełnymi i brakującymi obserwacjami dla 1 i lub większej liczby grup obiektów i wzorców, lub też kilku serii doświadczeń, a także doświadczeń tzw. wzorcowych, czyli bezpowtórzeniowych z ze stałymi obiektami wzorcowymi lub losowanymi wzorcami. W ostatnich latach wszystkie programy dokonujące analizy planowania poszerzono o ocenę interakcji genotypowo środowiskowej rodów wysiewanych w kilku środowiskach.

Opracowano również programy wykonujące syntezy cech ilościowych mierzalnych i w skali z dowolnej liczby miejscowości w jednym lub kilku powtórzeniach z rozlosowanych obiektów w miejscowościach lub bez rozlosowań z pełnymi i brakującymi obserwacjami. Zostały one powiązane z programem do syntezy planów, dzięki temu układ cech odzwierciedlał kolejność obiektów uzyskaną w analizie planów.

Dla potrzeb analizy statystycznej cech technologicznych opracował Pan Profesor Węgrzyn programy, który wykonują syntezy grup obiektów ocenianych w różnych miejscowościach ze wspólnymi obiektami np. odmianami wzorcowymi wraz o ocena zmienności oraz ocenę statystyczną istotności analizowanych obiektów. Drugą liczną grupę stanowią programy specjalne do obliczeń doświadczeń genetycznych zakładanych według różnego typu modeli krzyżowań. W ostatnich latach prof. Węgrzyn skoncentrował się na opracowaniu specjalnych programów mających na celu syntezę wyników hodowlanych doświadczeń wieloletnich w układzie hierarchicznym i nieortogonalnym umożliwiającym ocenę stabilności obiektów hodowanych wynikającą z ich reakcji na działanie czynników środowiskowych.

Oprócz prowadzenia własnej działalności badawczej Profesor S. Węgrzyn przez wielu lat pełnił funkcję administracyjną koordynatora i kierownika podproblemu genetyki i hodowli zbóż w IHAR oraz przewodniczącego grupy problemowej ds. hodowli pszenicy w Polsce.

Profesor S. Węgrzyn pełnił wiele funkcji naukowych z powołania lub wyboru: przez dziewięć kadencji w latach 1974–2001 był członkiem Rady Naukowej IHAR. Przez wiele lat pełnił funkcję zastępcy przewodniczącego Rady, oraz przewodniczącego różnych komisji Rady. W latach 1992–1995 był członkiem Kolegium Redakcyjnego czasopisma „Hodowla Roślin Aklimatyzacja i Nasiennictwo” wydawanego przez Instytut. Przez siedem kadencji w latach 1981–2002 był członkiem i zastępcą przewodniczącego dwóch kadencji Komitetu Fizjologii, Genetyki i Hodowli Roślin Wydziału Nauk Rolniczych, Leśnych i Weterynaryjnych Polskiej Akademii Nauk. Był członkiem rad naukowych

innych instytucji m.in. przez kilka kadencji pełnił funkcję przewodniczącego Rady Naukowej Instytutu Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.

Za zasługi w pracy naukowej, hodowlanej i organizacyjnej profesor Stanisław Węgrzyn uhonorowany był odznaczeniami państwowymi: Krzyżem Oficerskim Orderu Odrodzenia Polski, Krzyżem Kawalerskim Orderu Odrodzenia Polski, Srebrnym i Złotym Krzyżem Zasługi oraz odznaczeniem resortowym: Odznaką Zasłużony Pracownik Rolnictwa.

Swoją wielką wiedzę wykorzystał do publikowania w renomowanych czasopismach naukowych. Jest autorem i współautorem wielu prac naukowych, których liczba do roku 2007 łącznie obejmuje ok. 120 prac oryginalnych a także rozdziałów w książkach z zakresu hodowli roślin. Praktycznie swoją wiedzę wykorzystał w hodowli pszenicy będąc współautorem pięciu odmian.

Jako nauczyciel i wychowawca wypromował 11 doktorów, a także recenzował wiele rozpraw doktorskich i habilitacyjnych oraz opiniował wnioski na uzyskanie tytułu profesora.

Jako wychowanek ziemi Szczyrzyckiej włączył się w pomoc ludziom tego rejonu, będąc aktywnym członkiem „Związku Szczyrzyczan”, „Stowarzyszenia Ochrony Zdrowia Szpitala pod wezwaniem Św. Jana Jerozolimskiego w Szczyrzyczku”.

Wielką pasją Profesora było łowiectwo. Był wieloletnim prezesem koła łowieckiego „Szarak,” a ostatnio pełnił funkcję przewodniczącego sądu koleżeńckiego.

Aktywnie wspierał ochronę przyrody podkarpackiej lasów i zwierzyny uczestnicząc w różnego rodzaju akcjach koła łowieckiego mającego na celu ochronę unikalnej fauny i flory. Kulturował silnie tradycje związków rodzinnych i koleżeńskim.

Jak trudno dzisiaj uwierzyć, że przecież jeszcze niedawno był z nami i zawsze służył nam radą, a dzisiaj jest znacznie lepiej zauważalny ludziom-społeczeństwu, kiedy nie bacząc na własne wygodę starał się wszelkimi możliwymi sposobami przekształcić ówczesną rzeczywistość (Halina Węgrzyn).

Stanisław Węgrzyn zmarł 25 lutego 2008 roku w Krakowie w wieku 77 lat. Profesora. Stanisława Węgrzyna pamiętamy jako Człowieka sumiennego, pracowitego, oddanego Instytutowi i naukom rolniczym, o dużej życzliwości wobec innych.

Kraków, 2008

Tadeusz Śmiałowski

ZYGMENT KACZMAREK ¹STANISŁAW CZAJKA ²ELŻBIETA ADAMSKA ¹¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu

Propozycja metody grupowania obiektów jedno- i wielocechowych z zastosowaniem odległości Mahalanobisa i analizy skupień

A proposed method for grouping uni- and multivariate treatments using Mahalanobis distance and cluster analysis

Praca zawiera propozycję metody grupowania wielocechowych obiektów o rozkładach normalnych ze wspólną macierzą kowariancji. Metoda ta jest stosowana w analizie skupień i wykorzystuje odległości Mahalanobisa jako miarę podobieństwa dwóch obiektów. Grupowanie polega na łączeniu obiektów najbardziej do siebie podobnych, czyli takich między którymi odległość Mahalanobisa jest najmniejsza. Jako kryterium zastopowania procesu grupowania, zarówno w przypadku obiektów wielocechowych jak i jednocechowych, przyjęto „najmniejszą istotną odległość” wyznaczoną każdorazowo dla porównywanych obiektów. Prezentowana metoda jest zilustrowana przykładem numerycznym grupowania linii DH rzepaku ozimego.

Słowa kluczowe: ANOVA, MANOVA, analiza skupień, grupowanie obiektów, najmniejsza istotna odległość, odległość Mahalanobisa

A method for grouping the multivariate normal treatments with common covariance matrix is proposed. The method is applicable in cluster analysis and utilizes the Mahalanobis distance as a measure of similarity of two treatments. It is based on the successive merging of two most similar samples taken from the treatments in the sense of minimal distance between them. The “least significant distance” is used as the criterion to determine a stopping rule for the grouping uni- and multivariate treatments. A numerical example from the winter oilseed rape data is included to illustrate the proposed method.

Key words: ANOVA, MANOVA, cluster analysis, grouping of treatments, least significant distance, Mahalanobis distance

WSTĘP

Analiza wariancji wyników doświadczenia, którego obiekty obserwowane są pod względem określonych zmiennych (cech) kończy się z reguły testowaniem hipotezy o równości jedno- lub wielocechowych średnich obiektowych. Odrzucenie tej hipotezy nie

daje jeszcze żadnej informacji o tym, które z badanych obiektów różnią się między sobą istotnie, a między którymi różnice te nie są istotne. Testowanie hipotez ogólnych i implikowanych przez nie hipotez szczegółowych omawiane jest w pracach wielu autorów, między innymi przez Gabriela (1968), Calińskiego i Kaczmarka (1973), Calińskiego i wsp. (1976, 1979), Morrisona (1976), Mardię i wsp. (1979) oraz Sebera (1984). Jednymi z najczęściej stosowanych w praktyce metod porównań wielokrotnych w jednozmiennej analizie wariancji (ANOVA) są: test Duncana, Dunnetta, Newman-Keulsa, Scheffego, test F, test t oraz test Tukeya. W wielozmiennej analizie wariancji (MANOVA) stosowane są różne testy do weryfikacji hipotez: pierwiastek maksymalny Roya, ślad Lawleya-Hottelina, iloraz wiarygodności Wilksa oraz ślad Pillai. Testy te wykorzystywane są w wielu programach i pakietach statystycznych. Znacznie rzadziej przedstawiane są i stosowane w programach obliczeniowych metody grupowania obiektów. O ile jeszcze wyróżnianie grup jednorodnych w przypadku jednej cechy można niekiedy znaleźć w niektórych programach komputerowych (Gabriel 1964; Harabasz i Wiśniewski 1984), to już procedury obliczeniowe i pakiety statystyczne dotyczące analizy doświadczeń wielocechowych rzadko uwzględniają potrzebę grupowania obiektów. Zawarte w nich metody wielozmienne takie jak analiza składowych głównych czy też analiza zmiennych kanonicznych (Caliński i in., 1975) umożliwiają co prawda znalezienie graficznych obrazów rozmieszczenia obiektów na płaszczyźnie, pozwalają nawet wyznaczyć pewne ich skupienia, jednakże nie dokonują formalnego i obiektywnego podziału obiektów na grupy w maksymalnym stopniu wewnętrznie jednorodne pod względem badanego zespołu cech. Również odległości Mahalanobisa a także odległości Euklidesa stanowią co najwyżej podstawę wykreślenia dendrogramu lub dendrytu najkrótszych połączeń mimo że uznawane są często za miarę wielocechowego podobieństwa obiektów (Caliński, Kaczmarek, 1969, 1973; Mądry, Kubicka, 1988).

W latach siedemdziesiątych i osiemdziesiątych zaproponowano co prawda wiele metod statystycznych i procedur obliczeniowych grupowania obiektów wielocechowych (Mc Queen, 1966; Lance i Williams, 1967; Caliński, 1969; Karoński, 1971; Caliński i Harabasz, 1974; Harabasz i Karoński, 1977; Chudzik i Karoński, 1979; Karoński i Caliński, 1979) lecz nie znalazły one częstego wykorzystania w praktyce.

W niniejszej pracy przedstawimy propozycję metody grupowania obiektów opartej na analizie skupień. W metodzie tej, grupującej obiekty o wielowymiarowych rozkładach normalnych ze wspólną macierzą kowariancji, wykorzystana będzie odległość Mahalanobisa jako miara podobieństwa między dwoma obiektami. Metoda może być stosowana zarówno dla obiektów jednocechowych, jak i wielocechowych. Dla obu sytuacji obowiązywać będzie także to samo kryterium podziału na rozłączne grupy jednorodne.

2. METODA

Weźmy pod uwagę doświadczenie, w którym każdy z k obiektów jest replikowany n_i razy ($i = 1, 2, \dots, k$) i obserwowany pod względem p cech ($l = 1, 2, \dots, p$). Zapiszmy wektory średnich z powtórzeń dla i -tego oraz j -tego obiektu ($i \neq j = 1, 2, \dots, k$) w postaci:

$$\bar{y}_i = \begin{bmatrix} \bar{y}_{i1} \\ \bar{y}_{i2} \\ \vdots \\ \bar{y}_{ip} \end{bmatrix}, \bar{y}_j = \begin{bmatrix} \bar{y}_{j1} \\ \bar{y}_{j2} \\ \vdots \\ \bar{y}_{jp} \end{bmatrix}, \quad (1)$$

gdzie $\bar{y}_{il}$ ($\bar{y}_{jl}$) są średnimi i -tego (j -tego) obiektu dla l -tej cechy ($l = 1, 2, \dots, p$).

2.1. Grupowanie obiektów wielocechowych ($p > 1$)

Jeśli jako miarę wielocechowego podobieństwa obiektu i -tego z j -tym przyjmiemy uogólnioną odległość Mahalanobisa (Caliński, Kaczmarek, 1969), to jej kwadrat można zapisać w postaci następującej formy kwadratowej

$$D_{ij}^2 = (\bar{y}_i - \bar{y}_j)' \mathbf{S}_e^{-1} (\bar{y}_i - \bar{y}_j), \quad (2)$$

gdzie $\mathbf{S}_e^{-1}$ jest odwrotnością macierzy średnich kwadratów i iloczynów dla błędu w wielozmiennej analizie wariancji a wektory $\bar{y}_i$ i $\bar{y}_j$ zostały zdefiniowane w (1).

Dla weryfikacji hipotezy orzekającej, że oba obiekty mają takie same p -cechowe wektory średnich, czyli, że odległość między nimi wynosi zero, można zastosować następującą „odległość krytyczną” (Morrison, 1976; Camussi i in., 1985)

$$D_\alpha^2 = \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right) \frac{p v_e}{v_e - p - 1} F_{\alpha; p, v_e - p - 1}, \quad (3)$$

gdzie n_i (n_j) są liczbami replikacji dla i -tego (j -tego) obiektu, p oznacza liczbę cech, v_e jest liczbą stopni swobody dla macierzy $\mathbf{S}_e$, a $F_{\alpha; p, v_e - p - 1}$ jest wartością krytyczną odczytaną z tablic rozkładu F Fishera-Snedecora na poziomie istotności α dla p i $v_e - p - 1$ stopni swobody. Testowanie to można przeprowadzić przy założeniu istnienia wspólnej macierzy kowariancji oraz faktu, że łączny rozkład obserwowanych p zmiennych jest normalny. Proponowana metoda grupowania polegać będzie na łączeniu obiektów najbardziej podobnych „krok za krokiem” i każdorazowym porównywaniu kwadratu odległości Mahalanobisa, najkrótszej w aktualnym zbiorze obiektów, z odległością krytyczną D_α^2 .

2.2. Grupowanie obiektów jednocechowych ($p = 1$)

W przypadku jednej l -tej cechy odległość Mahalanobisa zdefiniowaną w (2) można dla pary średnich obiektowych $\bar{y}_i$ oraz $\bar{y}_j$ zapisać następująco:

$$D_{ij}^2 = (\bar{y}_{il} - \bar{y}_{jl})(\mathbf{MS}_e)^{-1} (\bar{y}_{il} - \bar{y}_{jl}) = \frac{(\bar{y}_{il} - \bar{y}_{jl})^2}{\mathbf{MS}_e}, \quad (4)$$

gdzie MS_e jest średnim kwadratem dla błędu wyznaczonym dla l -tej cechy w ANOVA. Odległość krytyczna ze wzoru (3) przyjmie teraz postać

$$D_\alpha^2 = \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right) F_{\alpha;1,v_e}. \quad (5)$$

Jeżeli $D_{ij}^2 > D_\alpha^2$ to odrzucamy na poziomie istotności α hipotezę, że odległość między i -tym oraz j -tym obiektem jest równa zero, czyli hipotezę mówiącą, że obiekty i -ty oraz j -ty nie różnią się pod względem średniej l -tej cechy. Zauważmy, że istnieje w tym przypadku pełna zgodność nierówności między D_{ij}^2 i D_α^2 , czyli nierówności

$$\frac{(\bar{y}_{il} - \bar{y}_{jl})^2}{MS_e} > \left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right) F_{\alpha;1,v_e} \quad (6)$$

z testem F dla weryfikacji hipotezy dotyczącej kontrastu między i -tym oraz j -tym obiektem pod względem l -tej cechy, którego ocena jest różnicą między średnimi $\bar{y}_{il}$ oraz $\bar{y}_{jl}$. Kontrast ten jest istotny na poziomie α jeśli

$$F = \frac{(\hat{k})^2}{\left(\frac{1}{n_i} + \frac{1}{n_j} \right) MS_e} > F_{\alpha;1,v_e}.$$

2.3. Przebieg procesu grupowania obiektów

Proponowana metoda analizy skupień k obiektów wielocechowych lub jednocechowych przyjmuje jako punkt wyjścia tablicę odległości Mahalanobisa wyznaczonych dla wszystkich możliwych par tych obiektów. Jej przebieg jest następujący:

- 1. Znajdujemy najmniejszą odległość Mahalanobisa, $\min D_{ij}^2$, między dwoma obiektami i porównujemy ją z odległością krytyczną D_α^2 .
- 2. Jeżeli:

$$\min D_{ij}^2 \leq D_\alpha^2, \quad (7)$$

dokonyjemy połączenia tych obiektów w jeden obiekt łączny zawierający obserwacje obu połączonych obiektów i oraz j .

Realizacja metody w punktach 1–2 prowadzi do zmniejszenia liczby obiektów z k do $k-1$, czyli podziału k obiektów na $k-1$ grup.

- 3. Uaktualniamy tablicę odległości Mahalanobisa poprzez rezygnację z odległości obiektów i oraz j z pozostałymi i wprowadzenie wyliczonych odległości między nowym obiektem łącznym o liczbie replikacji $n_i + n_j$ a pozostałymi obiektami.
- 4. Wracamy do punktu (1) znajdując dla $k-1$ obiektów najmniejszą odległość Mahalanobisa i porównując ją z odległością krytyczną D_α^2 .
- 5. Proces tworzenia grup jednorodnych trwa do momentu, w którym $\min D^2 > D_\alpha^2$, czyli do momentu, w którym nierówność (7) nie zachodzi. Wystąpienie tej nierówności oznacza zakończenie procesu grupowania i przyjęcie oprócz dotychczas utworzonych

grup obiektów, jednoelementowych grup zawierających obiekty do tego momentu niegrupowane.

3. PRZYKŁAD I DYSKUSJA

W celu zobrazowania przebiegu grupowania według proponowanej metody wzięto fragment wyników doświadczenia linia $\times$ tester z rzepakiem ozimym z 7 liniami DH, 4 testerami i 28 mieszancami F_1 przeprowadzonego w układzie losowanych bloków w 3 powtórzeniach na Polu Doświadczalnym w Cerekwicy k/Poznań. Wybrany fragment danych dotyczy 7 linii DH obserwowanych pod względem 4 cech: długości łuszczyzny, liczby nasion w łuszczyźnie, masy tysiąca nasion i zawartości tłuszczu w oleju nasion. Średnie wartości tych cech dla poszczególnych linii zawiera tabela 1.

Tabela 1

Średnie wartości linii DH rzepaku ozimego dla poszczególnych cech
Mean values of DH lines of winter rape for individual traits

Linia DH DH line (i =)	Długość łuszczyzny Length of seeds silique (cm)	Liczba nasion w łuszczyźnie Number of per silique	MTN TSW (g)	Zawartość tłuszczu Oil content (%)
1	9,2	25,1	4,7	44,3
2	7,7	19,1	5,1	44,6
3	7,7	25,6	4,6	44,0
4	7,2	17,3	5,3	44,0
5	7,6	19,7	4,6	45,5
6	9,8	27,0	4,7	43,9
7	9,0	22,9	4,6	43,9

3.1 Grupowanie obiektów wielocechowych

W wyniku przeprowadzonej wielozmiennej analizy wariancji odrzucona została hipoteza ogólna o braku różnic między wektorami średnich poszczególnych linii DH. Obliczone, ze względu na wyżej wymienione 4 cechy, kwadraty odległości Mahalanobisa przedstawia tabela 2. Odległości te stanowią pierwszy etap obliczeń w procesie grupowania obiektów.

Tabela 2

Odległości Mahalanobisa między liniami DH
Mahalanobis distances between DH lines

Odległości Mahalanobisa — Mahalanobis distances						
(j =)	1	2	3	4	5	6
2	15,3					
3	33,2	36,2				
4	22,4	1,3	38,2			
5	16,7	3,1	27,5	6,4		
6	1,4	25,0	40,8	33,4	27,7	
7	1,4	19,0	41,2	25,9	21,6	2,1

Ponieważ $\min D^2_{ij} = 1,3$ (dla pary obiektów 2 i 4) $< D^2_{0.05} = 11,39$ zatem obiekty 2 i 4 tworzą jeden obiekt łączny (o numerze 2) o średnich wartościach cech: 7,5, 18,2, 5,2, 44,3

i liczbie replikacji $r = 6$. W etapie pierwszym wyróżniono grupę obejmującą obiekty 2 i 4. Obiekty niegrupowane: 1, 3, 5, 6, 7

Etap 2. Obliczamy ponownie odległości Mahalanobisa między obiektami uwzględniając fakt dołączenia obiektu nr 4 do obiektu 2.

Odległości Mahalanobisa — Mahalanobis distances						
(j =)	1	2	(i =) 3	4	5	6
2	15,3					
3	33,2	36,8				
4	-		-			
5	16,7	4,4	27,5	-		
6	1,4	28,9	40,8	-	27,7	
7	1,4	22,2	41,2	-	21,6	2,1

Ponieważ $\min D^2_{ij} = 1,4$ (dla par obiektów 1, 7) $< D^2_{0,05} = 11,39$ zatem obiekty 1 i 7 tworzą jeden obiekt łączny (o numerze 1) o średnich wartościach cech: 9,1, 24,0 4,6, 44,1 i liczbie replikacji $r = 6$. Oznacza to, że obliczenia w etapie drugim pozwoliły wyróżnić grupy:

— grupa 1: obiekty 2, 4

— grupa 2: obiekty 1, 7

Obiekty niegrupowane: 3, 5, 6.

Etap 3. Obliczamy odległości Mahalanobisa między dwoma obiektami łącznymi (grupami 1 i 2) oraz obiektami 3, 5 i 6.

Odległości Mahalanobisa — Mahalanobis distances						
(j =)	1	2	(i =) 3	4	5	6
2	20,0					
3	36,9	36,8				
4	-	-	-	-	-	
5	18,8	4,4	27,5	-		
6	1,4	28,9	40,8	-	27,7	
7	-	-	-	-	-	-

Ponieważ $\min D^2_{ij} = 1,4$ (dla par obiektów 1 i 6) $< D^2_{0,05} = 8,54$ zatem obiekty 1, 7 i 6 tworzą jeden obiekt łączny (grupę o numerze 1) o średnich wartościach cech: 9,3, 25,0, 4,6, 44,0 i liczbie replikacji $r = 9$. Obliczenia w etapie 3 pozwoliły wyróżnić grupy:

— grupa 1: obiekty 2, 4

— grupa 2: obiekty 1, 7, 6

Obiekty niegrupowane: 3, 5.

Etap 4. Obliczamy odległości Mahalanobisa między dwoma obiektami łącznymi (grupami 1 i 2) oraz obiektami 3 i 5.

Odległości Mahalanobisa — Mahalanobis distances						
(j =)	(i =)					
	1	2	3	4	5	6
2	22,6					
3	37,9	36,8				
4	-	-	-			
5	21,4	4,4	27,5-			
6	-	-	-	-	-	
7	-	-	-			-

Ponieważ $\min D^2_{ij} = 4,4$ (dla par obiektów 2 i 5) $< D^2_{0,05} = 8,54$ zatem obiekt nr 5 został dołączony do grupy 2 utworzonej z obiektów 2 i 4, której aktualne średnie wartości cech są następujące: 7,5, 18,7, 5,0, 44,7 przy liczbie replikacji $r = 9$. W wyniku obliczeń wykonanych w etapie 4 utworzono następujące grupy obiektów:

— grupa 1: obiekty 2, 4, 5

— grupa 2: obiekty 1, 7, 6

Obiekt niegrupowany: obiekt 3

Etap 5. Obliczamy odległości Mahalanobisa między dwoma obiektami łącznymi (grupami 1 i 2) oraz obiektem nr 3.

Odległości Mahalanobisa — Mahalanobis distances						
(j =)	(i =)					
	1	2	3	4	5	6
2	22,6					
3	37,9	32,7				
4	-	-	-			
5	-	-	-	-		
6	-	-	-	-	-	
7	-	-	-	-	-	-

Ponieważ $\min D^2_{ij} = 22,6$ (dla par obiektów 1 i 2) $> D^2_{0,05} = 3,80$ zatem obiekt 3 tworzy rozłączną grupę i proces grupowania zostaje zakończony. W rezultacie obowiązujący jest wynik grupowania polegający na utworzeniu 3 grup jednorodnych o następującym składzie obiektów:

— grupa 1: obiekty 2, 4, 5

— grupa 2: obiekty 1, 7 i 6,

— grupa 3: obiekt 3.

3.2 Grupowanie obiektów dla poszczególnych cech

Długość łuszczyzny

Test F w analizie wariancji: $F = 8.635 > F_{0,05} = 2.85$

Hipoteza H_0 została odrzucona

Skład grup jednorodnych	Średnia
1, 7, 6	9,3
2, 3, 5, 4	7,5

Liczba nasion

Test F w analizie wariancji: $F = 5,172 > F_{0.05} = 2,85$

Hipoteza H_0 została odrzucona

Skład grup jednorodnych	Średnia
1, 3, 6, 7	25,2
2, 5, 4	18,7

Masa tysiąca nasion

Test F w analizie wariancji:

$$F = 2.276 < F_{0.05} = 2.85$$

Hipoteza H_0 o braku różnic między średnimi nie została odrzucona

Zawartość tłuszczu

Test F w analizie wariancji:

$$F = 1.708 < F_{0.05} = 2.85$$

Hipoteza H_0 o braku różnic między średnimi nie została odrzucona

Identyczne podziały obiektów na grupy jednorodne uzyskano dla każdej cechy stosując metodę Gabriela (1964) wykorzystującą procedurę testów jednoczesnych.

WNIOSKI

1. Wyróżnienie grup jednorodnych za pomocą opisanej w pracy metody grupowania może stać się dodatkową informacją i uzupełnieniem wyników testowania istotności określonych kontrastów dotyczących par obiektów i grup obiektów.
2. Szczególnym przypadkiem proponowanej metody grupowania jest możliwość wykorzystania jako miary wielocechowego podobieństwa obiektów -odległość Euklidesa zamiast odległości Mahalanobisa. Proces grupowania przebiega w sposób analogiczny do opisanego wyżej, jednakże bez możliwości testowania odległości D_{ij}^2 . Jest to równoznaczne z brakiem kryterium, które pozwoliłoby zatrzymać proces łączenia obiektów w grupy.
3. Przy łączeniu obiektów w proponowanej metodzie można stosować różne metody analizy skupień, takie jak metoda najbliższego sąsiedztwa, metoda mediany, metoda średniej grupowej, metoda środka ciężkości, czy też metoda Warda (Lance, Williams, 1967; Wishart, 1969; Karoński, Caliński, 1973).
4. Dla oszacowanych odległości Mahalanobisa mogą być wykorzystane wartości krytyczne przy stosowaniu jednoczesnej procedury testowej oparte na teście Rao lub teście Roya.
5. Zastosowanie jako kryterium grupowania tej samej funkcji testowej dla obiektów wielocechowych ($p > 1$) i jednocechowych ($p = 1$) daje możliwość bardziej

obiektywnego porównania wyników uzyskanych dla wyżej wymienionych przypadków.

LITERATURA

- Caliński T. 1964. On the application of cluster analysis to experimental results W: proceedings of the 37th Session of the International Statistical Institute ISI, London.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1975. Analiza składowych głównych i jej zastosowania. Roczniki AR w Poznaniu, Algorytmy biometryczne i statystyczne, 36: 159 — 185.
- 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.
- Caliński T., Dyczkowski A i Sitek M.(1979). Procedury testów jednoczesnych w wielozmiennej analizie wariancji. Matematyka stosowana XIV: 5 — 31.
- Caliński T., Harabasz J. S. 1974. A dendrite method for cluster analysis. Communications in Statistics 3.
- Caliński T., Kaczmarek Z. 1969. A note the calculation and use of the generalized distance between multivariate samples. Zeszyty Naukowe UAM, Geografia 8: 7 —17.
- Caliński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wielocechowego W: Trzecie Colloquim Metodologiczne z Agrobiometrii, PAN, PTB Warszawa, 258 —320.
- Caliński T., Karoński M. 1977. Grupowanie populacji o wielorozkładowych rozkładach normalnych za pomocą procedury testów jednoczesnych. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne 56: 123 — 134.
- Caliński T., Wagner W. 1974. Grupowanie średnich obiektowych w jednozmiennej analizie wariancji. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne 24: 61 — 73.
- Camussi A., Ottaviano E., Caliński T., Kaczmarek Z. 1985. Genetic distances based on quantitative traits. Genetics 111: 945 —962.
- Chudzik H., Karoński M. 1979. Skupianie obserwacji metodą k-średnich. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne 78: 133 — 152.
- Gabriel K. R. 1964. A procedure for testing the homogeneity of all sets of means in analysis of variance. Biometrics, vol. 20, 3: 459 —477.
- Gabriel K. R. 1968. Simultaneous test procedures in multivariate analysis of variance. Biometrika 55: 489 — 504.
- Górczyński J., Mądry W. 1988. A study of genetic divergence of plants by multivariate methods. Genetica Polonica, vol. 29, No 3-4: 341 —352.
- Harabasz J. S., Karoński M. 1977. Dendrytowa metoda analizy skupień. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne, 57: 135 — 148.
- Harabasz J. S., Wiśniewski P. 1984. Grupowanie obiektów jednocechowych za pomocą programowania dynamicznego. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne 109: 147 — 154.
- Karoński M. 1971. Algorytm grupowania populacji w rozkładach metodą krok po kroku.. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne 4: 30 — 33.
- Karoński M., Caliński T. 1973. Grupowanie populacji o rozkładach normalnych na podstawie odległości Mahalanobisa. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne, 16, 107 — 115.
- Karoński M., Caliński T. 1973. Grupowanie obiektów wielocechowych na podstawie odległości euklidesowych. Roczniki AR w Poznaniu. Algorytmy biometryczne i statystyczne 17: 117 — 129.
- Lance G. M., Williams W. T. 1967. A general theory of classificatory sorting strategies. Hierarchical systems, Computer J. 9: 373 —380.
- Mac Queen J. B. 1967. Some methods for classification and analysis of multivariate observations. Proc. Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability Theory. Berkeley University of California Press. vol. 1, 281 — 287.
- Mardia K. V., Kent J. T., Bibby J. M. 1979. Multivariate Analysis. Academic Press, London.
- Morrison D. F. 1976. Multivariate statistical methods. McGraw-Hill, New York.

- Mądry W., Kubicka H. 1988. Wielocechowa ocena zróżnicowania linii wsobnych wyselekcjonowanych z odmian uprawnych żyta ozimego (*S. cereale* L.). Hod. Rośl. Aklim. i Nasien. 32, 3/4: 16 — 26.
- Rohlf F. J. 1970. Adaptive hierarchical clustering schemes. Syst. Zool. 19: 58 — 82.
- Rajfura A., Mądry W. 2000. Wydzielenie grup jednocechowo podrzędnych w środowiskach w stosunku do genotypów wykazujących interakcję jakościową. Biul. IHAR 216: 27 — 37.
- Seber G. A. F. 1984. Multivariate Observations. Wiley, New York.
- Wishart D. 1969. An algorithm for hierarchical classifications. Biometrics 25, 1: 165 — 170.

WIESŁAW PILARCZYK^{1,2}**ANNA FRAS**²¹ Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu² Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupi Wielkiej

Ocena precyzji doświadczeń rejestrowych zbóż w Polsce

Estimation of the exactness of cereal variety testing program in Poland

Precyzja jednoczynnikowych doświadczeń blokowych jest często określana poprzez wartości najmniejszej różnicy istotnej (NRI) wyrażanej w procentach średniej wartości analizowanych cech (NRI%). W tym opracowaniu, wykorzystując wyniki kilkuset doświadczeń z pszenicą jara i ozimą, z jęczmieniem jarym oraz z pszenżytem ozimym, sprawdzono m.in. czy tak rozumiana precyzja zależy od roku prowadzenia badań. W tym celu zastosowano nieparametryczny test Kruskala-Wallisa. Nie stwierdzono istotnego statystycznie wpływu lat na precyzję doświadczeń. Natomiast wykryto, że precyzja doświadczeń przeprowadzonych na wysokim poziomie agrotechniki była istotnie wyższa niż precyzja doświadczeń na poziomie standardowym. Dolna i górna granica tolerancji dla wartości NRI% dla doświadczeń zbożowych przeprowadzanych w dwóch powtórzeniach zostały określone odpowiednio na 2.2% i 26%.

Słowa kluczowe: niekompletny układ split-blok, ocena odmian, precyzja doświadczeń, przedział ufności, układ rozkładalny o blokach niekompletnych

Precision of variety trials is often defined in terms of the least significant differences (LSD), expressed in percents of a general mean of the analyzed trait (LSD%). In this paper, the results of several hundred trials on spring and winter wheat, spring barley and winter triticale were used to assess the effect of the year upon a rate of precision. The non-parametric Kruskal-Wallis test was applied to verify the hypothesis on the lack of differences between years. The hypothesis has not been rejected. However, it was found that the precision of the trials performed using high levels of agricultural practice was significantly higher than that of the trials carried out at the standard level. Lower and upper 99% confidence bounds for LSD% in cereal trials performed in two replicates were determined as 2.2% and 26%, respectively.

Key words: confidence bounds, incomplete split-block design, resolvable incomplete block design, trial exactness, variety testing

WSTĘP

Decyzje dotyczące wartości gospodarczej odmian roślin uprawnych — dla ważnych gospodarczo gatunków roślin — są podejmowane zazwyczaj po analizie serii doświadczeń

odmianowych przeprowadzanych w różnych miejscowościach (stacjach, punktach doświadczalnych) przez okres kilku lat. Doświadczenia te, z natury rzeczy, zazwyczaj różnią się od siebie wielkością błędów doświadczalnych, czego wyrazem są różniące się od siebie średnie kwadraty dla błędu doświadczalnego (MSe) otrzymywane w poszczególnych doświadczeniach. Z kolei przy analizie serii takich doświadczeń, zazwyczaj przyjmuje się założenie o jednorodności wariancji błędów doświadczalnych. Do sprawdzenia, czy wariancje błędów są jednorodne można, na przykład, zastosować powszechnie znany test Bartletta, Kala (1996). W polskiej ocenie odmian, instytucjonalnie realizowanej przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych z siedzibą w Słupi Wielkiej, przed włączeniem każdego doświadczenia do serii sprawdza się, czy precyzja takiego doświadczenia nie jest zbyt niska. Jako miarę precyzji przyjmuje się średnią wartość najmniejszej różnicy istotnej (NRI%) dla porównania par odmian, wyrażoną w procentach średniej ogólnej. Badania wykonane przez Pilarczyka (1988) przy wykorzystaniu wyników kilkuset doświadczeń, pozwoliły wyznaczyć granice tolerancji, które – dla doświadczeń zbożowych — zostały określone (przy poziomie ufności $1 - \alpha = 0,99$) jako przedział od 3% do 20%. Zatem wyniki wszystkich doświadczeń, w których obliczona wartość NRI% mieści się w tych granicach, w dużej mierze automatycznie były i są włączane do analizowanych serii doświadczeń. Warto tu wspomnieć, że granice te zostały obliczone i obowiązują jedynie przy stosowaniu metodyki doświadczeń obowiązującej wtedy w stacjach doświadczalnych oceny odmian (w szczególności dotyczy to powierzchni i kształtu poletek doświadczalnych, liczby replikacji obiektów i pojemności bloków kompletnych lub niekompletnych). Od czasu wprowadzenia tych granic tolerancji zmianie uległy zarówno metodyka doświadczeń, chociażby przez wprowadzenie drugiego czynnika doświadczalnego i stosowanie dla większości gatunków niekompletnego układu split-block, konstruowanego w oparciu o schematy uogólnionych układów kratowych, czyli układów rozkładalnych o blokach niekompletnych. W badaniach znajdują się także odmiany nowej generacji, których reakcja na warunki na polu doświadczalnym może być inna niż odmian starszych. Inną ważną zmianą jest to, że obecnie stosuje się jedynie dwie replikacje. Celem niniejszego opracowania jest sprawdzenie jak wprowadzone zmiany wpłynęły na precyzję doświadczeń. Sprawdzone zostanie także, czy precyzja ta zależy od roku badań i od rozważanego gatunku rośliny zbożowej. Niejako przy okazji sprawdzona zostanie także skuteczność układów o blokach niekompletnych w doświadczeniach polskiej oceny odmian. Wszystkie rozważania są prowadzone przy wykorzystaniu wyników kilkuset doświadczeń z pszenicą, jęczmieniem i pszenżytem przeprowadzonych w latach 2000–2005 w kilkudziesięciu stacjach doświadczalnych oceny odmian (SDOO).

MATERIAŁ I METODA

Do analizy skuteczności układów o blokach niekompletnych wykorzystano wyniki 175 doświadczeń z jęczmieniem jarym, i odpowiednio 176 — z pszenicą jara, 229 — z pszenicą ozimą i 117 — z pszenżytem ozimym. Wszystkie doświadczenia przeprowadzono w latach od 2000 do 2005 w stacjach doświadczalnych oceny odmian. Doświadczenia zakładane były w niekompletnym układzie split-block powstałym przez wzdłużny podział każdego bloku

kompletnego (powtórzenia) na dwie części, na których stosowano albo przeciętny albo wysoki poziom agrotechniki. Liczba odmian, w zależności od roku i gatunku roślin, wahała się od 16 do 50. Ponieważ analizy wykonywano oddzielnie dla każdego poziomu agrotechniki, zatem podana tu liczba uwzględnionych doświadczeń ulega podwojeniu. Wszystkie doświadczenia zakładane były w dwóch powtórzeniach. Plan takiego przykładowego doświadczenia dla 20 badanych odmian podany jest na rysunku 1. Współczynnik efektywności układu 1-rozkładalnego, z którego powstał ten plan wynosi $E = 0,905$. Wykorzystując, zatem oddzielnie wyniki dla obydwu poziomów agrotechniki wykonywano podwójną analizę wariancji dla plonu ziarna przeliczonego na wspólną wilgotność 15%. Pierwszą analizę wykonywano z uwzględnieniem podziału materiału doświadczalnego zarówno na bloki niekompletne, jak i na kompletne powtórzenie. Drugą analizę wykonywano przy ignorowaniu podziału na bloki niekompletne, czyli traktując wyniki tak, jak gdyby pochodziły one z układu bloków losowanych kompletnych. Dla obydwu wersji analizy obliczano średnią wartość najmniejszej różnicy istotnej (NRI) na poziomie $\alpha = 0.05$. Ta wersja analizy, która daje mniejszą wartość NRI uważana jest za wersję skuteczniejszą. Wartości NRI obliczano stosując wzór:

$$NRI = \sqrt{2MS_e / (Er)} * t_{v,\alpha},$$

gdzie MS_e oznacza średni kwadrat dla błędu z analizy wariancji, E oznacza współczynnik efektywności układu, Pearce (1983) (w układzie bloków losowanych kompletnych $E = 1$), r oznacza liczbę pomiarów na podstawie której obliczono wartości średnie (u nas $r = 2$), a $t_{v,\alpha}$ oznacza wartość tablicową rozkładu t-Studenta dla v stopni swobody oraz poziomu istotności α .

Powt. 1 Rep. 1	Przeciętny poziom agrotechniki Standard level of agricultural practice	18	2	14	20	10	4	13	5	11	9	6	19	1	7	8	15	3	16	12	17
	Wysoki poziom agrotechniki High level of agricultural practice	18	2	14	20	10	4	13	5	11	9	6	19	1	7	8	15	3	13	12	17
blok niekompletny incomplete block																					
Powt. 2 Rep. 2	Przeciętny poziom agrotechniki Standard level of agricultural practice	4	19	8	9	2	17	6	18	3	20	15	16	10	12	1	13	7	5	14	11
	Wysoki poziom agrotechniki High level of agricultural practice	4	19	8	9	2	17	6	18	3	20	15	16	10	12	1	13	7	5	14	11

Rys. 1. Przykładowy plan doświadczenia w niekompletnym układzie split-block

Fig. 1. Example of field scheme in incomplete split-block design

Te same wyniki zostały wykorzystane także do zbudowania przedziału tolerancji dla wartości NRI%. W polskiej ocenie odmian wykonuje się dwustopniową analizę wyników. Najpierw wykonuje się analizę doświadczeń pojedynczych (w dwóch

wersjach, czyli z uwzględnieniem i bez uwzględnienia podziału na bloki niekompletne), a następnie analizę serii doświadczeń z wykorzystaniem wartości średnich ze skuteczniejszej wersji analizy. W celu wnioskowania o precyzji doświadczeń wykorzystuje się zatem jedną wartość NRI% obliczoną w skuteczniejszej wersji analizy. Oprócz wyników doświadczeń wykorzystywanych przy porównywaniu skuteczności analiz uwzględniono także wyniki doświadczeń przeprowadzonych w tych samych latach w układzie bloków losowanych kompletnych. Zatem przy analizowaniu precyzji uwzględniono łącznie wyniki 1540 doświadczeń. W celu sprawdzenia czy precyzja doświadczeń zależy od poziomu agrotechniki zastosowano test Kruskala-Wallisa (test sumy rang), Kruskal, Wallis (1952), Greń (1984), Hajek i Sidak (1967). W podobny sposób porównano także precyzję doświadczeń w poszczególnych latach. W opracowaniu Pilarczyka (1988) pokazano, że transformacja logarytmiczna wartości NRI% prowadzi do zgodności wartości $\ln(NRI\%)$ z rozkładem normalnym. W tym opracowaniu także wykorzystano tę transformację, a następnie skonstruowano 99% przedziały ufności dla wartości NRI% dla rozważanych gatunków zbóż.

WYNIKI

Wartości parametrów rozważanych doświadczeń wraz z porównaniem skuteczności układów 1-rozkładalnych względem układu bloków losowanych kompletnych zestawiono w tabeli 1. W tej tabeli V oznacza liczbę badanych odmian, k — zastosowaną pojemność bloków niekompletnych, n — ogólną liczbę doświadczeń a n_1 — liczbę doświadczeń, w których układ o blokach niekompletnych był skuteczniejszy od układu bloków losowanych kompletnych. I tak, z wartości zamieszczonych w tej tabeli widać, że frakcja doświadczeń, w których układ o blokach niekompletnych był skuteczniejszy waha się od 22,2% (pszenżyto ozime, rok 2005, przeciętny poziom agrotechniki), do 72,4% (jęczmień jary, rok 2002, wysoki poziom agrotechniki). Średnio poprzez lata większa była skuteczność układów o blokach niekompletnych na wysokim poziomie agrotechniki niż na poziomie przeciętnym. Wiąże się to zapewne z lepszą ochroną roślin — stosowaną na wysokim poziomie — przed różnymi patogenami. Brak takiej ochrony na poziomie przeciętnym mógł powodować zakłócenia w wegetacji roślin i w konsekwencji osłabić skuteczność układów o blokach niekompletnych ukierunkowanych na eliminację zmienności glebowej a nie zmienności innego typu. W celu sprawdzenia, czy różnica w poziomie precyzji jest statystycznie istotna zastosowano test Kruskala-Wallisa dla wartości NRI% obliczonych na tych dwóch poziomach agrotechniki. Wyniki zestawiono w tabeli 2.

Tabela 1

Parametry doświadczeń i frakcje doświadczeń (w %) o większej skuteczności układów 1-rozkładalnych od układu bloków losowanych kompletnych

Basic trial parameters and fractions of trials with the effectiveness of 1-resolvable designs higher than that in the randomized complete block

Gatunek Species	Rok Year	V	k	n	Poziom podstawowy Standard level		Poziom wysoki High level	
					n ₁	(n ₁ /n)*100%	n ₁	(n ₁ /n)*100%
Jęczmień jary Spring barley	2000	39	13	16	9	56,3	10	62,5
	2001	34;35	7	26	12	46,2	7	26,9
	2002	36;38	9;13	29	14	48,3	21	72,4
	2003	29;36	9;10	29	19	65,5	15	51,7
	2004	16-33	8-11	29	12	41,4	17	58,6
	2005	16-32	6-10	46	19	41,3	18	39,1
Łącznie Total				175	85	48,6	88	50,3
Pszenica jara Spring wheat	2000	22	11	17	6	35,3	8	47,1
	2001	20;24	8;10	30	11	36,7	11	36,7
	2002	20;21	7;10	29	14	48,3	12	41,4
	2003	23	8	27	9	33,3	13	48,2
	2004	24;25	5;8	29	10	34,5	15	51,7
	2005	16-25	5-10	44	17	38,6	22	50,0
Łącznie Total				176	67	38,1	81	46,0
Pszenica ozima Winter wheat	2000	47;50	8;10	17	8	47,1	10	58,8
	2001	18-45	6-10	25	9	36,0	13	52,0
	2002	16-44	6-11	34	15	44,1	14	41,2
	2003	16-49	6-8	40	12	30,0	25	62,5
	2004	16-42	6-14	51	20	39,2	23	45,1
	2005	16-50	5-14	62	30	48,4	26	41,9
Łącznie Total				229	94	41,0	111	48,5
Pszenżyto ozime Winter triticale	2000	Tylko doświadczenia o blokach kompletnych — Only trials in RCB						
	2001	21	7	17	4	23,5	5	29,4
	2002	17;19	6;10	26	11	42,3	13	50,0
	2003	19;20	10	21	9	42,9	7	33,3
	2004	17;20	6;10	26	7	26,9	7	26,9
	2005	21-23	7-11	27	6	22,2	12	44,4
Łącznie Total				117	37	31,6	44	37,6

Uwaga: zapis a;b oznacza, że wystąpiły wartości albo „a” albo „b”, natomiast zapis a-b oznacza, że wystąpiły wartości z zakresu od a do b (niekoniecznie wszystkie)

Symbole V, k, n i n₁ oznaczają odpowiednio liczbę odmian, pojemność bloku, ogólną liczbę doświadczeń i liczbę tych doświadczeń, w których układ o blokach niekompletnych był skuteczniejszy od układu bloków losowanych kompletnych

Note: symbol a;b means that either a or b appeared, while symbol a-b means that values from a to b range were present

Symbols V, k, n and n₁ denote respectively: number of varieties, block size, total number of trials and number of trials in which resolvable incomplete blocks were more effective than randomized complete block design

Wartości krytyczne testu χ^2 przy 1 stopniu swobody wynoszą odpowiednio $\chi^2_{1;0,05} = 3,84$ i $\chi^2_{1;0,01} = 6,63$. Zatem widać, że precyzja doświadczeń na wysokim poziomie agrotechniki była istotnie inna (wyższa) od precyzji na poziomie podstawowym.

Dodatkowo, dla każdego gatunku oddzielnie, sprawdzono czy precyzja doświadczeń była na takim samym poziomie w rozważanych latach. Do testowania różnic między latami także zastosowano test Kruskala-Wallisa.

Tabela 2

Test sumy rang dla porównania precyzji doświadczeń na dwóch poziomach agrotechniki
Kruskal-Wallis test for comparison of levels of agricultural practice

Gatunek Species	Liczba doświadczeń No. of trials	Suma rang Sum of ranks		Statystyka testowa Test statistic χ^2
		poziom podstawowy standard level	poziom wysoki high level	
Jęczmień jary Spring barley	185	36434	32201	4,23*
Pszenica jara Spring wheat	179	35242	29019	10,10**
Pszenica ozima Winter wheat	283	86993	73468	12,08**
Pszenżyto ozime Winter triticale	123	16351	14030	4,32*

* i ** oznaczają istotność odpowiednio na poziomie $\alpha = 0,05$ i $\alpha = 0,01$

* and** mean significance at $\alpha = 0.05$ and $\alpha = 0.01$

Wyniki zestawiono w tabeli 3. I tak widać, że w doświadczeniach ze zbożami jarymi, precyzja doświadczeń była na tym samym poziomie we wszystkich rozważanych latach (wartość statystyki χ^2 wyniosła odpowiednio 10,06 i 6,38 dla jęczmienia jarego na poziomie podstawowym i wysokim, przy wartościach krytycznych $\chi^2_{5;0,05} = 11,7$ i $\chi^2_{5;0,01} = 15,09$, dla doświadczeń z pszenicą jarą, obliczone wartości statystyki χ^2 przy testowaniu różnic między latami odpowiednio na poziomie podstawowym i wysokim wynosiły 11,32 i 8,05. Wystąpiły natomiast istotne różnice między precyzją doświadczeń w poszczególnych latach w doświadczeniach z pszenicą ozimą i pszenżytem ozimym (na przykład wartość statystyki testowej dla pszenicy ozimej — poziom przeciętny — wyniosła 19,78 i była wyższa od wartości krytycznej $\chi^2_{5;0,01} = 15,09$. Podobne zjawisko pojawiło się dla pszenżyta ozimego. Jednakże szczegółowa analiza pokazała, że przyczyną odrzucenia hipotezy o jednakowej precyzji w latach, była mroźna i bezśnieżna zima w sezonie 2002/2003. Mróz spowodował dużo uszkodzeń roślin na polatkach, co spowodowało wyraźne pogorszenie precyzji doświadczeń w roku 2003. To, że wyniki dla ozimych form zbóż w roku 2003 były odbiegające od wyników w pozostałych latach łatwo jest zauważyć, jeśli policzy się średnie rangi w poszczególnych latach. I tak na przykład, średnia arytmetyczna rang dla pszenicy ozimej (dla poziomu podstawowego agrotechniki) w roku 2003 wynosi 187, podczas gdy dla pozostałych lat waha się od 129 do 161. Podobne relacje zachodzą dla wysokiego poziomu agrotechniki i dla obydwu poziomów agrotechniki dla pszenżyta ozimego. Usunięcie tych nietypowych wyników spowodowało to, że, na poziomie $\alpha = 0,05$, hipoteza o braku różnic między latami nie została odrzucona ani dla pszenicy ozimej, ani dla pszenżyta ozimego.

Ponieważ (po usunięciu — dla zbóż ozimych — wyników z roku 2003) nie było istotnych różnic między poziomem precyzji doświadczeń w latach, można było skonstruować przedziały ufności (przedziały tolerancji) dla wartości NRI% dla poszczególnych gatunków. Wykorzystano tu wynik Pilarczyka (1988), który pokazał, że po transformacji logarytmicznej, rozkład wartości NRI% nie odbiega od rozkładu normalnego. Wyniki tych obliczeń zebrano w tabeli 4.

Tabela 3

Test sumy rang dla porównania precyzji doświadczeń w kolejnych latach
Kruskal-Wallis test for comparison of levels of trial precision among years

Gatunek Species	Rok Year	Poziom podstawowy — suma rang Standard level — sum of ranks	Poziom wysoki — suma rang High level — sum of ranks	Liczba doświadczeń No. of trials
Jęczmień jary Spring barley	2000	2083	1948	19
	2001	2065	2125	26
	2002	2307	2515	29
	2003	3093	2764	29
	2004	2499	2501	31
	2005	5158	5352	51
Wartość statystyki χ_0^2 Value of test statistic		10,06	6,38	185
Pszenica jara Spring wheat	2000	1923	1848	19
	2001	3086	3111	30
	2002	2079	2251	29
	2003	2855	2608	27
	2004	2174	2101	29
	2005	3993	4191	45
Wartość statystyki χ_0^2 Value of test statistic		11,32	8,05	179
Pszenica ozima Winter wheat	2000	2726 (2445)	2770 (2470)	17
	2001	4044 (3631)	3687 (3332)	25
	2002	6321 (5748)	6106 (5502)	49
	2003	7499	7242	40
	2004	9403 (8586)	8860 (8005)	73
	2005	10193 (9236)	11521 (10337)	79
Wartość statystyki χ_0^2 (wszystkie lata) Value of test statistic (all years)		19,78	17,36	283
Wartość statystyki χ_0^2 (bez roku 2003) Value of test statistic (without 2003 year)		5,29	6,95	243
Pszenżyto ozime Winter triticale	2001	1218 (1055)	1218 (1085)	17
	2002	1622 (1406)	1424 (1276)	26
	2003	1928	2135	24
	2004	1249 (1101)	1428 (1307)	26
	2005	1609 (1388)	1421 (1282)	30
Wartość statystyki χ_0^2 (wszystkie lata) Value of test statistic (all years)		13,23	22,12	123
Wartość statystyki χ_0^2 (bez roku 2003) Value of test statistic (without 2003 year)		5,87	5,89	99

Uwaga: w nawiasach podano sumy rang dla lat po wykluczeniu wyników z roku 2003

Note: sums of ranks after excluding the results from 2003 are given in brackets

Jak widać z wartości zamieszczonych w tej tabeli, doświadczenia, w których — niezależnie od gatunku i formy ozimej lub jarej — otrzymano na przeciętnym poziomie agrotechniki wartości NRI% w przedziale od około 2,4% do 26,5%, nie powinny budzić większych wątpliwości co do poziomu precyzji. Podobne granice tolerancji dla doświadczeń z zastosowaniem wysokiego poziomu agrotechniki wynoszą od około 2,2% do 25%. Doświadczenia, w których otrzymano wartości NRI% spoza tych przedziałów powinny podlegać szczegółowej inspekcji polegającej na przykład na analizie reszt. Wśród analizowanych tu doświadczeń było 10 takich, w których obliczone wartości NRI% nie

mieściły się w wyznaczonych przedziałach tolerancji. Wśród tych 10, sześć było przeprowadzonych w tej samej stacji doświadczalnej i dotyczyło doświadczeń z trzema gatunkami zbóż.

Tabela 4

Przedziały tolerancji dla wartości $\ln(NRI\%)$ i $NRI\%$ w doświadczeniach oceny odmian przy 99% poziomie ufności
99% confidence bounds for $\ln(LSD\%)$ and $LSD\%$ in variety testing trials

Gatunek Species	Liczba doświadczeń No. of trials	Przedziały tolerancji Confidence bounds			
		przeciętny poziom agrotechniki standard level		wysoki poziom agrotechniki high level	
		$\ln(NRI\%)$	$NRI\%$	$\ln(NRI\%)$	$NRI\%$
Jęczmień jary Spring barley	185	<0,941;3,211>	<2,56;24,80>	<0,804;3,146>	<2,23;23,24>
Pszenica jara Spring wheat	179	<1,002;3,138>	<2,72;23,06>	<0,782;3,058>	<2,19;21,28>
Pszenica ozima Winter wheat	283	<0,867;3,237>	<2,38;25,46>	<0,814;3,044>	<2,26;20,99>
Pszenżyto ozime Winter triticale	123	<0,963;3,281>	<2,62;26,60>	<0,792;3,216>	<2,21; 24,93>

Wyniki te w dużej mierze są zgodne z wynikami zawartymi w opracowaniu Pilarczyka (1988), który po analizie kilkuset doświadczeń z roślinami zbożowymi przeprowadzonymi w latach 1981 do 1983, otrzymał granice tolerancji od 3% do 20%. Ponieważ w doświadczeniach analizowanych uprzednio stosowano cztery replikacje obiektów, a w analizowanych tu seriach doświadczeń tylko dwie replikacje, to wyniki są uderzająco zgodne. (Przeliczenie otrzymanych w tym opracowaniu granic tolerancji przez mnożnik $\sqrt{2} = 1,42$, co wynika z różnicy w liczbie replikacji obiektów doświadczalnych w analizowanych seriach — daje w wyniku, dla przeciętnego poziomu agrotechniki, bardzo podobne granice do tych otrzymanych przez Pilarczyka (1988)).

WNIOSKI

Przeprowadzona analiza niezwykle obszernych danych doświadczalnych polskiej oceny odmian, składających się z kilkuset doświadczeń dwuczynnikowych (czyli z ponad tysiąca jednoczynnikowych doświadczeń odmianowych przy oddzielnej analizie wyników na każdym poziomie czynnika agrotechnicznego), pozwala na stwierdzenie, że

1. układy o blokach niekompletnych są (średnio) skuteczniejsze od układu bloków losowanych kompletnych w około 50% wszystkich doświadczeń;
2. układy o blokach niekompletnych były istotnie bardziej skuteczne na wysokim poziomie agrotechniki niż na poziomie przeciętnym;
3. precyzja doświadczeń mierzona wartościami $NRI\%$ nie zależy od roku prowadzenia badań (jeśli nie występują dodatkowe czynniki zakłócające związane np. z mrozną i beśnieżną zimą);
4. przy stosowaniu dwóch replikacji obiektów przedział tolerancji dla wartości $NRI\%$ zawiera się w przybliżeniu między 2,2% i 26%.

LITERATURA

- Greń J. 1984. Statystyka matematyczna — modele i zadania, PWN, Warszawa.
- Hajek J., Sidak Z. 1967. Theory of rank tests. Academia Publishing House, Prague.
- Kala R. 1996. Elementy wnioskowania parametrycznego dla przyrodników, Wydawnictwo AR w Poznaniu.
- Kruskal W. H., Wallis W. A. 1952. Use of ranks in one-criterion variance analysis. JASA 47: 583 — 621.
- Pearce S. C. 1983. The Agricultural Field Experiment. John Wiley and Sons, New York.
- Pilarczyk W. 1988. Efektywność doświadczeń odmianowych ze zbożami i wykrywanie doświadczeń nietypowych, Biuletyn Oceny Odmian 1 (19): 115 — 124.

ANITA DOBEK ¹
JAN BOCIANOWSKI ¹
EWA BAKINOWSKA ¹
WIESŁAW PILARCZYK ¹
WOJCIECH MIKULSKI ²
JACEK KACZMAREK ²

¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

² Hodowla Roślin Szelejewo

Problemy związane z testowaniem linii i rodów zbóż na wczesnych etapach hodowli

Problems related to testing of cereal lines at early stages of plant breeding

W procesie hodowli zbóż samopylnych w dużym uproszczeniu można wyróżnić trzy elementy: dobór materiałów wyjściowych, metody hodowli oraz ocena linii pod względem wartości gospodarczej. Stosunkowo małe zróżnicowanie genetyczne odmian zarejestrowanych w krajach europejskich o podobnym klimacie do Polski, wskazuje na ich duże podobieństwo. Potwierdzają to liczne w ostatnich latach prace, w których przy pomocy technik molekularnych analizowano zmienność odmian zbóż. Również dużą unifikację wykazują metody hodowli zbóż stosowane przez hodowców. Można więc wnioskować, że sukces w hodowli zbóż w dużym stopniu zależy od stosowanych metod testowania linii, które gwarantują wyodrębnienie interesujących obiektów. W połowie cyklu hodowli zbóż samopylnych, na poziomie szóstej generacji następuje pierwszy etap testowania linii pod względem wartości gospodarczej. Doświadczenia te, z uwagi na dużą liczbę obiektów, zakładane są w jednej miejscowości, w jednym powtórzeniu, z jednym lub dwoma wzorcami, na poletkach o powierzchni od 5 m² do 10 m².

Słowa kluczowe: materiały wyjściowe, metody hodowli, programy hodowlane, doświadczenia jednopowtórzeniowe

In the process of breeding of self-fertilizing plants one can consider three elements: selection of initial materials, breeding methods and evaluation of lines with respect to their economic value. The relatively small genetic diversity of registered varieties observed in the European countries shows their great similarity. This is confirmed in many papers, in which, using the molecular techniques, the variability of varieties of different species was analyzed. The plant breeding methods used by breeders across Europe are much alike too. One can conclude that the success in plant breeding depends, to a considerable degree, on the methods of evaluation of lines, which enable selection of the best objects. Halfway through the process of self-fertilizing plant breeding, at the sixth generation level, the first step of testing of lines with respect to their economic value is realized. These tests, because of a large number of objects, are carried out in one place with one replication with one or two standard varieties, on plots of size from 5 m² to 10 m².

Key words: initial materials, breeding methods, breeding programs, unreplicated experiments

WSTĘP

Głównym celem hodowcy jest wytworzenie i zarejestrowanie odmian lepszych od znajdujących się aktualnie na rynku. Do czasu przystąpienia Polski do UE konkurencja pomiędzy hodowcami miała przede wszystkim zasięg krajowy a dzisiaj nabiera wymiaru europejskiego (tab. 1).

Tabela 1

Liczba odmian zbóż w latach przyjętych do badań rejestrowych w Polsce
Number of varieties accepted for VCU trials in Poland

Gatunek Species	Rok Year	Liczba odmian — Number of varieties		
		Wszystkie In total	Polskie Polish	Zagraniczne Foreign
Pszenica ozima Winter wheat	2003	32	20	12
	2007	39	18	21
Zyto ozime Winter rye	2003	10	8	2
	2007	10	2	8
Pszenżyto ozime Winter triticale	2003	11	9	2
	2007	15	12	3
Jęczmień ozimy Winter barley	2003	10	5	5
	2007	10	2	8

Badania rejestrowe odmian prowadzone przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w Słupi Wielkiej na odmianach pszenicy ozimej wskazują, że w przypadku ostrej zimy polskie odmiany plonują zdecydowanie lepiej niż odmiany zachodnioeuropejskie. Gorzej wygląda sytuacja w przypadku łagodnej zimy, gdzie pod względem plonu odmiany polskie plasują się w dolnych partiach rankingu (COBORU, 2004; 2007; 2008). Inaczej przedstawia się sytuacja w przypadku jęczmienia ozimego, a mianowicie bez względu na zimę (ostra, łagodna) odmiany zachodnie w ostatnich latach charakteryzują się wyższym plonem niż odmiany polskie. W tym przypadku możemy więc mówić o przełamaniu przez hodowców zachodnioeuropejskich bariery stresu chłodu przy jednoczesnym utrzymaniu wysokiego plonu. Wśród odmian polskich wyjątek stanowi zarejestrowana w 2007 roku odmiana Karakan o dobrej mrozoodporności i wysokim plonie. Jedynie dla pszenżyta ozimego zauważa się w badaniach rejestrowych dominację polskich odmian zarówno tych o długiej jak i krótkiej słomie.

Jedną z przyczyn gorszego plonowania polskich odmian pszenicy ozimej może być kwestia wyodrębnienia na wczesnych etapach hodowli wartościowych obiektów. Złożoność tego zagadnienia pogłębia fakt, że wtedy bada się bardzo dużą liczbę obiektów w jednej miejscowości i w jednym powtórzeniu i na podstawie takich danych dokonuje się ostrej selekcji. O tym jak dalece jest to niewystarczające świadczą na przykład rozważania zawarte w opracowaniu Horn i wsp. (2000).

Celem niniejszej pracy jest przedstawienie problemów związanych z wyodrębnianiem wartościowych obiektów na wczesnych etapach hodowli. W następnych artykułach (Ambroży i in., 2008 a, b) podjęto próbę rozwiązania tego problemu.

MATERIAŁ I METODY

W procesie hodowli zbóż samopylnych w dużym uproszczeniu można wyróżnić trzy elementy: dobór materiałów wyjściowych, metody hodowli oraz ocena linii pod względem wartości gospodarczej. Zróżnicowanie genetyczne odmian zarejestrowanych w krajach europejskich o podobnym klimacie do Polski, wskazuje na ich duże podobieństwo. Potwierdzają to liczne w ostatnich latach prace, w których przy pomocy technik molekularnych analizowano zmienność odmian zbóż. Wynika to z tradycji hodowlanych i adaptacji genotypów do specyficznych warunków środowiska (Metakovsky i Branlard, 1998). W przypadku jęczmienia badania potwierdzają brak znacznego zróżnicowania na poziomie genetycznym odmian (Kuczyńska i in., 2003). Podobnie u pszenic uprawianych w Polsce (Tyrka, Mikulski, 2004; Stępień i in., 2007,) czy w Ameryce Północnej (Kim i in., 1997) obserwuje się małe zróżnicowanie genetyczne.

Metody hodowli stosowane w samopylnych roślinach zbożowych również są dalece zunifikowane. Do kreowania wczesnych pokoleń stosuje dwie podstawowe metody: rodowodową (R/R), pojedynczych nasion (SSD) a czasami kompilacje pomiędzy nimi (SzD/SSD). W ujęciu genetycznym różnica pomiędzy nimi sprowadza się do ilości przeniesionej zmienności z osobników rodzicielskich do dalszych pokoleń (tab. 2).

Tabela 2

Zachowanie zmienności genetycznej w różnych metodach hodowli
Preservation of genetic variation in different methods of breeding

Pokolenie Generation	Metoda hodowli — Method of breeding		
	R/R	SSD	SzD/SSD
F ₁	namnażanie propagation	namnażanie propagation	namnażanie propagation
F ₂	5%	85%	70%
F ₃	2%	70%	40%
F ₄	wybór pojedynka choice of individual	wybór pojedynka choice of individual	wybór pojedynka choice of individual
F ₅	0,3%	13,2%	1,2%

Jak wynika z zaprezentowanych danych najwięcej zmienności w późniejszych pokoleniach zachowuje się stosując metodę pojedynczych nasion (13,2%) natomiast odpowiednio mniej w pozostałych dwu metodach (0,3% i 1,2%). Znacznie mniejsze zachowanie zmienności genetycznej w kolejnych pokoleniach w metodach R/R i SSD/SzD wynika z selekcji prowadzonej w tych pokoleniach, czego nie robi się w stosując metodę SSD. W konsekwencji w dalszych pokoleniach wytworzonych metodą SSD znajduje się wiele osobników wadliwych, które należy wyeliminować. Nasuwa się wniosek, że jeżeli materiały wyjściowe oraz metody hodowli są u poszczególnych hodowców bardzo podobne, to plenniejsze odmiany zachodnioeuropejskich jęczmion i pszenic ozimych mogą być efektem zastosowanych metod statystycznych i liczby testowanych linii pod względem wartości gospodarczej.

Z informacji zebranych u hodowców zbóż polskich i zagranicznych wynika, że rocznie każdy z nich testuje w szóstej generacji od 1500 do 2000 nowych linii. Obiekty te są siane

w jednej miejscowości w jednym powtórzeniu najczęściej na poletkach o powierzchni od 5 m² do 10 m². Na przykład w Niemczech hodowlą pszenicy zajmuje się 28 hodowców, zatem można szacować, że rocznie testują oni od 42.000 do 56.000 nowych linii. Po następnych 4 latach do badań rejestrowych trafia rocznie około 100 odmian, czyli na jedną zgłoszoną odmianę przypada w pokoleniu szóstym około 420 do 560 linii. Można przyjąć, że 7 polskich hodowców pszenicy ozimej rocznie testuje od 10.500 do 14.000 nowych linii a po kilku latach do badań rejestrowych z tego materiału zgłaszane jest około 20 odmian, czyli na jedną zgłoszoną przypada w szóstej generacji od 525 do 700 linii. Porównując liczbę zgłaszanych odmian do badań rejestrowych w Polsce (około 20) i Niemczech (około 100) w stosunku do liczby linii badanych na etapie szóstej generacji, można stwierdzić, że presja selekcyjna jest podobna (tab. 3).

Tabela 3

Liczba hodowców i liczba odmian zbóż zgłaszanych do rejestru w wybranych krajach
Number of plant breeders and average number of varieties submitted for pre-registration trials
in chosen countries

Gatunek Species	Kraj Country	Liczba programów hodowli Number of breeding programs	Liczba zgłaszanych odmian Number of submitted varieties
Pszenica ozima Winter wheat	Polska Poland	7	9-21
	Czechy Czech Republic	10	
	Niemcy Germany	28	ponad 100 above 100
Pszenżyto ozime Winter wheat	Polska Poland	4	około 7
	Niemcy Germany	8	48

Nasuwa się sporo pytań. Jak prowadzić selekcję na wczesnych etapach hodowli? Jakie metody oceny doświadczeń stosować w praktyce? Czy prowadzić doświadczenia w wielu miejscach? Ostatnie rozwiązanie powoduje oczywiście wzrost kosztów, jednakże zwiększenie prawdopodobieństwa otrzymania odmiany może zrekomensować poniesione koszty.

WYNIKI I DYSKUSJA

Jak największa skuteczność selekcji linii wydaje się bardzo istotnym aspektem hodowli w tych newralgicznych dla dalszych badań latach. Wybór na podstawie tylko jednej obserwacji jest bardzo trudny i może być przyczyną braku sukcesów hodowcy. W literaturze przedmiotu proponowanych jest wiele metod, które mogą być pomocne w podejmowaniu odpowiednich decyzji selekcyjnych na tych etapach hodowli (Ceranka i Chudzik, 1977; Cullis i Gleeson, 1989; Kempton i Fox, 1997; Ambroży i in., 2008 a).

Jednakże żadna, nawet najskuteczniejsza, metoda analizy doświadczeń hodowlanych nie będzie pomocnym narzędziem, jeżeli zmienność badanej populacji będzie niewielka. Jak zauważa Węgrzyn (2003), udział zmienności fenotypowej linii pszenicy ozimej wynosił od 6,8% dla doświadczeń wstępnych do 8,9% dla doświadczeń między-

zakładowych. Nie był zbyt wysoki, a dodatkowo większa jej część wynikała z interakcji genotyp $\times$ miejscowość. Skuteczność wyboru najplenniejszych rodów na podstawie syntezy doświadczeń przeprowadzanych w 4–5 miejscowościach z jednego roku jest niezadowalająca z powodu słabej korelacji pomiędzy plonami z dwóch kolejnych lat. Jest to prawdopodobnie wynikiem obciążeń średnich obiektowych efektami interakcji genotypów z latami (Węgrzyn, 2003).

Badania innych autorów wskazują na duże znaczenie, przy ocenie genotypów w hodowli roślin, efektów interakcji miejscowości $\times$ lata (Mądry i in., 2006), która ma największy udział w zmienności plonu ziarna. Utrudnia ona znacznie wybór genotypu o szerokiej adaptacji we wcześniejszych pokoleniach (Mądry i in., 2007). Podobne wyniki dla warunków brytyjskich opublikowali między innymi Patterson i wsp. (1977) oraz Talbot (1984).

Dobek i Mikulski (2003) proponują, przy wyborze linii odwoływać się do średniej z oszacowanych plonów, co pozwala uwolnić się od wpływu interakcji genotyp $\times$ miejscowość na zachowanie wzorców. A ponadto zwracają uwagę, że liczba wyodrębnionych linii lepszych od średniej ogólnej w kilku miejscowościach o 2s (dwa odchylenia standardowe) wyraźnie zależy od liczby badanych obiektów. Stwierdzenie to częściowo wyjaśnia lepsze plonowanie odmian niemieckich w porównaniu z polskimi. Wynika to z większego prawdopodobieństwa wyodrębnienia w szóstej generacji linii lepszych od średniej ogólnej o 2s jeżeli bada się więcej obiektów a przypomnijmy, że w Polsce rocznie testuje się od 10.500 do 14.000, natomiast w Niemczech od 42.000 do 56.000.

PODSUMOWANIE

Przyczyn braku sukcesów w polskiej hodowli może być wiele. Wyróżnić wśród nich można między innymi małą liczbę programów hodowlanych, szczególnie w porównaniu z hodowlą niemiecką. Rozwiązanie tego problemu wydaje się dość proste. Mianowicie należałoby zwiększyć bazę środowiskową na ostatnim etapie hodowli do bazy porównywalnej ze środowiskami, w których odmiany są badane w doświadczeniach rejestrowych prowadzonych przez COBORU. Stosowanie nie zawsze właściwych metod oceny efektów obiektowych na wczesnych etapach hodowli może skutkować nieuwzględnianiem w dalszych etapach hodowli obiektów mogących stanowić potencjalne odmiany. O ryzyku podejmowania decyzji na podstawie danych „surowych”, bez uwzględniania zmienności glebowej, mogą świadczyć wyniki otrzymane przez m.in. Ambroży i wsp. (2008 b). Wydaje się, że lepsza współpraca hodowców z statystykami zajmującymi się doświadczalnictwem mogłaby przynieść pożądane efekty.

LITERATURA

- Ambroży K., Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B. 2008 a. Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż. I. Metody oceny efektów obiektowych. Biul. IHAR (przesłano do redakcji).

- Ambroży K., Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B. 2008 b. Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż. II. Empiryczne porównanie metod oceny efektów obiektowych. Biul. IHAR (przesłano do redakcji).
- 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.
- COBORU 2004. Synteza wyników doświadczeń rejestrowych. Zboża ozime 2003. Zeszyt 26. COBORU, Słupia Wielka.
- COBORU 2007. Synteza wyników doświadczeń rejestrowych. Zboża ozime 2006. Zeszyt 56. COBORU, Słupia Wielka.
- COBORU 2008. Synteza wyników doświadczeń rejestrowych. Zboża ozime 2007. Zeszyt 64. COBORU, Słupia Wielka.
- Dobek A., Mikulski W. 2003. Zmienność materiałów hodowlanych pszenicy ozimej w perspektywie sukcesu odmianowego. Biul. IHAR 230: 23 — 28.
- Horn M., Vollandt R., Dunnet C. W. 2000. Sample size determination for testing whether an identified treatment is the best, *Biometrics* 56: 879 — 881.
- Kempton R. A., Fox P. N. 1997. *Statistical methods for plant variety evaluation*. Chapman & Hall.
- Kuczyńska A., Bocianowski J., Masojć P., Surma M., Adamski T. 2003. Zastosowanie markerów RAPD do określenia podobieństwa genetycznego odmian jęczmienia ozimego (*Hordeum vulgare* L.). Biul. IHAR 226/227: 81 — 85.
- Mądry W., Gozdowski D., Rozbicki J., Pojmał M., Samborski S. 2007. Formowanie się plonu ziarna przez jego składowe u rodów hodowlanych pszenżyta ozimego w różnych warunkach środowiskowych. Biul. IHAR 244: 127 — 143.
- 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 — 32.
- Metakovsky E. V., Branlard G. 1998. Genetic diversity of French common wheat germplasm based on gliadin alleles. *Theor. Appl. Genet.* 96: 209 — 218.
- Patterson H. D., Silvey V., Talbot M., Weatherup S. T. C. 1977, Variability of yields of cereal varieties in U.K. trials, *J. Agric. Sci. Cambridge* 89: 239 — 245.
- Stępień Ł., Mohler V., Bocianowski J., Koczyk G. 2007. Assessing genetic diversity of Polish wheat (*Triticum aestivum*) varieties using microsatellite markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 54: 1499 — 1506.
- Talbot M., 1984, Yield variability of crop varieties in the U.K.. *J. Agric. Sci. Cambridge* 102: 315 — 321.
- Węgrzyn S. 2003. Ocena genetyczno-statystyczna wyników doświadczeń polowych z rodami hodowlanymi na przykładzie pszenicy ozimej. Biul. IHAR 230: 29 — 42.

KRZYSZTOF UKALSKI¹**JOANNA UKALSKA**¹**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**³**WIESŁAW MĄDRY**²¹ Katedra Biometrii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa² Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa³ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Zakład Roślin Zbożowych w Krakowie

Badanie zmienności i współzależności cech użytkowych w kolekcji roboczej pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) za pomocą metod wielowymiarowych

Część I. Korelacje fenotypowe i genotypowe

An examination of diversity and interrelationships among traits in a winter wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm collection by multivariate methods Part I. Phenotypic and genotypic correlations

W pracy badano zmienność i współzależność 14 cech użytkowych pszenicy ozimej na podstawie obserwacji 51 obiektów w kolekcji roboczej zgromadzonej przez Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż w Krakowie. Rozpatrywano zarówno cechy struktury plonu, cechy odporności na najważniejsze choroby jak i cechy charakteryzujące właściwości technologiczne badanych obiektów kolekcyjnych. Obserwacje pochodziły z lat 1999–2002 i stanowiły niekompletną, dwukierunkową klasyfikację krzyżową obiekty $\times$ lata. Wykonano wielowymiarową analizę wariancji według modelu losowego. Oszacowano komponenty wariancyjne i kowariancyjne dotyczące efektów genotypowych i błędu. Wyznaczono współczynniki korelacji fenotypowej oraz korelacji genotypowej i zbadano ich istotność. Obliczenia wykonano za pomocą metody REML wykorzystując procedurę VARCOMP i MIXED pakietu SAS. Stwierdzono istotne wartości komponentów genotypowych i efektów lat dla badanych cech. Wartości współczynników powtarzalności były dla wszystkich cech, za wyjątkiem liczby opadania, większe od 0,7. Pary cech skorelowane na poziomie fenotypowym były również skorelowane na poziomie genotypowym. Wartości bezwzględne współczynników korelacji genotypowych były na ogół znacznie większe od wartości współczynników korelacji fenotypowych.

Słowa kluczowe: korelacje fenotypowe, korelacje genotypowe, pszenica ozima, wielowymiarowa analiza wariancji, zasoby genowe

A phenotypic variation and interrelationships between 51 genotypes (cultivars and clones) from the winter wheat working collection maintained at the Plant Breeding and Acclimatization Institute,

Department of Cereal Crops in Cracow, were assessed. Yield structure traits and susceptibility to the most important winter wheat diseases were evaluated during 4-year investigations carried out in the years 1999 to 2002. The input data were arranged in an incomplete two-way genotype $\times$ year classification. Variance components were estimated separately for each trait by REML method for a random model of the two-way classification. Coefficients of heritability for the four-year phenotypic means were estimated on the basis of variance components. Genotypic and phenotypic correlation coefficients and their standard errors were estimated. The VARCOMP procedure and Multivariate REML option of MIXED procedure of the SAS package were used for all computing. The genotypic variance components and variance components of the year effects appeared to be significant for the examined traits. The repeatability coefficients were higher than 0.7 for all the traits except a falling number. The pairs of traits which were correlated at the phenotypic level were also correlated at the genotypic one. The absolute values for genotypic correlation coefficients were mostly much higher than those for the phenotypic ones.

Key words: genotypic correlations, germplasm, multivariate analysis of variance, phenotypic correlations, winter wheat

WSTĘP

Badanie zmienności cech użytkowych na podstawie przeprowadzanej corocznie fenotypowej oceny obiektów kolekcyjnych (odmian, rodów, klonów, linii wsobnych itp.) jest niezwykle pomocne w zarządzaniu kolekcjami zasobów genowych oraz, szczególnie w przypadku kolekcji roboczych, w wykorzystaniu ich w hodowli. Duże znaczenie polskiej kolekcji roboczej pszenicy ozimej dla hodowli opisano w pracy Mazurkiewicz i wsp. (1997). Również hodowla jakościowa pszenicy ozimej korzystała z kolekcji roboczej do ulepszania cech technologicznych (Bichoński, 1995; Wojas i in., 2002). Znaczenie kolekcji odmian i rodów pszenic jarych, szczególnie do poprawy wartości użytkowych jarych pszenic przedstawiono w pracy Węgrzyna i wsp. (2001).

Znajomość stopnia współzależności pomiędzy poszczególnymi cechami użytkowymi jest bardzo przydatna przy doborze form rodzicielskich do krzyżowania. Pozwala przewidzieć, w jaki sposób zwiększenie wartości jednej cechy będzie współistnieć z kierunkiem równoczesnych zmian innych cech (Falconer i Mackay, 1996; Węgrzyn, 1989; Holland, 2006; Śmiałowski, 2006). Współzależność cech może być badana na podstawie macierzy współczynników korelacji fenotypowych i genotypowych wyznaczonych w oparciu o obserwacje z kilku sezonów wegetacyjnych. Obydwa rodzaje korelacji dostarczają innych, komplementarnych, informacji o współzależności między cechami w obrębie danej puli genowej. Silna korelacja genotypowa może informować o sprzężeniach genetycznych, trudnych do przełamania w procesie selekcji (Śmiałowski, 2007), natomiast brak korelacji umożliwia selekcję jednej z cech bez obawy o pogorszenie drugiej (Węgrzyn, 1989). Badanie istotności współczynników korelacji fenotypowych nie stwarza problemów numerycznych, zwłaszcza dla danych kompletnych. Natomiast wyznaczenie współczynników korelacji genotypowych oraz zbadanie ich istotności, zwłaszcza dla układów niekompletnych, jest trudne ze względów teoretycznych i numerycznych. Procedury estymacji i badania istotności współczynników korelacji genotypowych zostały ostatnio podane przez Hollanda (2006).

Celem pracy jest zbadanie zmienności 14 cech użytkowych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) oraz współzależności tych cech na poziomie fenotypowym i genotypowym na podstawie obserwacji 51 odmian i rodów hodowlanych w kolekcji roboczej zgromadzonej przez Zakład Roślin Zbożowych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie. Szczególny nacisk położono na przedstawienie metodyki wyznaczania i testowania współczynników korelacji fenotypowej i genotypowej.

MATERIAŁ I METODY

Material

Materiał badawczy stanowiła kolekcja robocza pszenicy ozimej prowadzona w latach 1999–2002. W skład kolekcji wchodziły odmiany lub rody hodowlane, które odrzucono na etapie doświadczeń przedrejestrów. Obiekty te charakteryzowały się jednakże znaczącymi wartościami co najmniej jednej z cech użytkowych, mogły zatem być dalej wykorzystane w hodowli jako donory takich cech. Pozostawały w kolekcji dopóty, dopóki nie wprowadzono do niej kolejnego rodu hodowlanego charakteryzującego się wyższą wartością cechy, ze względu na którą obiekt ten został umieszczony w kolekcji. Doświadczenia polowe przeprowadzano w 5 miejscowościach wysiewając obiekty na polach o powierzchni 5 m². W trakcie wegetacji wykonano obserwacje i pomiary cech polowych, a po zbiorze analizy biometryczne i technologiczne. Końcowe opracowanie w formie syntezy plonu i cech przekazywano hodowcom.

Do badania korelacji genotypowych i fenotypowych wybrano cechy, dla których stwierdzono istotną zmienność genotypową. Rozpatrywano składowe plonu, cechy fenologiczne, a także cechy podatności na choroby pszenicy: plon, liczba ziaren w kłosie LZK, masa 1000 ziaren MTZ, masa ziaren z kłosa MZK, liczba dni wschody – kłoszenie LDK, oraz wschody – dojrzałość LDD, wysokość WYS, wyleganie WYL, porastanie POR, liczba opadania LO, liczba sedymentacji LS zawartość białka BIA, podatność na rdzę brunatną RBR, podatność na mączniaka prawdziwego MAC. W analizie wykorzystano te odmiany lub rody hodowlane (dalej zwane krótko obiektami), które obserwowano co najmniej przez dwa sezony wegetacyjne. Obserwacje stanowiły dwukierunkową klasyfikację niekompletną obiekty $\times$ lata.

Metody statystyczne

Odrębnie dla każdej z analizowanych cech przyjęto losowy model postaci: $y_{ij} = m + g_i + r_j + e_{ij}$ (Mądry, 1993), gdzie y_{ij} jest obserwacją cechy u i -tego obiektu w j -tym roku, m jest średnią ogólną, g_i jest losowym efektem i -tego obiektu, r_j jest losowym efektem środowiskowym j -tego roku, e_{ij} jest losową resztą, złożoną z efektu interakcji genotypowo-środowiskowej oraz błędu. Komponenty wariancyjne modelu oszacowano za pomocą metody REML wykorzystując procedurę VARCOMP pakietu SAS (Searle, 1987; Littell i in., 1996; SAS Institute, 2002). Następnie wyznaczono współczynniki powtarzalności.

Wielowymiarową analizę wariancji przeprowadzono za pomocą procedury MIXED (opcja MANOVA) pakietu SAS według modelu losowego postaci: $\mathbf{Y} = \mathbf{1}_N \mathbf{m}' + \mathbf{XG} + \mathbf{ZR} + \mathbf{E}$ (Seber, 1984; Khattree i Naik, 2000; SAS Institute, 2002)

gdzie $\mathbf{Y}$ jest macierzą obserwacji, $\mathbf{m}$ jest wektorem średnich ogólnych rozważanych cech, $\mathbf{G}$ jest macierzą efektów genotypowych, $\mathbf{R}$ jest macierzą efektów lat, $\mathbf{E}$ jest macierzą reszt losowych, natomiast $\mathbf{1}_N$, $\mathbf{X}$ oraz $\mathbf{Z}$ są macierzami układu kolejno dla średnich ogólnych, obiektów oraz lat.

Współczynniki korelacji fenotypowej, r_p , dla cech τ i τ' ($\tau, \tau' = 1, 2, \dots, 14$) wyznaczono jako współczynniki korelacji prostej średnich cech dla rozpatrywanych genotypów, obliczonych z obserwacji w badanych latach według wzoru (Searle, 1961; Lacey, 1973; Falconer i Mackay, 1996; Muszyński i in., 2000):

$$r_p = \frac{\hat{\sigma}_{p(\tau\tau')}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{p(\tau)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{p(\tau')}^2}} = \frac{\hat{\sigma}_{e(\tau\tau')} + \hat{\sigma}_{g(\tau\tau')}}{\sqrt{(\hat{\sigma}_{e(\tau)}^2 + \hat{\sigma}_{g(\tau)}^2) \cdot (\hat{\sigma}_{e(\tau')}^2 + \hat{\sigma}_{g(\tau')}^2)}}$$

gdzie $\hat{\sigma}_{g(\tau)}^2$, $\hat{\sigma}_{e(\tau)}^2$ i $\hat{\sigma}_{p(\tau)}^2$ są ocenami komponentów wariancyjnych odpowiednio efektów genotypowych, reszt i wariancji fenotypowej średnich z b ($b=2, 3, 4$) lat dla obiektów.

Współczynniki korelacji genotypowej, r_g , dla cech τ i τ' , są miarami korelacji prostej pomiędzy nieobserwowalnymi efektami genotypowymi obu cech wyznaczono według wzoru (Searle, 1961; Falconer i Mackay, 1996):

$$r_g = \frac{\hat{\sigma}_{g(\tau\tau')}}{\sqrt{\hat{\sigma}_{g(\tau)}^2 \cdot \hat{\sigma}_{g(\tau')}^2}}$$

Istotność współczynników korelacji fenotypowej i genotypowej zbadano na podstawie błędów standardowych tych współczynników (Scheinberg, 1966; Becker, 1984), które wyznaczono za pomocą procedur estymacji zaproponowanych przez Hollanda (2006). Błędy standardowe współczynników korelacji fenotypowej i genotypowej wyznaczono na podstawie wzoru:

$$\hat{\sigma}_r = \left[r^2 \left(\frac{\text{var}(\hat{\sigma}_{(\tau)})}{4\hat{\sigma}_{(\tau)}^2} + \frac{\text{var}(\hat{\sigma}_{(\tau')})}{4\hat{\sigma}_{(\tau')}^2} + \frac{\text{var}(\hat{\sigma}_{(\tau\tau')})}{\hat{\sigma}_{(\tau\tau')}^2} + \frac{\text{cov}(\hat{\sigma}_{(\tau)}, \hat{\sigma}_{(\tau')})}{2\hat{\sigma}_{(\tau)}\hat{\sigma}_{(\tau')}} - \frac{\text{cov}(\hat{\sigma}_{(\tau)}, \hat{\sigma}_{(\tau\tau')})}{\hat{\sigma}_{(\tau)}\hat{\sigma}_{(\tau\tau')}} - \frac{\text{cov}(\hat{\sigma}_{(\tau')}, \hat{\sigma}_{(\tau\tau')})}{\hat{\sigma}_{(\tau')}\hat{\sigma}_{(\tau\tau')}} \right) \right]^{\frac{1}{2}}$$

gdzie $\hat{\sigma}_{(\tau)}$ i $\hat{\sigma}_{(\tau')}$ oznaczają $\hat{\sigma}_{p(\tau)}$, $\hat{\sigma}_{p(\tau')}$ lub $\hat{\sigma}_{g(\tau)}$, $\hat{\sigma}_{g(\tau')}$ odpowiednio dla efektów fenotypowych lub genotypowych. Dolną granicę przedziału ufności dla współczynników korelacji wyznaczano jako $r_{\min} = |r| - t_{(1-\alpha/2; n-2)} \cdot \hat{\sigma}_r$, gdzie r jest współczynnikiem korelacji, $t_{(1-\alpha/2; n-2)}$ jest wartością krytyczną rozkładu t , $\hat{\sigma}_r$ jest błędem standardowym.

Wartość krytyczną współczynnika korelacji wyznaczono za pomocą wzoru

$$|r_c| = \frac{t_{(\alpha; n-2)}}{\sqrt{(n-2) + t_{(\alpha; n-2)}^2}}. \text{ Jeśli } r_{\min} > |r_c| \text{ to korelacja jest istotna na ustalonym poziomie}$$

istotności (Hebert, 1994).

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 przedstawiono komponenty wariancyjne, parametry zmienności i współczynniki powtarzalności badanych cech.

Tabela 1

Komponenty wariancyjne, parametry zmienności i współczynniki powtarzalności 14 cech w kolekcji pszenicy ozimej
The variance components and coefficients of heritability for each of the 14 traits studied in the winter wheat germplasm collection

Cecha — Trait	$\hat{\mu}$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_r^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	h^2	CV_g
CV Plon						
Grain yield (dt/ha)	76,19	15,74	99,04	15,79	0,80	5
Liczba ziaren z kłosa (LZK)						
No. of grains per spike	44,27	11,39	11,06	14,46	0,76	8
Masa 1000 ziaren MTZ						
1000-grain weight (g)	44,59	10,51	14,40	2,88	0,94	7
Masa ziaren z kłosa (MZK)						
Grains weight per spike (g)	2,01	0,02	0,05	0,03	0,76	7
Liczba dni do kłoszenia (LDK)						
No. of days to heading	28,44	4,41	43,12	0,44	0,98	7
Liczba dni do dojrzałości (LDD)						
No. of days to maturity	77,09	3,21	44,99	2,79	0,78	2
Wysokość (WYS)						
Plant height (cm)	98,44	85,50	31,13	5,93	0,98	9
Wyleganie (WYL)						
Lodging score (1-9)	7,46	0,79	0,26	1,20	0,73	12
Podatność na rdzę brunatną (RBR)						
Brown rust score (1-9)	6,63	1,26	0,03	0,24	0,95	17
Podatność na mączniaka prawdziwego (MAC)						
Powdery mildew score (1-9)	6,73	0,26	0,46	0,15	0,87	8
Porastanie (POR)						
Preharvest sprouting score (1-9)	3,50	1,66	0,27	1,03	0,83	37
Liczba opadania (LO)						
Falling number	249,52	725,05	5034,80	2502,30	0,47	11
Liczba sedymentacji (LS)						
Sedimentation value (cm ³)	30,08	34,06	61,31	16,75	0,86	19
Zawartość białka (BIA)						
Protein content (%)	12,15	0,32	1,24	0,38	0,72	5

$\hat{\mu}$ — Ocena średniej ogólnej; Estimator of the general mean

$\hat{\sigma}_g^2$, $\hat{\sigma}_r^2$, $\hat{\sigma}_e^2$ — Estymatory komponentów wariancyjnych odpowiednio dla efektów genotypowych, efektów lat i reszty;

Estimators of variance components for genotypic, year and environmental effects, respectively

h^2 — Współczynnik powtarzalności; Coefficient of heritability

$CV_g = \sqrt{\hat{\sigma}_g^2} / \hat{\mu} \cdot 100\%$ Współczynnik zmienności; Coefficient of genotypic variation

Dla wszystkich badanych cech stwierdzono istotne komponenty wariancyjne efektów genotypowych i efektów lat. Wartości komponentów wariancyjnych efektów genotypowych są znacznie mniejsze od wartości komponentów wariancyjnych efektów lat dla większości cech. Dla porastania, wylegania i podatności na rdzę brunatną stwierdzono większe komponenty wariancyjne efektów genotypowych niż efektów lat, co oznacza, że średnie tych cech z badanych genotypów w latach są relatywnie bardziej wyrównane, niż

wartości genotypowe. Zatem podłoże genetyczne powoduje, że skłonności do większego porażenia lub wylegania ujawniają się niezależnie od warunków środowiska. Zjawisko to potwierdzono w badaniach nad odpornością na porastanie wykonanych na obiektach z kolekcji roboczej pszenicy ozimej (Wojas i in., 2001).

Współczynniki powtarzalności dla badanych cech okazały się zróżnicowane i przyjmowały wartości od 0,47 do 0,98 (tab. 1). Najwyższe wartości współczynników powtarzalności ($> 0,9$) uzyskano dla MTZ, liczby dni do dojrzałości, wysokości roślin oraz podatności na rdzę brunatną, najniższą zaś dla liczby opadania. Cechy charakteryzujące się wyższymi wartościami współczynników odznaczają się zwykle silnym genetycznym uwarunkowaniem, a zatem słabo ulegały wpływom środowiska. Wysokie wartości tych współczynników wskazują na dużą zgodność wartości fenotypowej tych cech (średniej co najmniej z 2 lat) do wartości genotypowej rodów w badanej kolekcji. Pozostałe badane cechy charakteryzowały się również relatywnie dużymi wartościami współczynników powtarzalności. Liczba opadania, dla której współczynnik powtarzalności był równy 0,47 jest najbardziej podatną na warunki środowiska cechą spośród rozważanych cech. Wcześniejsze badania innych autorów (Bichoński, 1995; Węgrzyn i in., 2001; Wojas i in., 2002; Śmiałowski, 2004) wykazały podobne wartości współczynników powtarzalności, obliczone jednak w oparciu o odmienny materiał i zestaw obiektów pszenicy ozimej. Najmniejszą zmiennością (tab. 1) charakteryzowały się LDD ($CV_g=2\%$) i zawartość białka ($CV_g=5\%$). Plon i jego składowe charakteryzowały się również dość małą zmiennością (5-8 %). Natomiast największe wartości współczynników zmienności uzyskano dla porostania, liczby sedymentacji i podatności na rdzę brunatną (CV_g odpowiednio 37%, 19%, 17%).

Współczynniki korelacji fenotypowych i genotypowych oraz ich istotność przedstawiono w tabeli 2.

Na poziomie genotypowym stwierdzono dodatnią, dość silną korelację pomiędzy plonem a jego składowymi, tj. masą i liczbą ziaren z kłosa. Nie stwierdzono natomiast korelacji pomiędzy plonem a MTZ. Brak korelacji pomiędzy tymi cechami wynika m. in. z ujemnej korelacji pomiędzy tą masą tysiąca ziaren jako jedną składową plonu a LZK jako drugą składową. Na poziomie fenotypowym dla plonu i jego składowych uzyskano podobne wyniki, jednakże bezwzględne wartości współczynników korelacji były mniejsze.

Ze względu na brak korelacji, na poziomie genotypowym i fenotypowym, pomiędzy plonem a zmiennymi fenologicznymi tj. LDK i LDD można wnioskować, że w selekcji form o wysokim plonie ziarna (z jednostki powierzchni) nie powinno się opierać na długości wspomnianych faz rozwojowych. Inaczej mówiąc te zmienne fenologiczne nie mogą być kryteriami pośredniej selekcji na plon.

Tabela 2

Współczynniki korelacji fenotypowych (powyżej diagonalnej) i genotypowych dla 14 badanych cech w kolekcji 51 rodów pszenicy ozimej

Phenotypic (above diagonal) and genotypic correlation coefficients for 14 traits in the winter wheat germplasm collection consisting of 51 genotypes

	Plon (dt/ha)	LZK	MTZ (g)	MZK (g)	LDK	LDD	WYS (cm)	WYL (1-9)	RBR (1-9)	MAC (1-9)	POR (1-9)	LO	LS (cm ³)	BIA (%)
Plon (dt/ha)	-	0,27**	0,12	0,34**	-0,07	-0,01	0,13	0,03	0,29**	0,12	-0,08	-0,23*	-0,22*	-0,32**
LZK	0,49**	-	-0,35**	0,57**	0,09	0,15	-0,06	0,16	0,08	0,25*	-0,08	-0,14	-0,41**	-0,26*
MTZ (g)	0,08	-0,48**	-	0,31**	-0,05	-0,01	0,34**	-0,34**	0,20	-0,34**	0,08	-0,25*	0,20	0,28**
MZK (g)	0,55**	0,52**	0,49**	-	0,03	0,16	0,22*	-0,17	-0,01	0,03	-0,06	-0,27*	-0,19	-0,03
LDK	-0,1	0,09	-0,03	0,04	-	0,73**	0,05	0,08	0,13	-0,13	0,15	0,07	-0,09	0,10
LDD	0,09	0,22	0	0,17	0,94**	-	0,14	0,09	0,11	-0,15	0,14	0,12	-0,12	0,05
WYS (cm)	0,15	-0,14	0,39**	0,32*	0,04	0,23	-	-0,50**	-0,12	-0,27**	-0,04	-0,08	0,17	0,21
WYL (1-9)	-0,05	0,33*	-0,62**	-0,24	0,18	0,08	-0,79**	-	-0,07	0,16	-0,03	0,12	-0,25*	-0,22*
RBR (1-9)	0,39**	0,13	0,15	0	0,14	0,15	-0,13	-0,09	-	0,01	-0,10	-0,21	-0,24*	0,15
MAC (1-9)	0,09	0,47**	-0,47**	0,02	-0,17	-0,22	-0,36**	0,22	0,01	-	-0,15	-0,01	-0,29**	-0,18
POR (1-9)	-0,28	-0,16	0,07	-0,05	0,20	0,26	-0,09	-0,14	-0,09	-0,18	-	0,13	0,09	-0,02
LO	-0,29*	-0,12	-0,41**	-0,49**	0,07	-0,09	-0,16	0,13	-0,41**	0,05	0,82**	-	0,12	0,13
LS (cm ³)	-0,36**	-0,80**	0,29*	-0,36**	-0,15	-0,14	0,20	-0,22	-0,34*	-0,34*	0,14	0,54**	-	0,54**
BIA (%)	-0,30*	-0,66**	0,55**	-0,30*	0,11	0,10	0,28	-0,43**	0,36**	-0,29*	0,09	0,25	0,63**	-

*, ** istotność korelacji na poziomie odpowiednio 0,05 i 0,01; opis cech znajduje się w tabeli 1

*, ** significant correlations at the level 0,05 or 0,01, respectively, see table 1 for abbreviation and description of the traits

Na poziomie genotypowym i fenotypowym uzyskano ujemne, chociaż słabe, korelacje plonu z liczbą opadania i liczbą sedymentacji, a także z zawartością białka. Świadczy to o niskich własnościach technologicznych form plenniejszych. Zbliżone wyniki odnotowano we wcześniejszych badaniach kolekcji roboczej (Wojas i in., 2002).

Cechy, dla których stwierdzono istotne korelacje fenotypowe, z wyjątkiem pary: liczba sedymentacji i wyleganie, były również istotnie skorelowane na poziomie genotypowym. 82% bezwzględnych wartości współczynników korelacji genotypowych było większych lub równych odpowiadającym im współczynnikom korelacji fenotypowych. Małe różnice pomiędzy wartościami omawianych współczynników korelacji wskazują, że wartości badanych cech są uwarunkowane genetycznie (Sardana i in., 2007). Jednakże, dla większości par cech, bezwzględne wartości współczynników korelacji genotypowych były znacznie wyższe niż fenotypowych. Podobne rezultaty otrzymali Moghaddam i wsp. (1997) analizując kolekcję pszenicy ozimej. Takie relacje pomiędzy rozważanymi współczynnikami korelacji świadczą o znaczącym wpływie innych niż genetyczne, głównie środowiskowych, czynników na wartości cech (Magorokosho, 2006). Największe różnice

pomiędzy istotnymi współczynnikami korelacji fenotypowych i genotypowych, przekraczające nawet 100%, stwierdzono pomiędzy LZK a LS i LZK a zawartością białka.

Pomiędzy kilkoma parami cech, dla których nie stwierdzono korelacji fenotypowych, uzyskano istotne, silne i bardzo silne korelacje genotypowe. Takie zależności uzyskano pomiędzy MZK a zawartością białka oraz pomiędzy cechami wskaźnikowymi jakości technologicznej pszenic tj. pomiędzy liczbą opadania a porastaniem oraz liczbą opadania a liczbą sedymentacji. Jeśli selekcja ma na celu poprawę obu cech jednocześnie silna dodatnia korelacja genotypowa może być korzystna. Natomiast w przypadku prowadzenia selekcji tylko dla jednej cechy taka korelacja może stanowić silną przeszkodę (Węgrzyn, 1989). Istotne korelacje genotypowe pomiędzy parami cech świadczą o silnych sprzężeniach genetycznych pomiędzy nimi, mogą one być trudne do przełamania w trakcie selekcji. Podobne zjawiska zostały stwierdzone również dla rodów hodowlanych pszenicy ozimej, a więc form poddanych już wcześniej przez hodowców silnej presji selekcyjnej w celu przełamania niekorzystnych zależności (Śmiałowski, 2006).

WNIOSKI

1. Większe wartości komponentów wariancyjnych efektów genotypowych w porównaniu do efektów lat stwierdzono dla porastania, wylegania i podatności na rdzę brunatną. Odwrotne relacje wartości tych komponentów wariancyjnych dla pozostałych badanych cech świadczą o silniejszym wpływie czynników środowiskowych w latach niż genotypowych na zmienność fenotypową tych cech.
2. Zmienność masy tysiąca ziaren, liczby dni do kłoszenia, wysokości i podatności na rdzę brunatną była silnie uwarunkowana genetycznie, a zatem słabo ulegała ona wpływom środowiska. Tylko liczba opadania była uwarunkowana w podobnym stopniu przez genotypy i warunki środowiska.
3. Znacząca większość bezwzględnych wartości współczynników korelacji genotypowej była nie mniejsza niż odpowiadające im wartości bezwzględne współczynników korelacji fenotypowej, przy czym w 15% przypadków bezwzględne wartości współczynników korelacji genotypowej były większe o ponad 100%. Tak duże różnice pomiędzy wartościami współczynników korelacji wskazują na silny wpływ efektów środowiskowych na rozważane cechy. Największe różnice stwierdzono dla par cech: zawartość białka i liczba ziaren z kłosa, zawartość białka i masa ziaren z kłosa, liczba opadania i porastanie, liczba opadania i liczba sedymentacji.
4. Znacząca większość cech skorelowana fenotypowo była także istotnie skorelowana genotypowo. Jednakże stwierdzono około 25% więcej par cech istotnie skorelowanych na poziomie genotypowym niż fenotypowym.
5. Wyznaczone współczynniki korelacji genotypowej i fenotypowej pozwoliły na poznanie współzależności pomiędzy badanymi cechami w rozpatrywanej kolekcji roboczej. Stwierdzone istotne korelacje genotypowe pomiędzy niektórymi parami cech wskazują, że w kolekcji roboczej istnieją korzystne dla hodowli związki pomiędzy niektórymi cechami. Wyjątek stanowią nadal niekorzystne współzależności pomiędzy plonem a cechami technologicznymi.

LITERATURA

- Becker W. A. 1984. Quantitative genetics. Washington State University Press, Seattle, Washington.
- Bichoński A. 1995. Ocena wybranych cech technologicznych z kolekcji pszenicy ozimej. Biul. IHAR 194: 131 — 138.
- Falconer D.S., Mackay T. F. C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th. ed. Longman, Essex, England.
- Hebert D. 1994. Genetic, phenotypic, and environmental correlations in black medic, *Medicago lupulina* L., grown in three different environments. Theor. Appl. Genet. 88: 604 — 613.
- Holland J. B. 2006. Estimating genotypic correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc MIXED. Crop Sci. 46: 642 — 654.
- Khattree R., Naik D.N. 2000. Multivariate data reduction and discrimination with SAS software. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Littell R. C., Milliken G.A., Stroup W. W., Wolfinger R. D. 1996. SAS system for mixed models. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Magorokosho C. 2006. Genetic diversity and performance of maize varieties from Zimbabwe, Zambia and Malawi. Rozprawa doktorska, Texas A&M University.
- Mazurkiewicz B., Struś M. 1997. Kolekcje robocze pszenicy ozimej jako czynnik postępu hodowlanego. Biul. IHAR 204: 81 — 87.
- Mądry W. 1993. Studia statystyczne nad wielowymiarową oceną zróżnicowania cech ilościowych w kolekcjach zasobów genowych zbóż. Monografie i rozprawy, Wydawnictwo SGGW, Warszawa.
- Moghaddam M., Ehdaie B., Waines J. G. 1997. Genetic variation and interrelationships of agronomic characters in landraces of bread wheat from southeastern Iran. Euphytica 95: 361 — 369.
- Muszyński S., Mądry W., Tomaszewski M., Sowa A., Żimny. J. 2000. Genetyka dla rolników. Fundacja „Rozwój SGGW”, Warszawa.
- Sardana S., Mahajan R. K., Gautam N. K., Ram B. 2007. Genetic variability in pea (*Pisum sativum* L.) germplasm for utilization. SABRAO Journal of Breeding and Genetics 39 (1): 31 — 41.
- SAS/STAT User's Guide, Version 8.2. 2002. SAS Institute, Cary, NC.
- Scheinberg E. 1966. The sampling variance of the correlation coefficients estimated in genetic experiments. Biometrics 22: 187 — 191.
- Searle S. R. 1961. Phenotypic, genotypic and environmental correlations. Biometrics 17: 474 — 480.
- Seber G. A. F. 1984. Multivariate observations. J. Wiley & Sons, New York.
- Śmiałowski T., Nita Z., Witkowski E. 2006. Ocena współzależności cech pszenicy ozimej na podstawie analizy ścieżek. Biul. IHAR 240/241: 43 — 50.
- Śmiałowski T., Stachowicz M. 2007. Ocena wartości technologicznej nowych rodów pszenicy badanych w doświadczeniach wstępnych w latach 2005–2006. Biul. IHAR 245: 57 — 66.
- Śmiałowski T. 2004. Ocena rodów pszenicy ozimej z polskiej hodowli w doświadczeniach przed rejestrowych w roku 2004. Biul. IHAR 235: 13 — 22.
- Węgrzyn S. 1989. Możliwości wykorzystania genetyki ilościowej w hodowli roślin. Biul. IHAR 171/172: 135 — 142.
- Węgrzyn S., Wojas T., Śmiałowski T. 2001. Evaluation of spring wheat (*Triticum aestivum* L.) genetic resources from the collection of the Plant Breeding and Acclimatization Institute in the years 1994–1999. Broad Variation and Precise Characterization — Limitation for the Future. EUCARPIA 2001. Poznań. 294 — 296.
- Wojas T., Gut M. 2001. Współzależność pomiędzy odpornością na porastanie a innymi cechami użytkowymi pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). Biul. IHAR 223: 87 — 95.

JOANNA UKALSKA¹**KRZYSZTOF UKALSKI**¹**TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**³**WIESŁAW MĄDRY**²¹ Katedra Biometrii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa² Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa³ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Zakład Roślin Zbożowych w Krakowie

Badanie zmienności i współzależności cech
użytkowych w kolekcji roboczej pszenicy ozimej
(*Triticum aestivum* L.) za pomocą metod
wielowymiarowych
Część II. Analiza składowych głównych
na podstawie macierzy korelacji fenotypowych
i genotypowych

**An examination of diversity and interrelationships among traits in a winter wheat
(*Triticum aestivum* L.) germplasm collection by multivariate methods
Part II. Principal component analysis using the phenotypic and genotypic
correlation matrix**

W pracy przedstawiono dwa podejścia do badania zależności między cechami w kolekcji roboczej pszenicy ozimej wykorzystujące zastosowania metody głównych składowych (PCA). Pierwsze, klasyczne podejście, polegało na przeprowadzeniu PCA na podstawie macierzy współczynników korelacji fenotypowych tj. macierzy uzyskanej w oparciu o estymatory średnich fenotypowych z rozważanych lat, a następnie wyznaczeniu współczynników korelacji między składowymi, a wartościami estymatorów średnich dla rozważanych cech. Drugie podejście, przedstawione w pracy, polegało na wykonaniu analizy składowych głównych na macierzy współczynników korelacji genotypowych analizowanych cech, czyli macierzy korelacji pomiędzy nieobserwowalnymi efektami genotypowymi badanych cech. Podejście takie umożliwia zbadanie genetycznych uwarunkowań, niepodatnych na wpływy środowiska, pomiędzy badanymi cechami. Uzyskano dużą zbieżność wyników obu metod. Jednak zastosowanie PCA na podstawie macierzy korelacji genotypowych pozwoliło na wyjaśnienie ok. 15% zmienności wielocechowej, więcej niż przy zastosowaniu klasycznej metody PCA. Ponadto stwierdzono większe bezwzględne wartości współczynników korelacji badanych cech ze składowymi głównymi.

Słowa kluczowe: analiza składowych głównych, korelacje fenotypowe, korelacje genotypowe, pszenica ozima, zasoby genowe

In the paper, the diversity among quantitative traits in the winter wheat germplasm working collection using Principal Component Analysis (PCA) was studied. Fifty-one genotypes (cultivars and clones) from the Plant Breeding and Acclimatization Institute, Department of Cereal Crops in Cracow, were evaluated in the years 1999–2002. Two approaches of the PCA were applied. The first, classical approach, involved the phenotypic correlation matrix, i.e. correlation coefficients between across year phenotypic means. In the second, new approach, application of genotypic correlation matrix, i.e. correlation coefficients matrix between the unobservable genotypic effects for considered traits in PCA, has been proposed. Coincident results were obtained using the above methods. However, the first three principal components obtained using the genotypic correlation matrix compared to the classical PCA accounted for 15% more of the overall variation among genotypes. Moreover, higher absolute values of correlation coefficients between principal components and the evaluated traits were recorded.

Key words: genotypic correlation matrix, germplasm collection, phenotypic correlation matrix, principal component analysis, winter wheat

WSTĘP

Charakterystyka różnorodności oraz analiza podobieństwa obiektów w kolekcjach roboczych ma na celu ocenę ich przydatności do potrzeb hodowlanych. Niezbędna jest również przy prowadzeniu i organizacji kolekcji, a zwłaszcza jej redukcji do kolekcji podstawowej (Skinner i in., 1999; Mohammadi i Prasanna, 2003; Mądry, 2007). Coroczna ocena odmian i rodów hodowlanych w kolekcji najczęściej wykonywana jest na podstawie obserwacji fenotypowych cech jakościowych i ilościowych i nazywana jest zróżnicowaniem fenotypowym (Skinner i in., 1999; Mohammadi i Prasanna, 2003; Upadhyaya i in., 2005; Mądry, 2007).

Przy analizie różnorodności fenotypowej obiektów kolekcyjnych wykorzystuje się informacje dotyczące wielu cech użytkowych. Niezbędne jest zastosowanie wielowymiarowych metod statystycznych. Są one podstawowymi metodami dla dużych układów danych. Pozwalają na efektywne zbadanie związków pomiędzy badanymi zmiennymi, jak również na lepsze zrozumienie struktury obserwowanej kolekcji. Najczęściej stosowaną metodą do analizy różnorodności obiektów pod względem cech ilościowych jest analiza składowych głównych (PCA). Jest stosowana do badania kolekcji zasobów genowych dla wielu gatunków roślin (Iezzoni i Pritts, 1991; Perez-Gonzalez, 1992; Flores i in., 1997; Ayana i Bekele, 1999; Mars i Marrakchi, 1999; Rojas i in., 2000; Abdi i in., 2002; Leguizmon i Badenes, 2003; Rotondi i in., 2003; Martinez-Calvo, 2007; Ukalska i in., 2007). PCA to jedna z najstarszych metod wielowymiarowych. Zapoczątkowana została przez Karla Pearsona (1901), później rozwijana przez Hottelina (1933; 1936), Rao (1964), Erikssona i in. (1999). Metoda ta pozwala na wyznaczenie udziału rozważanych cech w wielo cechowej zmienności obiektów kolekcyjnych. Cechy, które tworzą pierwszą, drugą i kolejne składowe główne wykazują najsilniejszą moc dyskryminacyjną, tj. różnicującą badane obiekty. Jeżeli pomiary różnych zmiennych są podobnego rzędu wielkości a ich odchylenia standardowe nie różnią się znacząco, proponuje się wykonanie analizy PCA na podstawie macierzy kowariancji. W praktyce jednak obserwowane cechy różnią się znacznie rzędem wielkości oraz wartościami

odchyłeń standardowych. Zatem przy wielowymiarowej analizie kolekcji zasobów genowych PCA najczęściej wykonywana jest na podstawie macierzy współczynników korelacji (Jolliffe, 1986; Krzanowski, 1988; Everitt i Donn, 1992). Macierz ta odpowiada macierzy współczynników korelacji fenotypowych.

Niniejsza praca jest kontynuacją opracowania zawartego w części I (Ukalski i in., 2008). Jej celem jest zastosowanie analizy składowych głównych na podstawie macierzy współczynników korelacji fenotypowych oraz na podstawie macierzy współczynników korelacji genotypowych 14 cech użytkowych pszenicy ozimej *Triticum aestivum* L., a także porównanie obu zastosowanych podejść.

MATERIAŁ I METODY

Material

Materiał badawczy stanowiła kolekcja robocza pszenicy ozimej, zgromadzona przez Zakład Roślin Zbożowych Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Krakowie, opisana w I części pracy dotyczącej korelacji fenotypowych i genotypowych (Ukalski i in., 2008). Analizy zastosowane w niniejszej pracy wykonano w oparciu o te same obiekty kolekcyjne (51 odmian i rodów hodowlanych odrzuconych na etapie doświadczeń przedrejestracyjnych), a także wykorzystano 14 tych samych cech, które analizowano w części I pracy. Obserwacje stanowiły dwukierunkową klasyfikację niekompletną obiekty $\times$ lata.

Metody statystyczne

Do statystycznej analizy danych, odrębnie dla każdej z analizowanych cech, przyjęto losowy model postaci $y_{ij} = m + g_i + r_j + e_{ij}$, którego opis zawarto w części I (Ukalski i in., 2008).

Analizę składowych głównych (PCA) wykonano na dwa sposoby. Pierwsze, klasyczne podejście, polegało na przeprowadzeniu PCA na podstawie macierzy korelacji fenotypowych tj. macierzy uzyskanej w oparciu o estymatory średnich fenotypowych z rozważanych lat. Ze względu na niekompletny układ doświadczalny losowe efekty główne obiektów oszacowano za pomocą najlepszego nieobciążonego predyktora (BLUP). Następnie wyznaczono współczynniki korelacji między składowymi głównymi, a wartościami BLUP dla poszczególnych cech. Składowa główna jest kombinacją liniową wszystkich analizowanych zmiennych (cech). Po wyznaczeniu współczynników korelacji pomiędzy cechami a wybraną składową, można stwierdzić, na podstawie ich bezwzględnych wartości, które cechy charakteryzują się największą mocą dyskryminacyjną, czyli różnicującą badane obiekty kolekcyjne.

Drugie podejście przedstawione w pracy polega na wykonaniu analizy składowych głównych na macierzy korelacji genotypowych analizowanych cech, czyli macierzy korelacji pomiędzy nieobserwowalnymi efektami genotypowymi. Macierz korelacji genotypowych wyznaczono w sposób opisany w I części pracy (Ukalski i in., 2008). Proponowane podejście umożliwia zbadanie genetycznych uwarunkowań, niepodatnych na wpływy środowiska, pomiędzy badanymi cechami. Podobnie jak w podejściu klasycznym, wyznaczono współczynniki korelacji między składowymi głównymi a wartościami efektów genotypowych dla poszczególnych cech.

Jako uzupełnienie opisanych analiz przedstawiono wykresy badanych cech w układzie trzech pierwszych składowych głównych, a także rozmieszczenie obiektów kolekcyjnych w układzie dwóch pierwszych składowych głównych.

Obliczenia potrzebne do wykonania przedstawionych analiz statystycznych oraz prezentowane w pracy wykresy zostały wykonane przy użyciu pakietu SAS, za pomocą procedur: MIXED i PRINCOMP (Littell i in., 1996; Khattree i Naik, 2000; SAS/STAT User's Guide, 2002).

WYNIKI I DYSKUSJA

Wyniki analizy składowych głównych przedstawiono tabelarycznie oraz w postaci wykresów. W tabeli 1 podano wartości własne odpowiadające pierwszym trzem składowym głównym oraz procent wyjaśnianej przez nie całkowitej wariancji.

Tabela 1

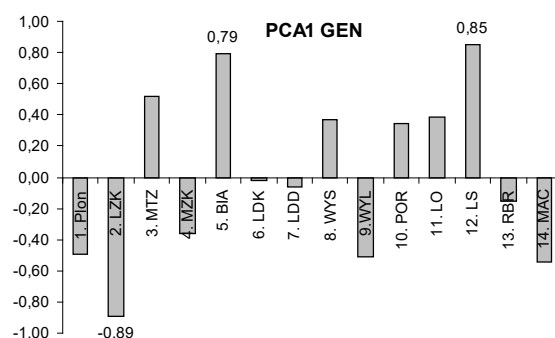
Wartości własne oraz procent zmienności wyjaśniony przez 3 pierwsze składowe główne uzyskane na podstawie macierzy współczynników korelacji genotypowych (GEN) oraz macierzy współczynników korelacji fenotypowych (FEN) w kolekcji roboczej pszenicy ozimej

Eigen values and proportion of overall variation among genotypes explained by the first 3 principal components, based on genotypic correlation matrix (GEN) and phenotypic correlation matrix (FEN) in the winter wheat germplasm working collection

Składowa główna Principal component	Wartości własne Eigen values		Wyjaśniona wariancja (%) Explained variance	
	GEN	FEN	GEN	FEN
I	3,79	2,75	27,08	19,61
II	3,06	2,28	21,86	16,32
III	2,22	1,93	15,87	13,81
Skumulowana wariancja (%) Cumulative variance			64,81	49,74

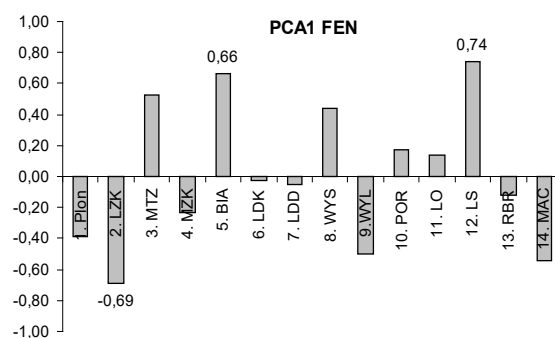
Natomiast współczynniki korelacji pomiędzy danymi składowymi głównymi, a badanymi cechami podano za pomocą wykresów (rysunki 1, 2, 3). Rysunki 1a, 2a, 3a dotyczą wyników PCA w oparciu o macierz współczynników korelacji genotypowych, natomiast rysunki 1b, 2b, 3b są wynikiem PCA na podstawie macierzy korelacji fenotypowych. W tabeli i na wykresach, przedstawionych w dalszej części pracy, PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji genotypowych będzie oznaczana skrótem GEN, natomiast wykonana na macierzy współczynników korelacji fenotypowych skrótem FEN.

Trzy pierwsze składowe główne uzyskane na podstawie macierzy korelacji genotypowych wyjaśniały 64,81% wariancji całkowitej (tab. 1), czyli łącznej, wielowymiarowej zmienności rozważanych cech u obiektów w badanej kolekcji roboczej. Natomiast analogiczne składowe uzyskane w klasycznej PCA (na podstawie macierzy współczynników korelacji fenotypowych) wyjaśniały 49,74% wariancji całkowitej, czyli o około 15% wielocechowej zmienności mniej.



Rys. 1 a. Współczynniki korelacji pomiędzy zmiennymi a pierwszą składową główną. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji genotypowych

Fig. 1 a. Correlation coefficients between the variables and the first principal component. The PCA results are based on genotypic correlation matrix

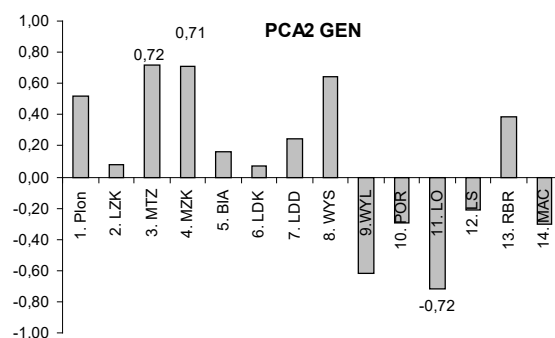


Rys. 1 b. Współczynniki korelacji pomiędzy zmiennymi a pierwszą składową główną. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji fenotypowych

Fig. 1 b. Correlation coefficients between the variables and the first principal component. The PCA results are based on phenotypic correlation matrix

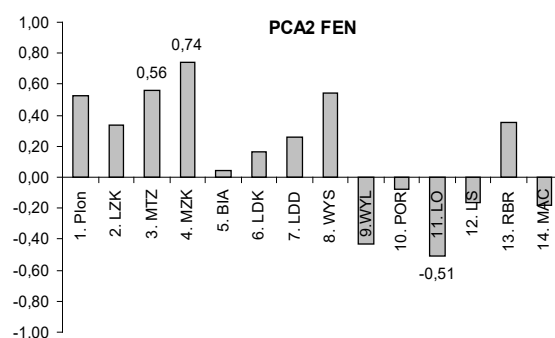
Dla obu proponowanych podejść (GEN i FEN) uzyskano zbliżone wyniki, z tym, że wartości bezwzględne współczynników korelacji dla klasycznej PCA (FEN) są znacznie mniejsze dla wszystkich rozpatrywanych cech (rys. 1a i 1b). Najsilniejszą korelację ujemną pierwszej składowej głównej stwierdzono z liczbą ziaren z kłosa ($r_{GEN} = -0,89$, $r_{FEN} = -0,69$), natomiast dodatnią z zawartością białka ($r_{GEN} = 0,79$, $r_{FEN} = 0,66$) i liczbą sedymentacji ($r_{GEN} = 0,85$, $r_{FEN} = 0,74$). Przeciwny znak współczynników korelacji dla tych cech wskazuje, że obiekty w kolekcji odznaczające się dużą liczbą ziaren z kłosa charakteryzowały się jednocześnie niską zawartością białka i LS. Dla cech skorelowanych z pierwszą składową główną stwierdzono duże wartości współczynników powtarzalności oraz bardzo silne korelacje genotypowe (Ukalski i in., 2008). Zatem, pierwszą składową główną można traktować jako przejaw czynnika genetycznego (poligenów) warunkującego te cechy.

Selekcja obiektów hodowlanych na podstawie wartości fenotypowych (tzn. średnich z lat) każdej z tych cech współlistnieje z równoczesną selekcją na wszystkie cechy skorelowane z pierwszą składową główną. Wobec tego postępowi hodowlanemu dla jednej z tych cech towarzyszą równocześnie niekonieczne korzystne zmiany pozostałych cech uwarunkowanych genetycznie przez ten czynnik.



Rys. 2 a. Współczynniki korelacji pomiędzy zmiennymi a drugą składową główną. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji genotypowych

Fig. 2 a. Correlation coefficients between the variables and the second principal component. The PCA results are based on genotypic correlation matrix



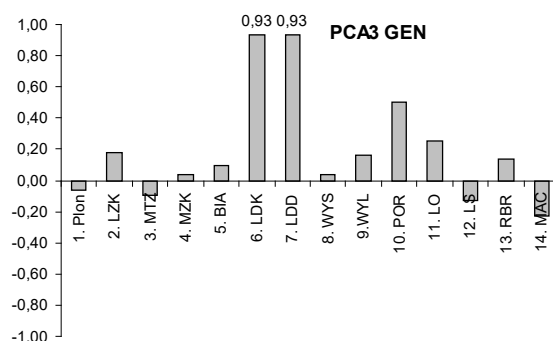
Rys. 2 b. Współczynniki korelacji pomiędzy zmiennymi a drugą składową główną. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji fenotypowych

Fig. 2 b. Correlation coefficients between the variables and the second principal component. The PCA results are based on phenotypic correlation matrix

Druga składowa główna wyjaśniła 21,86% zmienności całkowitej badanych odmian i rodów w kolekcji w podejściu GEN, a w podejściu FEN 16,32% (tab. 1). Najwyższe bezwzględne wartości współczynników korelacji w przypadku podejścia GEN (rys. 2a) uzyskano pomiędzy omawianą składową a cechami: MTZ ($r_{GEN}=0,72$), LO ($r_{GEN}=-0,72$) i MZK ($r_{GEN}=0,71$). Zatem można stwierdzić, że występujące w badanej kolekcji roboczej formy pełne charakteryzowały się jednocześnie niskimi właściwościami

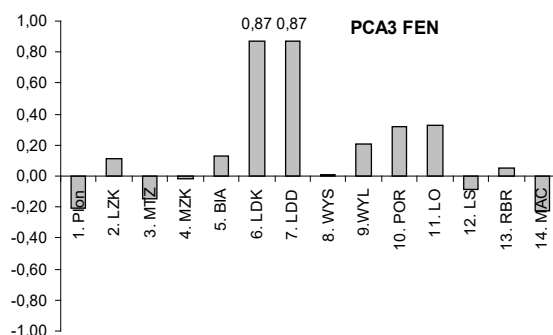
technologicznymi. Natomiast w podejściu FEN podobną wartość współczynnika korelacji stwierdzono tylko dla MZK ($r_{FEN} = 0,74$; rys. 2b). MTZ ($r_{FEN} = 0,56$) i LO ($r_{FEN} = -0,51$) to cechy, dla których, w podejściu FEN (rys. 2b), uzyskano niższe bezwzględne wartości współczynników korelacji z drugą składową główną. Liczba opadania jest cechą, dla której stwierdzono (Ukalski i in., 2008) najmniejszą, wśród badanych cech, wartość współczynnika powtarzalności. Zatem PCA na podstawie macierzy współczynników korelacji fenotypowych nie wychwyciła znaczącego wpływu dyskryminacyjnego cechy podatnej na warunki środowiskowe.

Z trzecią składową główną (rys. 3 a i 3 b) najsilniej skorelowane były LDK ($r_{GEN} = 0,93$, $r_{FEN} = 0,87$) i LDD ($r_{GEN} = 0,93$, $r_{FEN} = 0,87$). Wyniki dla obu proponowanych podejść są całkowicie zbieżne.



Rys. 3 a. Współczynniki korelacji pomiędzy zmiennymi a trzecią składową główną. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji genotypowych

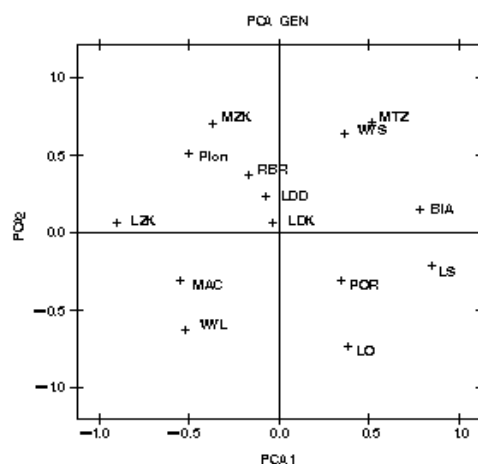
Fig. 3 a. Correlation coefficients between the variables and the third principal component. The PCA results are based on genotypic correlation matrix



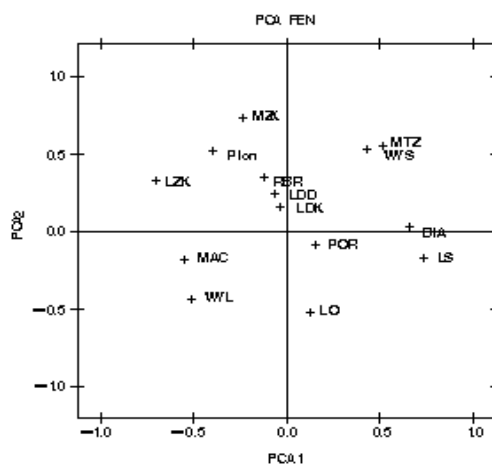
Rys. 3 b. Współczynniki korelacji pomiędzy zmiennymi a trzecią składową główną. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji fenotypowych

Fig. 3 b. Correlation coefficients between the variables and the third principal component. The PCA results are based on phenotypic correlation matrix

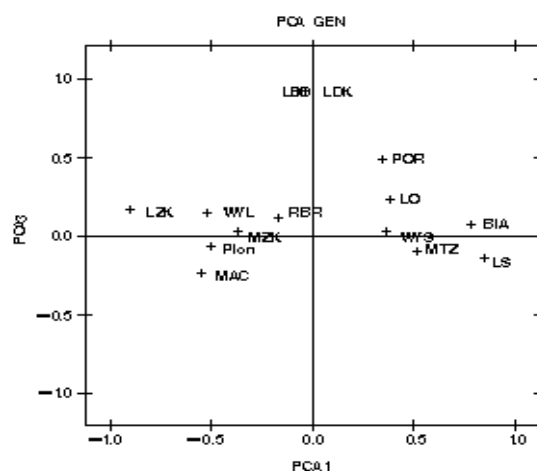
Rozpatrywane cechy można przedstawić graficznie w przestrzeni trzech składowych głównych. Wykres trójwymiarowy może być nieczytelny, dlatego w pracy przedstawiono dwa wykresy dwuwymiarowe obrazujące rozmieszczenie cech w układzie wybranych dwóch składowych głównych (rysunki 4 i 5).



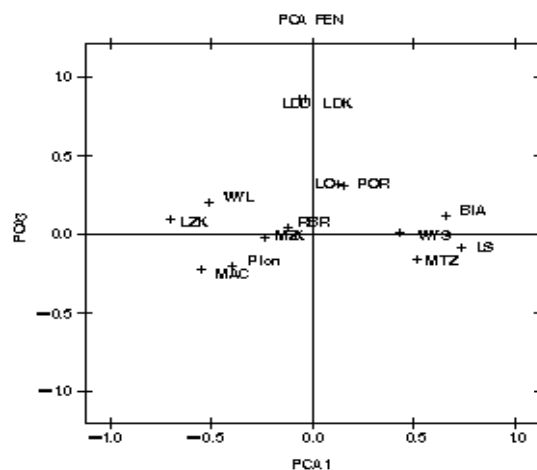
Rys. 4 a. Rozmieszczenie 14 zmiennych w przestrzeni pierwszej i drugiej składowej głównej. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji genotypowych
Fig. 4 a. Scatter plot of 14 variables for the first and second principal components. The PCA results are based on genotypic correlation matrix



Rys. 4 b. Rozmieszczenie 14 zmiennych w przestrzeni pierwszej i drugiej składowej głównej. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji fenotypowych
Fig. 4 b. Scatter plot of 14 variables for the first and second principal components. The PCA results are based on phenotypic correlation matrix

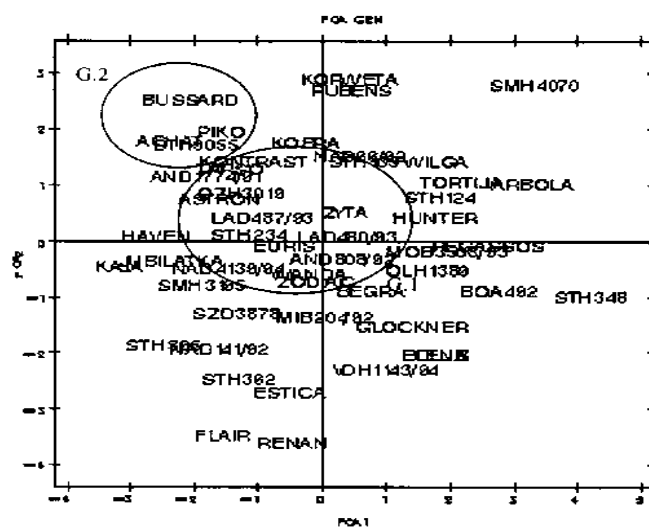


Rys. 5 a. Rozmieszczenie 14 zmiennych w przestrzeni pierwszej i trzeciej składowej głównej. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji genotypowych
Fig. 5 a. Scatter plot of 14 variables for the first and third principal components. The PCA results are based on genotypic correlation matrix

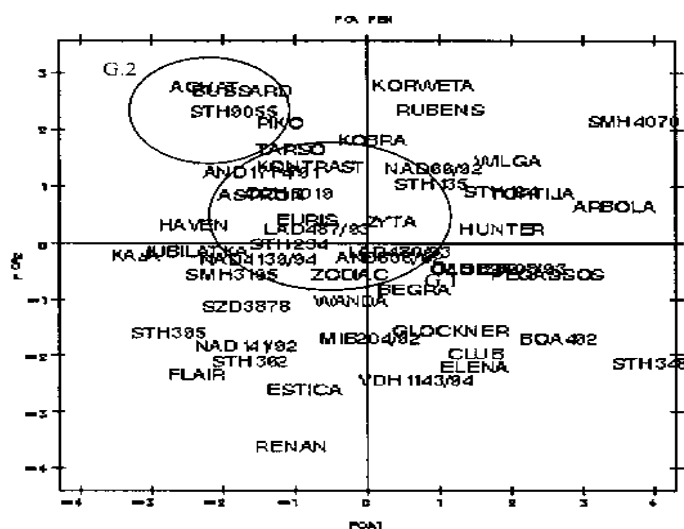


Rys. 5 b. Rozmieszczenie 14 zmiennych w przestrzeni pierwszej i trzeciej składowej głównej. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji fenotypowych
Fig. 5 b. Scatter plot of 14 variables for the first and third principal components. The PCA results are based on phenotypic correlation matrix

Wykresy te, podobnie jak omówione wcześniej (rysunki 1–3), mogą być pomocne w wykrywaniu cech najsilniej skorelowanych ze składowymi głównymi, a zatem są alternatywnym sposobem przedstawienia omówionych wyników.



Rys. 6 a. Rozmieszczenie 51 obiektów w przestrzeni pierwszej i drugiej składowej głównej. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji genotypowych
 Fig. 6 a. The distribution of 51 genotypes for the first and second principal components. The PCA results are based on genotypic correlation matrix



Rys. 6 b. Rozmieszczenie 51 obiektów w przestrzeni pierwszej i drugiej składowej głównej. PCA wykonana na macierzy współczynników korelacji fenotypowych
 Fig. 6 b. The distribution of 51 genotypes for the first and second principal components. The PCA results are based on phenotypic correlation matrix

Cechy charakteryzujące się największymi bezwzględnymi wartościami pierwszej (LZK, LS, BIA, rys. 4 a i b), drugiej (LO, MZK, MTZ) i trzeciej składowej głównej (LDD, LDK, rys. 5 a i b) najsilniej różnicują badane obiekty kolekcyjne. Natomiast cechy, których współrzędne, w układzie omawianych składowych głównych, są bliskie wartościom zerowym charakteryzują się małym zróżnicowaniem w obrębie rozważanej kolekcji, czyli są to cechy o słabej sile dyskryminacyjnej.

W przestrzeni składowych głównych można przedstawić również rozmieszczenie wszystkich badanych 51 odmian i rodów hodowlanych (rys. 6). Wykres taki pozwala na scharakteryzowanie kolekcji jednocześnie pod względem tych cech, które wykazywały silne skorelowanie ze składowymi głównymi. Na wykresach 6a i 6b zaznaczono dwie przykładowe grupy obiektów oznaczone jako G.1 i G.2. Grupy te na wykresach 6a i 6b nie zawierają tych samych obiektów ze względu na wykorzystanie w analizie PCA różnych macierzy współczynników korelacji. Grupa G.1 (rys. 6 a) charakteryzuje się, na poziomie genotypowym, wartościami cech LZK, LS i BIA (skorelowanych z pierwszą składową główną) zbliżonymi do ich średnich wartości w całej kolekcji i podobnie średnimi wartościami cech MTZ, LO i MZK (skorelowanych z drugą składową główną), natomiast grupa G.1 na rys. 6 b obejmuje obiekty o przeciętnych wartościach cech LZK, LS i BIA oraz MZK. Obiekty z grupy G.2 (rys. 6a) charakteryzują się, w stosunku do średnich wartości cech, podwyższoną wartością LZK i obniżonymi wartościami cech LS i BIA, oraz obniżoną wartością LO i podwyższonymi wartościami MTZ i MZK. Natomiast na wykresie 6b obiekty w obrębie grupy G.2 charakteryzują się na poziomie fenotypowym, w stosunku do średnich wartości cech, podwyższoną wartością cechy LZK i obniżonymi wartościami cech LS i BIA oraz podwyższonymi wartościami MZK. W podobny sposób można scharakteryzować wszystkie obiekty kolekcyjne.

Warto podkreślić, że przedstawione wykresy (rysunki 4–6) są tym lepszym obrazem relacji rozważanych cech (rys. 4 i 5), a także zróżnicowania wielocechowego obiektów kolekcyjnych (rys. 6), im większa część ogólnej zmienności (ogólnej wariancji) między badanymi obiektami została wyjaśniona przez składowe główne. Zatem wykresy uzyskane na podstawie macierzy współczynników korelacji genotypowych są dokładniejszym odzwierciedleniem relacji między obiektowych i między-cechowych w badanej kolekcji roboczej pszenicy ozimej.

WNIOSKI

Analizę składowych głównych dla rozważanych cech i obiektów w kolekcji roboczej pszenicy ozimej przeprowadzono dwójako: klasycznie, tj. na podstawie macierzy korelacji fenotypowych, oraz na podstawie macierzy korelacji genotypowych, czyli nieobserwowalnych efektów genotypowych badanych cech. Porównanie obu podejść pozwala na wyciągnięcie następujących wniosków:

1. Pierwsze trzy składowe główne uzyskane na podstawie macierzy współczynników korelacji genotypowych wyjaśniły o 15% więcej ogólnej zmienności między obiektowej niż przy zastosowaniu macierzy współczynników korelacji fenotypowych. Dla większości badanych cech uzyskano także bezwzględnie większe wartości

- współczynników korelacji pomiędzy cechami a trzema pierwszymi składowymi głównymi wyprowadzonymi z macierzy korelacji genotypowych niż pochodzących z macierzy korelacji fenotypowych. Spowodowane jest to tym, że współczynniki korelacji fenotypowych pomiędzy cechami są wypadkową współzależności genotypowych i środowiskowych.
2. Oba zastosowane podejścia w PCA pozwoliły na dokładne, wielocechowe scharakteryzowanie badanej kolekcji i znalezienie cech najsilniej różnicujących badane obiekty kolekcyjne. Analiza składowych głównych wykazała istnienie trzech najważniejszych czynników genetycznych, którymi są zespoły poligeniczne odpowiedzialne kolejno za: kształtowanie się liczby ziaren z kłosa, zawartości białka i liczby sedymentacji; masy ziaren z kłosa, masy tysiąca nasion oraz liczby opadania; cechy fenologiczne, tj. liczbę dni do kłoszenia i liczbę dni do dojrzałości.
 3. Wykorzystanie w PCA macierzy współczynników korelacji genotypowych pozwoliło dodatkowo na stwierdzenie znaczącego zróżnicowania obiektów w kolekcji roboczej pod względem liczby opadania. Oznacza to, że dyskryminacyjna siła cech podatnych na wpływy środowiska może nie zostać stwierdzona na podstawie analizy opartej na macierzy współczynników korelacji fenotypowych.

LITERATURA

- Abdi A., Bejkele E., Asfaw Z., Teshome A. 2002. Patterns of morphological variation of sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) landraces in qualitative characters in North Shewa and South Welo, Ethiopia. *Hereditas* 137: 161 — 172.
- Ayana A., Bekele E. 1999. Multivariate analysis of morphological variation in sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) germplasm from Ethiopia and Eritrea. *Gen. Res. Crop Evol.* 46: 273 — 284.
- Erikson L., Johansson E., Kettaneh-Wold N., Wold S. 1999. Introduction to multi- and megavariate data analysis using projection methods (PCA & PLS). Umetrics AB, Umea, Sweden.
- Everitt B. S., Dunn G. 1992. *Applied Multivariate Data Analysis*. Oxford University Press, New York.
- Flores F., Gutierrez J. C., Lopez J., Moreno M. T., Cuberto J. I. 1997. Multivariate analysis approach to evaluate a germplasm collection of *Hedysarum coronarium* L. *Gen. Res. Crop Evol.* 44: 545 — 555.
- Hotteling H. 1933. Analysis of a Complex of Statistical Variables into Principal Components. *Journal of Educational Psychology* 24: 417 — 441, 498 — 520.
- Hotteling H. 1936. Simplified Computation of Principal Components. *Psychometrika* 1: 27 — 35.
- Iezzoni A. F., Pritts M. P. 1991. Application of Principal Components Analysis to Horticultural Research. *Hort. Sci.* 26(4): 334 — 338.
- Jolliffe I. T. 1986. *Principal components analysis*. Springer-Verlag, New York.
- Khattree R., Naik D. N. 2000. *Multivariate data reduction and discrimination with SAS software*. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Krzanowski W. J. 1988. *Principles of multivariate analysis: a users's perspective*. Oxford University Press, Oxford. 563 pp.
- Leguizamon J., Badenes M. L. 2003. Multivariate analysis as a tool for germplasm studies, Example of Analysis of Gerplasm Loquat Data. *Acta Hort.* 606: 29 — 35.
- Littell R. C., Milliken G. A., Stroup W.W., Wolfinger R. D. 1996. *SAS system for mixed models*. SAS Institute Inc., Cary, NC.
- Mars M., Marrakchi M. 1999. Diversity of pomegranate (*Punica granatum* L.) germplasm in Tunisia. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 46: 461 — 467.
- Martinez-Calvo J. 2007. Study of a germplasm collection of loquat (*Eriobotrya japonica* Lindl.) by multivariate analysis. *Genet. Resour. Crop Evol.* 55(5): 695 — 703.

- Mądry W. 2007. Metody statystyczne do oceny różnorodności fenotypowej dla cech ilościowych w kolekcjach roślinnych zasobów genowych. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 517: 21 — 41.
- Mohammadi S.A., Prasanna B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-Salient statistical tools and considerations. Crop Sci. 43:1235 — 1248.
- Pearson K. 1901. On lines planes of closest fit to a system of points in space. Philosophical Magazine 2:557 — 572.
- Perez-Gonzalez S. 1992. Associations among morphological and phenological characters representing apricot germplasm in Central Mexico. J. Am. Soc. Hort. Sci. 117:486 — 490.
- Rao C.R. 1964. The Use and Interpretation of Principal Components in Applied Research. Sankhya A26:329 — 358.
- Rojas W., Barriga P., Figueroa H. 2000. Multivariate analysis of the genetic diversity of Bolivian quinoa germplasm. Plant Genetic Resources Newsletter 122: 16 — 23.
- Rotondi A., Magli M., Ricciolini C., Baldoni L. 2003. Morphological and molecular analyses for the characterization of a group of Italian olive cultivars. Euphytica 132: 129 — 137.
- SAS/STAT User's Guide, Version 8.2. 2002. SAS Institute, Cary NC.
- Skinner D.Z., Barchan G.R., Auricht G., Hughes S. 1999. A method for the efficient management and utilization of large germplasm collections. Crop Sci. 39:1237 — 1242.
- Ukalska J., Mądry W., Ukalski K., Masny A., 2007. Wielowymiarowa ocena różnorodności fenotypowej w kolekcji zasobów genowych truskawki (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) Część I: analiza zmienności. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 517: 749 — 758.
- Ukalski K., Ukalska J., Śmiałowski T., Mądry W. 2008. Badanie zmienności i współzależności cech użytkowych w kolekcji roboczej pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) za pomocą metod wielowymiarowych. Część I. Korelacje fenotypowe i genotypowe. Biul. IHAR 249: 35 — 43.
- Upadhyaya H. D., Mallikarjuna Swamy B. P., Kenchana Goudar P. V., Kullaiswamy B.Y., Singh S. 2005. Identification of diverse groundnut germplasm through multienvironment evaluation of a core collection for Asia. Field Crops Research 93: 293 — 299.

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**STANISŁAW WĘGRZYN****MARIA STACHOWICZ**

Zakład Roślin Zbożowych

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Kraków

Analiza zmienności i korelacji ważnych cech technologicznych rodów i odmian pszenicy ozimej

Variation and correlation analysis of important technological traits of winter wheat cultivars and strains

W pracy badano zmienność, genetyczne uwarunkowanie i zależność pomiędzy 13 cechami technologicznymi pszenicy ozimej na podstawie analizy laboratoryjnej ziarna 105 obiektów z doświadczeń wstępnych wykonanych przez Zakład Roślin Zbożowych w Krakowie w 2005 i 2006 roku. Analizy statystyczne wykonano dla każdego roku osobno. Objęły one analizę wariancji, współczynniki zmienności, współczynniki genetycznego uwarunkowania cech oraz współczynniki korelacji fenotypowych i genotypowych. Stwierdzono w każdym roku na podobnym poziomie wartości średnich, współczynników zmienności, genetycznego uwarunkowania cech oraz współczynników korelacji fenotypowych i genotypowych badanych cech. Współczynniki zmienności wahały się od 2,33% dla wydajności mąki do 57,3% dla czasu stałości. Wskaźniki genetycznego uwarunkowania dla badanych cech okazały się zróżnicowane i przyjmowały wartości od 0,40 dla jakości miękiszu do 0,94 dla liczby sedymentacji. Współczynniki korelacji genotypowych okazały się na ogół wyższe od fenotypowych. Stwierdzono istotne dodatnie współczynniki korelacji genotypowe ($r_g > 0,50$) pomiędzy liczbą sedymentacji a zawartością białka, wodochłonnością, energią ciasta, objętością chleba, wydajnością mąki, liczbą jakości, jakością miękiszu i gluten indeksem oraz ujemne liczby sedymentacji (LS) z rozmiękczeniem ciasta.

Słowa kluczowe: analizy technologiczne, korelacje fenotypowe, korelacje genotypowe, pszenica ozima, współczynniki zmienności

Variability, heritability and correlations were investigated for 13 parameters characterizing bread-making quality of winter wheat. The grain material of 105 cultivars and strains from the preliminary state trials of the years 2005 and 2006 was analyzed in the Department of Cereal Crops of the Plant Breeding and Acclimatization Institute, Cracow Division. The statistical analysis, performed separately for each year, included analysis of variance and calculation of means and coefficients of variability, heritability, genotypic correlation and phenotypic correlation. The values of coefficients for both years of study were much alike. The variability coefficients ranged from 2.33% (for flour yield) to 57.3% (for dough stability). The coefficients of heritability were diverse either and varied between 0.40 (for crumb quality) and 0.94 (for sedimentation value). Generally, the coefficients of genotypic correlation

proved to be higher than the corresponding ones for phenotypic correlation. The sedimentation value was significantly and positively correlated with protein content, water absorption, dough energy, bread volume, flour yield, quality number, crumb quality and gluten index. The negative correlation of the sedimentation value with softness of dough was also convenient for the selection process.

Key words: technological analyses, coefficients of the variability, phenotypic correlations, genotypic correlations, the winter wheat

WSTĘP

Jednym z najważniejszych zadań hodowlanych pszenicy ozimej jest wyodrębnienie form łączących plenność z wysoką jakością technologiczną. Dotychczasowe prace hodowlane pozwoliły osiągnąć zadawalający poziom cech technologicznych w uprawianych odmianach pszenicy ozimej (Banaszak i in., 2006; Śmiałowski i Stachowicz, 2007). Jednak silna konkurencja na rynku krajowym zagranicznych odmian pszenicy ozimej przyczynia się do ciągłego poszukiwania nowych lepszych rodów o wysokiej jakości technologicznej (Zych, 2006).

Aby osiągnąć sukces, oprócz wielu innych warunków, niezbędna jest dostępność w programie krzyżowań komponentów charakteryzujących się dużą zmiennością oraz odziedziczalnością cech technologicznych.

Wyhodowane rody i odmiany pszenicy ozimej pod względem badanych cech w całej puli form genetycznych powinny charakteryzować się również odpowiednio ukierunkowaną korzystną korelacją fenotypową i genotypową o sile nie zagrażającej pogorszeniem jednej cechy w przypadku ulepszania innej.

Nieliczne badania prowadzone dotychczas przyczyniły się do poznania zależności pomiędzy cechami struktury plonu a cechami technologicznymi (Śmiałowski i in., 2006), a także znalezienia powiązań pomiędzy wybranymi cechami technologicznymi (Bichoński i in., 1998). Ograniczały się one jednak wyłącznie do podstawowych 3 cech technologicznych (Ceglińska i in., 2003; Cygankiewicz, 1997). Praktycznie nie prowadzono takich badań dla pełnej oceny wartości technologicznej pszenicy ozimej. Niniejsza praca ma uzupełnić tę lukę w polskich badaniach.

Również w badaniach autorów zagranicznych opisane są zwykle wybrane zależności pomiędzy cechami jakości technologicznej. Wysoce istotną korelację pomiędzy frakcjami białka a zawartością glutenu stwierdzili Stehno i wsp. (2006), natomiast w innych badaniach (Park i in., 2005) ujawnili silną korelację pomiędzy zawartością białka w mące a wodochłonnością. Natomiast analiza wielocechowa przeprowadzona w oparciu o zmienne kanoniczne (CDA) dla 16 cech (cech ilościowe ziarna i jakości technologicznej) u 10 odmian pszenicy ozimej (Pecina i in., 2000) wykazała, że silnie determinującymi całkowitą zmienność cechami były liczba sedymentacji i masa hektolitra.

Na podstawie literatury i przeprowadzonej analizy dotychczasowych wyników ustalono cel badań, tj. poznanie wskaźników zmienności (CV), genetycznego uwarunkowania (H) oraz korelacji zależności fenotypowych i genotypowych (r_P , r_g) cech technologicznych w zbiorze rodów pszenicy ozimej ocenianych w 2 latach (2005–2006). Na podstawie obliczonych wskaźników statystyczno-genetycznych określono zmiany w badanym

materiale pod względem badanych cech w procesie hodowli na skutek presji selekcyjnej, które sprzyjają postępowi w hodowli nowych odmian pszenic jakościowych.

MATERIAŁ I METODA

Materiałem badawczym były ziarna 105 rodów (w każdym roku odmienny zestaw) i 6 odmian wzorcowych pszenic ozimych badanych w latach 2005–2006 w zespołowych doświadczeniach wstępnych w 3 miejscowościach.

Materiał ten na tym etapie hodowli jest ustabilizowany i może stanowić również cenne źródło genetyczne cech np. do polepszania innych rodów na wcześniejszych etapach hodowli. Oceniano 13 cech w tym 8 cech klasyfikowanych jako wskaźniki jakości: liczba sedymentacji (L.S z SDS-siarczan dodecylosodowy) wykonana metodą Axforda (Axford i wsp., 1997) modyfikacja mikro Cygankiewicza (1997), liczba opadania (L.O.) — Falling Number 1800 Norma ICC Standard No. 117 (ICCH), zawartość białka w suchej masie ziarna — metodą NIR w aparacie Infratec 1255 Norma ICC Standard No. 159 (ICCH), wodochłonność mąki — Farinograph Norma ICC Standard No. 115/1 (ICCH), rozmięczenie ciasta — Farinograph Norma ICC Standard No. 115/1 (ICCH), energia ciasta — Ekstensograph Norma ICC Standard No. 114 (ICCH), wydajność mąki ogółem — Quadrumat Senior f-y Brabender, objętość chleba — standardowy wypiek laboratoryjny w przeliczeniu na 100 g mąki po zarobieniu ciasta w miesiarce intensywnego miesienia Diosna f-y Geth, oraz dodatkowo czas stałości i liczbę jakości (analiza farinograficzna), gluten mokry i indeks gluten (Glutomatic 2200) (ICCH) oraz liczbę wartości chleba (L.W.CH.) jako wskaźnik jakości miękiszu.

Analiza statystyczna obejmowała obliczenie średnich wartości dla badanych cech, współczynników zmienności, wskaźników genetycznego uwarunkowania cech oraz korelacji fenotypowych i genotypowych pomiędzy badanymi cechami. Do analizy statystycznej tych danych przyjęto mieszany model, w którym elementem stałym były miejscowości, a losowym obiekty. Po wykonaniu obliczeń analizy wariancji z jej składników obliczono współczynniki zmienności CV_g , wskaźniki genetycznego uwarunkowania cech H (Węgrzyn i in., 2001, 2002). Współczynniki korelacji fenotypowej r_P , wyznaczono jako współczynniki korelacji prostej średnich cech z miejscowości dla rozpatrywanych genotypów. Współczynniki korelacji genotypowej r_g określono jako miary korelacji prostej pomiędzy nieobserwowalnymi efektami genotypowymi (Searle, 1961; Falconer i in., 1996; Węgrzyn i in., 2002). Istotność współczynników korelacji fenotypowej i genotypowej zbadano na podstawie błędów standardowych (Becker, 1984; Holland, 2006). Ocenę wartości błędów wykonano wykorzystując wzory podobne do podanych w pracy Hollanda (2006). Obliczenia wykonano za pomocą programu Fegekor 3 (TP) opracowanego w IHAR Kraków (Węgrzyn, 2002).

WYNIKI BADAŃ

Stwierdzono niewielkie różnice wskaźników statystyczno-genetycznych pomiędzy obu latami badań. Średnie wartości badanych cech w latach okazały się zbliżone pomimo

odmiennego materiału badawczego (tab. 1). Tylko nieznacznie wyższe wartości rozmiękczenia ciasta i gluten indeksu odnotowano w 2005 roku, natomiast w 2006 roku podobnie wyższą wartością charakteryzowały się liczba sedymentacji, liczba opadania, zawartość białka w ziarnie, liczba jakości i zawartość glutenu mokrego (tab. 1). Zatem nie obserwujemy wyraźnego wpływu zarówno lat i obiektów na poziom cech technologicznych. Niewielkie różnice odnotowano pod względem zmienności badanych cech. W 2006 roku współczynniki zmienności badanych cech charakteryzowały się wyższymi wartościami z wyjątkiem liczby sedymentacji i objętości ciasta. Najwyższą zmiennością charakteryzowały się czas stałości, liczba jakości (>40%) oraz rozmiękczenie i energia ciasta (>26%), najniższą wydajność mąki, zawartość białka w ziarnie i wodochłonność (<5%).

Tabela 1

Wybrane parametry statystyczno-genetyczne pszenicy ozimej w latach 2005 i 2006
Some statistical parameters for winter wheat breadmaking quality, 2005 and 2006

Nazwa cech Name of traits	Średnie wartości Mean values		CV % Coefficient of variability		H Herability		S.E. (H) Standard errors	
	lata badań — years of study							
	2005	2006	2005	2006	2005	2006	2005	2006
L.S. z SDS Sedimentation values	51,26	68,7	23,65	19,33	0,94	0,89	0,17	0,15
L.O. Falling number	374,45	415,37	13,49	13,25	0,76	0,87	0,13	0,15
Zawartość białka Protein content	11,53	12,98	3,00	3,96	0,71	0,59	0,12	0,11
Wodochłonność Water absorption	57,81	59,28	4,14	3,69	0,82	0,85	0,16	0,17
Rozmiękczenie ciasta Dough softness	81,97	73,9	26,24	31,84	0,87	0,79	0,17	0,16
Energia ciasta Dough energy	70,73	75,38	33,10	34,35	0,83	0,87	0,16	0,17
Objętość chleba Bread volume	613,03	627,43	3,70	3,31	0,16	0,54	0,13	0,14
Wydajność mąki Flour yield	72,62	73,21	2,36	2,33	0,73	0,84	0,15	0,16
Czas stałości ciasta Dough stability	5,23	7,14	43,67	57,28	0,81	0,69	0,16	0,15
Liczba jakości Quality number	58,29	86,9	39,11	49,18	0,77	0,65	0,16	0,15
Jakość miękiszu (LWCH) Crumb quality	153,4	164,65	9,69	9,64	0,40	0,66	0,14	0,15
Ilość glutenu (mokry) Gluten content (wet)	26,74	33,76	5,38	5,88	0,76	0,69	0,16	0,15
Indeks gluten Gluten index	86,25	79,15	15,36	17,07	0,92	0,85	0,17	0,17

Obliczone średnie arytmetyczne i wartości współczynników zmienności nie odbiegają od wielkości odnotowywanych w latach ubiegłych (Bichoński, 1995, Cygankiewicz, 1997). Zjawisko to można wytłumaczyć wymaganiami klasyfikacyjnymi ustalającymi dolne i górne granice wartości przyjęte dla cech technologicznych przez COBORU organ rejestrujący nowe odmiany pszenicy ozimej. Hodowcy w procesie selekcji dostosowują

wartości cech technologicznych badanych rodów odrzucając obiekty nie spełniające tych kryteriów.

Wskaźniki genetycznego uwarunkowania cech (H) były wysokie i dla większości badanych cech w obu latach odnotowano wartości $>0,60$, z wyjątkiem objętości chleba (w 2005 roku = 0,16 oraz w 2006 = 0,54) oraz LWCH (w 2005 roku = 0,40). Wartości te wskazują, że z wyjątkiem objętości chleba pozostałe cechy były stabilne nie reagowały na czynniki środowiska, zatem są silnie genetycznie uwarunkowane, a jest to zjawisko pozytywne.

Współczynniki korelacji fenotypowo-genotypowe ujawniły 3 grupy zależności; nielicznych istotnie dodatnich i istotnie ujemnych oraz liczną grupę nieistotnych korelacji (tab. 2, 3). Stwierdzono wysoce istotne dodatnie korelacje ($r_p > 0,50$ i $r_g > 0,60$) pomiędzy liczbą sedymentacji a białkiem, energią ciasta, objętością chleba, czasem stałości, liczbą jakości, ujemne ($r_p > -0,60$ i $r_g > -0,65$) pomiędzy liczbą sedymentacji a rozmiękczeniem (tab. 2, 3). Interesującą cechą okazał się czas stałości, który wykazał wysoce istotne korelacje fenotypowe i genotypowe z liczną grupą cech technologicznych z wyjątkiem; LO, wydajność mąki ogółem (tab. 2, 3).

Tabela 2

Korelacje fenotypowo-genotypowe pomiędzy cechami technologicznymi pszenicy ozimej w 2005 roku
Coefficients of correlations between technological traits of winter wheat in 2005

Cechy Traits	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1		0,29*	0,56**	0,47**	-0,72**	0,76**	0,56**	0,49**	0,63**	0,58**	0,60**	0,14	0,65**
2	0,25		-0,17	-0,1	-0,45**	0,33**	0,13	0,02	0,18	0,08	0,15	-0,36**	0,50**
3	0,48**	-0,18		-0,35**	0,31*	0,31*	0,30*	0,43**	0,48**	0,39**	0,54**	0,1	-0,47**
4	0,54**	-0,11	0,46**		-0,47**	0,17	0,23	0,18	0,38**	0,48**	0,23	0,39**	0,2
5	-0,79**	-0,56**	-0,45**	-0,46**		-0,75**	-0,57**	-0,13	-0,82**	-0,77**	-0,55**	-0,05	-0,73**
6	0,79**	0,34**	0,39**	0,2	-0,66**		0,70**	0,2	0,61**	0,49**	0,70**	-0,15	0,80**
7	0,51**	0,02	0,27*	0,21	-0,63**	0,63**		0,08	0,54**	0,47**	0,94**	-0,02	0,49**
8	0,52**	-0,04	0,27*	0,1	-0,13	0,19	0,01		0,21	0,19	0,15	0,18	0,16
9	0,71**	0,27*	0,52**	0,35**	-0,70**	0,53**	0,63**	0,19		0,98**	0,53**	0,32*	0,48**
10	0,68**	0,18	0,56**	0,41**	-0,65**	0,43**	0,60**	0,15	0,79**		0,47**	0,44**	0,35**
11	0,55**	0,05	0,35**	0,25	-0,60**	0,63**	0,28*	0,09	0,61**	0,59**		0,01	0,50**
12	0,2	-0,34**	0,62**	0,29*	-0,06	-0,19	0,11	0,11	0,22	0,31*	0,12		-0,48**
13	0,64**	0,46**	0,08	0,23	-0,70**	0,78**	0,45**	0,16	0,46**	0,36**	0,47**	-0,43**	

*, ** istotne dla poziomu $P = 0,05$ lub $P = 0,01$, significant at level $P = 0,05$ and $P = 0,01$, respectively

1 — L.S. z SDS; Sedimentation values

2 — L.O. ;Falling number

3 — Zawartość białka; Protein content

4 — Wodochłonność; Water absorption

5 — Rozmiękczenie ciasta; Dough softness

6 — Energia ciasta ; Dough energy

7 — Objętość chleba; Bread volume

8 — Wydajność mąki ; Flour yield

9 — Czas stałości ciasta; Dough stability

10 — Liczba jakości; Quality number

11 — Jakość miękiszu (LWCH); Crumb quality

12 — Ilość glutenu (mokry); Gluten content (wet)

13 — Indeks glutenu; Gluten index

Wykonane obliczenia wskazały grupę stabilnych nie podlegających wpływom środowisk korzystnych genotypowych zależności. Należą do nich wysoce istotne dodatnie zależności pomiędzy; liczbą sedymentacji a energią ciasta ($r_{g,2005,2006} = 0,79$ i $0,71$), liczbą sedymentacji a czasem stałości ($r_{g,2005,2006} = 0,71, 0,62$), liczbą sedymentacji a liczbą jakości ($r_{g,2005,2006} = 0,68, 0,61$), liczbą sedymentacji a indeksem glutenu ($r_{g,2005,2006} = 0,64, 0,54$),

energiją ciasta a gluten indeksem ($r_{g,2005,2006} = 0,78, 0,84$), energią ciasta a objętością chleba ($r_{g,2005,2006} = 0,63, 0,44$). Zatem prowadząc selekcję na jedną cechę z pary możemy liczyć na poprawę tej drugiej silnie z nią skorelowanej. Do grupy tej należy zaliczyć również ujemną zależność pomiędzy liczbą sedymentacji a rozmiękczeniem ($r_{g,2005,2006} = -0,79, -0,68$), (tab. 2, 3). Ponieważ cecha rozmiękczenia ciasta charakteryzuje się odwróconą skalą, zatem jej zmniejszona wartość oznacza ciasto lepszej jakości a większa wartość rozmiękczenia to ciasto o gorszej jakości. Rozmiękczenie okazało się skorelowane ujemnie również z innymi cechami w obu latach badań.

Tabela 3

Korelacje fenotypowo-genotypowe pomiędzy cechami technologicznymi pszenicy ozimej w 2006 roku
Coefficients of correlations between technological traits of winter wheat in 2006

Cechy Traits	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1		0,29*	0,58**	0,19	-0,66**	0,67**	0,37**	0,32*	0,59**	0,56**	0,35**	0,18	0,56**
2	0,21		0,46**	0,08	-0,2	0,07	0,12	0,02	0,14	0,17	0,11	0,29*	0,001
3	0,36**	0,28*		0,06	-0,24	0,16	0,08	0,01	0,18	0,21	0,05	0,28*	0,02
4	0,2	0,06	0,05		-0,06	-0,18	0,25	0,05	-0,18	-0,11	0,26*	0,40**	-0,24
5	-0,68**	-0,19	-0,25	-0,09		-0,84**	-0,43**	-0,04	-0,89**	-0,89**	-0,37**	0,01	-0,74**
6	0,71**	0,09	0,2	-0,16	-0,75**		0,37**	0,14	0,83**	0,78**	0,34**	-0,16	0,86**
7	0,33**	0,15	0,13	0,27*	-0,50**	0,44**		0,02	0,28*	0,33**	0,94**	0,23	0,23
8	0,33**	-0,04	0,01	0,01	-0,07	0,16	0,03		0,11	0,05	-0,05	-0,04	0,26*
9	0,62**	0,15	0,22	-0,19	-0,68**	0,73**	0,38**	0,13		0,97**	0,21	-0,13	0,77**
10	0,61**	0,19	0,25	-0,12	-0,68**	0,68**	0,46**	0,05	0,27*		0,25	0,10	0,66**
11	0,35**	0,13	0,14	0,26*	-0,40**	0,38**	0,60**	-0,05	-0,22	0,33*		0,14	0,23
12	0,23	0,29*	0,27*	0,31*	0,05	-0,21	0,37**	-0,06	0,74**	-0,11	0,23		-0,47**
13	0,54**	0,001	0,05	-0,2	-0,71**	0,84**	0,17	0,26*	0,33*	0,63**	0,17	-0,34**	

*,** Istotne dla poziomu $P = 0,05$ lub $P = 0,01$; Significant at level $P = 0,05$ and $P = 0,01$, respectively

1 — L.S. z SDS; Sedimentation values

2 — L.O.; Falling number

3 — Zawartość białka; Protein content

4 — Wodochłonność; Water absorption

5 — Rozmiękczenie ciasta; Dough softness

6 — Energia ciasta; Dough energy

7 — Objętość chleba; Bread volume

8 — Wydajność mąki; Flour yield

9 — Czas stałości ciasta; Dough stability

10 — Liczba jakości; Quality number

11 — Jakość miękiszu (LWCH); Crumb quality

12 — Ilość glutenu (mokry); Gluten content (wet)

13 — Indeks glutenu; Gluten index

W przypadku drugiej grupy istotnie ujemnie skorelowaną parą cech okazała się zależność pomiędzy zawartością glutenu a indeks glutenu ($r_{g,2005,2006} = -0,43, -0,34$). Liczba sedymentacji stanowi obok zawartości białka i liczby opadania ważny parametr skróconej oceny analizy jakościowej pszenicy. Zatem może ona ze względu na silną korelację z większością cech technologicznych stanowić ważny wskaźnik skróconej oceny jakości technologicznej. Na uwagę zasługuje słaba korelacja liczby opadania z większością badanych cech. Na niski poziom tej cechy oznaczający skłonność do porastania zwraca się również uwagę w procesie hodowli pszenic jakościowych.

Analizując prezentowane w tabeli 2 i 3 współczynniki korelacji należy zwrócić uwagę na grupę cech, które nie wykazują silnych zależności. Są one również ważne z punktu widzenia hodowcy, gdyż wskazują na brak sprzężeń, które tak utrudniają postęp hodowlany. Dodatkowym wytłumaczeniem silnych zależności pomiędzy niektórymi cechami może być sekwencyjny charakter tych cech. Niewielu autorów analizuje korelacje

pomiędzy cechami technologicznymi, zwykle koncentrują się na 3 podstawowych tj. liczbie sedymentacji, liczbie opadania i zawartości białka. Wynika to z niezwykle pracochłonnych, czasochłonnych i w konsekwencji drogich pozostałych analiz technologicznych.

WNIOSKI

1. Przeprowadzona analiza porównawcza parametrów statystyczno-genetycznych 13 cech technologicznych ujawniła dużą stabilność tych cech w materiale pobranym z 3 miejscowości w okresie 2 lat badań. Dowodem na to były zbliżone średnie wartości i wysokie wartości wskaźników genetycznego uwarunkowania większości badanych cech.
2. Wysoce istotne współczynniki korelacji fenotypowej i genotypowej dla wielu par cech technologicznych okazały się korzystne i wskazują na istniejące silne sprzężenia. W przypadku silnie sprzężonych par cech, gdy ich wartość jest wysoka jest to zjawisko korzystne, natomiast w przypadku słabszej wartości jednej z nich może się okazać trudne do przełamania.
3. Liczba sedymentacji jako jedna z 3 cech skróconej analizy technologicznej stanowi najlepszy wskaźnik jakości mąki ze względu na korzystne dodatnie korelacje z najważniejszymi cechami technologicznymi, tj. zawartością białka, energią ciasta, czasem stałości, liczbą jakości i indeksem glutenu.
4. Czas stałości okazał się silnie skorelowany z licznymi cechami technologicznymi. Ze względu na silne korelacje genotypowe zmiana jego wartości może skutkować również adekwatnymi zmianami cech współzależnych, a szczególnie liczbą sedymentacji, energią ciasta, rozmiękczeniem ciasta, objętością chleba i liczbą jakości.

LITERATURA

- Axford D. W. E., Mc Dermott E. E., Retman D. G. 1979. Dodecyl-sulfate test of breadmaking quality: Comparison with Pelshenke and Zeleny tests. *Cereal Chem.* 56 (6): 582.
- Banaszak Z. Majchrzycki D. 2006. Pszenica jakościowa — od hodowcy do młynarza. *Przegląd Zbożowo-Młynarski*: 17 — 19.
- Becker W. A. 1984. *Quantitative genetics*. Washington State University Press, Seattle, Wash.
- Bichoński A., Stachowicz M. 1998. Powiązanie białek gliadynowych i gluteninowych z wybranymi cechami technologicznymi rodów i odmian pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 208: 43 — 47.
- Bichoński A. 1995. Ocena wybranych cech technologicznych z kolekcji pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 194: 131 — 138.
- Ceglińska A., Cacak Pietrzak. G., Haber T. 2003. Współzależność pomiędzy cechami jakościowymi rodów pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 230: 65 — 70.
- Cygankiewicz A. 1997. Wartość technologiczna ziarna materiałów hodowlanych pszenicy ozimej i jarej na tle badań własnych i światowych. *Biul. IHAR* 204: 219 — 238.
- Falconer D. S., McKay T. F. C. 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4th. ed. Longman, Essex, England.
- Holland J. B. 2006. Estimating genotyping correlations and their standard errors using multivariate restricted maximum likelihood estimation with SAS Proc. MIXED. *Crop Sci.* 46: 642 — 654.
- International Cereal Chemists — Amylograph ICC Standard 126.
- International Cereal Chemists — Falling Number 1800 Standard Nr. 107., AACC Standard 58–81 B.
- International Cereal Chemists — Farinograph Resistograph ICC Standard Nr. 115., AACC Standard 20–54.

- International Cereal Chemists – Glutomatic system 2200 ICC Standard 137.
- Park S. H., Bean S.R., Chung O. K., Seib P. A. 2006. Levels of protein and protein composition in hard winter flours and relationships to breadmaking. *Cereal Chemistry* vol. 83: 418 — 423.
- Pecina M., Gunjaca J. 2000. Multivariate distance and classification of winter wheat breeding program. 22 Int. Conf. Information Technology Interfaces ITI 2000. Pula, Croatia: 232 — 328
- Searle S. R. 1961. Phenotypic, genotypic and environmental correlations. *Biometrics* 17: 474 — 480.
- Stehno Z., Dvoracek V., Dotlacil L. 2006. Wheat protein fractions to grain quality characters of cultivars in the Czech Republic 2004–2006. CRI. Gene Bank Department. Report: 1 — 3.
- Śmiałowski T., Nita Z., Witkowski E. 2006. Ocena współzależności cech pszenicy ozimej na podstawie analizy ścieżek. *Biul. IHAR* 240/241: 161 — 166.
- Śmiałowski T., Stachowicz M. 2007. Ocena wartości technologicznej nowych rodów pszenicy badanych w doświadczeniach wstępnych w latach 2005-2006. *Biul. IHAR* 245: 57 — 66.
- Węgrzyn. S., Bichoński A. 2001. Zróżnicowanie i genetyczne uwarunkowanie cech wartości technologicznej jęczmienia jarego browarnego. *Biul. IHAR* 220. 153 — 160.
- Węgrzyn S., Wojas T., Śmiałowski T. 2002. Uwarunkowania genetyczne oraz współzależność plonu i wybranych cech użytkowych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) *Biul. IHAR* 223/224: 77 — 88.
- Zych. J. 2006. Wartość technologiczna odmian pszenicy. *Przegląd Zbożowo-Młynarski*: 7 — 12.

TADEUSZ DRZAZGA¹**PAWEŁ KRAJEWSKI**²¹ Hodowla Roślin Rolniczych – Nasiona Kobierzyc² Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Wykorzystanie komponentów wariancyjnych plonu w seriach doświadczeń przedrejestracyjnych z pszenicą ozimą

Utilization of yield variance components in series of pre-registration winter wheat trials

Na podstawie serii doświadczeń przedrejestracyjnych z pszenicą ozimą przeprowadzonych w latach 1991–2007 dokonano oceny genotypowej i środowiskowej zmienności plonu ziarna. Stwierdzono, że ocena wariancji genotypowej była niezależna od wysokości średniego plonowania. Zaobserwowana ujemna zależność wariancji interakcji genotypowo-środowiskowej od średniego plonu serii wskazuje, że niekorzystne warunki obniżające plonowanie w danym sezonie przyczyniły się do wzrostu roli interakcji. Relatywnie niska wartość wariancji genotypowej względem wariancji interakcji ograniczała możliwości prowadzenie skutecznej selekcji genotypów stabilnych o szerokiej adaptacji. Oszacowane wariancje genotypowe, fenotypowe i błędu oraz współczynniki zmienności genotypowej i fenotypowej wykorzystano do oceny przydatności stacji do atestacji materiałów hodowlanych. Uzyskane wyniki mogą być podstawą do zmiany systemu doświadczeń w programie hodowlanym.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, komponenty wariancyjne, plon ziarna, pszenica ozima, szeroka i wąska adaptacja

The genotypic and environmental variation of winter wheat grain yield was assessed on the basis of early and late pre-registration trials conducted in Poland from 1991 to 2007. It was observed that the genotypic variance was not related to the mean yield level. The genotype - by - environment interaction variance was negatively related to the yield, which suggests that significance of the interaction in adverse seasons has increased. The genotypic variance in relation to the interaction variance was low, which means that the possibilities of selection of stable genotypes with broad adaptation were limited. The estimates of variance components and the computed coefficients of variation were used to assess the suitability of the experiment locations. The results can be used to optimize of the series of trials in the breeding programme.

Key words: genotype-environment interaction, variance components, grain yield, winter wheat, broad and narrow adaptation

WSTĘP

Formułowanie założeń hodowlanych wymaga wiedzy o czynnikach środowiskowych limitujących ekspresję fenotypową i o naturze istniejącej interakcji genotypowo-środowiskowej (Chapman i de la Vega, 2002; Roozeboom i in., 2008).

Ocena zmienności genotypowej i powtarzalności (odziedziczalności w szerokim sensie) w różnych środowiskach, zmienności efektów genotypowych w stosunku do zmienności błędu doświadczalnego i efektów interakcji genotypowo-środowiskowej dostarcza informacji o przewidywalnej efektywności selekcji genotypów szeroko lub wąsko zaadaptowanych w oparciu o serie doświadczeń, o różnej alokacji środowisk w rejonie uprawy (Basford i Cooper, 1998; Annicchiarico, 2002; Bertero i in., 2004). Ocena ta może być podstawą do zmiany założeń w danym programie hodowlanym (ustalenie odpowiednich z spośród realnie możliwych, liczby miejscowości i powtórzeń, ich rozmieszczenia w seriach doświadczeń) (Kang i in., 2005). Istotność GE wskazuje, że zachowanie badanych genotypów było niestabilne i z tego powodu komplikuje prace hodowcy (Cooper i in., 2001; Mekbib, 2002; Adugna i Labuschagne, 2003; Roozeboom i in., 2008).

W pracy hodowców roślin występuje problem wyboru optymalnego środowiska dla selekcji genotypów pod względem poziomu plonowania, zwłaszcza w początkowych etapach pracy selekcyjnej. Optymalne środowisko to takie, które maksymalizuje skuteczność i efektywność programu hodowlanego w dłuższym okresie czasowym. W kontekście optymalnego środowiska dla selekcji powinno się rozważyć trzy strategie. Według pierwszej z nich optymalne środowisko maksymalizuje zmienność genetyczną oraz wytycza cel selekcji (Ceccerelli i in., 1998). Druga strategia ujmuje jako optymalne takie środowisko, które jest reprezentatywne dla określonej puli środowisk (Blum, 1988). W przypadku kiedy program hodowlany obejmuje bardzo duże zróżnicowanie środowisk i występuje wysoka interakcja GE, to powinno się iść w kierunku specyficznej adaptacji. Trzecia strategia dotyczy alternatywnego wykorzystania optymalnych lub stresowych warunków do selekcji genotypów o dobrym plonowaniu dla obu rodzaju środowisk (Calhoun i in., 1994).

Ocenę znaczenia zmienności związanej z efektami genotypowymi G, środowiskowymi E, interakcją GE i z błędem doświadczenia należy rozpocząć już na podstawie serii doświadczeń przedrejstrowych, procedura tej oceny powinna być częścią programu hodowlanego (Cooper i in., 2001). W tym celu przeprowadzono ocenę komponentów wariancyjnych dla plonu ziarna na podstawie różnych serii doświadczeń przedrejstrowych z pszenicą ozimą, obejmujących okres 1991–2007. Oszacowano wariacje genotypowe i fenotypowe, współczynniki zmienności genotypowej i fenotypowej oddzielnie dla każdej miejscowości oraz łącznie, na podstawie serii doświadczeń w jednym roku i w wielu latach. Celem pracy była analiza czynników warunkujących zdolność atestacyjną poszczególnych środowisk oraz przydatności serii doświadczalnictwa przedrejstrowego do oceny plonowania nowych rodów w ramach programu hodowlanego.

MATERIAŁ I METODY

W przedstawionych badaniach wzięto pod uwagę serie doświadczeń przedrejestrowych (wstępnych i przedwstępnych) z rodami pszenicy ozimej, pochodzącymi z różnych ośrodków hodowlanych w Polsce. Doświadczenia te przeprowadzono w latach 1991–2007. Liczba rodów badanych w poszczególnych latach była różna, od 47 do 86; liczba miejscowości w latach zmieniała się od 7 do 14 (rys. 1). Pojedyncze doświadczenia były zakładane w układzie bloków niekompletnych w 3 lub 4 powtórzeniach.



Rys. 1. Miejscowości w seriach doświadczeń przedrejestrowych, wstępnych z rodami pszenicy ozimej latach 1991–2007

Fig. 1. Locations used in pre-registration regional yield trials for winter wheat breeding lines conducted in 1991–2007

Obserwacje z każdego doświadczenia, o numerze j w ramach serii jednorocznej, analizowano najpierw oddzielnie za pomocą modelu mieszanego uwzględniającego losowe efekty genotypów. Oszacowano wariancję genotypową w doświadczeniu $\hat{\sigma}_{g(j)}^2$, wariancję błędów $\hat{\sigma}_{e(j)}^2$, wariancję fenotypową $\hat{\sigma}_{p(j)}^2 = \hat{\sigma}_{g(j)}^2 + \hat{\sigma}_{e(j)}^2 / n$, gdzie n oznacza liczbę powtórzeń oraz współczynnik powtarzalności (odziedziczalności w szerokim sensie) $h_{(j)}^2 = \hat{\sigma}_{g(j)}^2 / \hat{\sigma}_{p(j)}^2$. Ponadto obliczono współczynnik zmienności fenotypowej CVP_j i genotypowej CVG_j. Następnie analizowano w całości każdą jednoroczną serię doświadczeń, uwzględniając dodatkowo w modelu losowy efekt interakcji genotypu i

miejscowości. Pozwoliło to na ocenę, dla każdej z serii, wariancji genotypowej $\hat{\sigma}_g^2$, wariancji interakcji genotypowo-środowiskowej $\hat{\sigma}_{ge}^2$, wariancji błędu $\hat{\sigma}_e^2$, wariancji fenotypowej $\hat{\sigma}_p^2 = \hat{\sigma}_g^2 + \hat{\sigma}_{ge}^2 / J + \hat{\sigma}_e^2 / (nJ)$, gdzie J oznacza liczbę doświadczeń w serii, współczynnika powtarzalności $h_{(J)}^2 = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_p^2$, oraz współczynnika zmienności fenotypowej CVP i genotypowej CVG . Współczynnik powtarzalności h^2 określa udział wariancji genotypowej w całkowitej wariancji średnich fenotypowych dla genotypów, obliczonych na podstawie danych z J miejscowości i n powtórzeń. Jest on miarą szansy powtórzenia tej samej różnicy średnich fenotypowych dla dowolnej pary genotypów w innych seriach doświadczeń przy tych samych liczebnościach J oraz n (Chapman i de la Vega, 2002; Mądry i in., 2006).

OMÓWIENIE WYNIKÓW I DYSKUSJA

W analizowanym okresie 1991–2007 dla serii doświadczeń wstępnych najwyższe plonowanie rodów pszenicy ozimej uzyskano w 2004 roku (ponad 100 q/ha), a najniższe w 1997 (68 q/ha) (tab. 2). Ocena wariancji genotypowej ($\hat{\sigma}_g^2$) była niezależna od wysokości średniego plonowania w poszczególnych latach (tab. 1). Ujemny związek ze średnim plonem serii stwierdzono dla współczynnika zmienności fenotypowej (CVP) oraz genotypowej (CVG). Ujemna korelacja świadczy, że wraz z obniżeniem plonów obserwujemy wzrost zmienności fenotypowej i genotypowej badanych rodów. W badanym okresie wzrost obu zmienności nie wpływał na wartość współczynnika powtarzalności h^2 . W badaniach Brauna i wsp. (1992) wysokość współczynnika h^2 była wyższa w środowiskach sprzyjających plonowaniu.

Tabela 1

Korelacje średniej plonu serii z analizowanymi parametrami w doświadczeniach wstępnych
Correlations between mean grain yield and analyzed parameters in series of late stage pre-registration trials

Parametry Parameters	Współczynnik korelacji pomiędzy plonem ziarna a parametrami Coefficients of correlation among grain yield and parameters
h^2	-0,21
CVP	-0,67*
CVG	-0,67*
$\hat{\sigma}_g^2$	-0,37
$\hat{\sigma}_{ge}^2$	-0,53*
$\hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_{ge}^2$	0,18
$\hat{\sigma}_e^2$	0,32
$\hat{\sigma}_p^2$	-0,36

*Istotne przy poziomie $\alpha = 0,05$

*Significant at the level $\alpha = 0.05$

Ujemna zależność wariancji interakcji genotypowo-środowiskowej z średnią plonu serii wskazuje, że niekorzystne warunki obniżające plonowanie w danym sezonie przyczyniły się do wzrostu roli interakcji GE. Najwyższą ocenę wariancji $\hat{\sigma}_{ge}^2$ otrzymano dla serii z

roku 2006. Świadczy to o relatywnie dużym zróżnicowaniu rodzaju (kształtu krzywej) reakcji plonu rodów w poszczególnych miejscowościach w tym sezonie. Dla serii z 2003 roku, wysoka wariancja interakcji genotypowo-środowiskowej była połączona z dużą zmiennością fenotypową i genotypową testowanych rodów. W takiej sytuacji możliwość efektywnego wykorzystania pozyskanych informacji w pracy selekcyjnej została obniżona. Świadczą o tym niskie wartości współczynników odziedziczalności w szerokim sensie. Te możliwości hodowcy mieli na podstawie otrzymanych wyników w sezonie 1996/1997. W tym sezonie wystąpiło najwyższe zróżnicowanie fenotypowe badanych rodów ściśle uwarunkowana efektami genetycznymi. To zadecydowało o powstaniu wyjątkowej podstawy dla przeprowadzenia skutecznej selekcji wśród badanych rodów w kierunku form stabilnych i o szerokiej adaptacji.

Tabela 2

Oceny komponentów wariancyjnych oraz współczynników zmienności fenotypowej, genotypowej i powtarzalności w seriach doświadczenia wstępnego
Estimated variance components, coefficients of phenotypic and genotypic variability, and repeatability in series of late stage pre-registration trials

Parametry Parameters Seria Trials	Plon ziarna Grain yield dt/ha	Współczyn- nik powtarzal- ności Coefficient of repeatability (h^2)	Współczyn- nik zmienności fenotypowej Coefficient of phenotypic variability CVP	Współczyn- nik zmienności genotypowej Coefficient of genotypic variability CVG	Wariancja genoty- powa Genotypic variance $\hat{\sigma}_g^2$	Wariancja interakcji GE interac- tion variance $\hat{\sigma}_{ge}^2$	g/ge	Wariancja błędu doświad- czalnego Error variance $\hat{\sigma}_e^2$	Wariancja fenoty- powa Phenotypic variance $\hat{\sigma}_p^2$
wstępne_2006_S1	71,1	67,7	6,4	5,3	14,1	42,2	0,3	19,3	20,8
wstępne_2005_S1	96,1	68,1	3,0	2,5	5,8	13,5	0,4	21,6	8,5
wstępne_2006_S2	77,6	69,3	5,2	4,3	11,1	29,8	0,4	18,7	16,0
wstępne_2002	78,4	69,4	3,8	3,2	6,2	16,0	0,4	17,4	8,9
wstępne_2004_S1	100,6	72,0	3,6	3,0	9,2	15,9	0,6	28,0	12,8
wstępne_2007_S2	80,7	72,1	4,1	3,5	8,0	17,3	0,5	17,8	11,1
wstępne_2005_S2	95,8	75,4	3,7	3,2	9,6	15,0	0,6	27,8	12,7
wstępne_2000.	88,7	76,4	3,9	3,4	8,9	13,1	0,7	24,9	11,7
wstępne_2007_S1	81,1	76,6	4,6	4,0	10,6	18,0	0,6	19,3	13,9
wstępne_2003	73,1	76,6	6,8	5,9	18,7	38,8	0,5	20,1	24,3
wstępne_1992	80,0	80,0	3,2	2,9	5,3	13,8	0,4	18,6	6,6
wstępne_1998	79,3	80,6	3,5	3,1	6,1	15,0	0,4	22,8	7,6
wstępne_1991	80,7	81,4	4,2	3,8	9,5	24,0	0,4	24,9	11,6
wstępne_1996	79,9	82,1	4,3	3,9	9,5	23,8	0,4	20,7	11,5
wstępne_2004_S2	100,9	82,3	4,1	3,7	13,9	14,3	1,0	19,7	16,9
wstępne_1993	80,2	82,7	4,3	3,9	9,7	20,9	0,5	30,2	11,7
wstępne_2001	78,4	84,4	5,6	5,1	16,1	16,5	1,0	21,7	19,0
wstępne_1999	71,2	85,3	4,7	4,4	9,6	12,1	0,8	24,4	11,3
wstępne_1994	86,3	85,9	3,9	3,7	9,9	16,9	0,6	23,5	11,6
wstępne_1995	85,2	88,7	4,2	4,0	11,4	15,0	0,8	21,3	12,8
wstępne_1997	68,3	91,0	7,3	7,0	22,6	25,6	0,9	22,4	24,8

wstępne — pre-registration

Podstawy do efektywnej selekcji mogą być też przy nie najwyższym zróżnicowaniu fenotypowym, jeżeli wystąpił mały udział interakcji GE w uwarunkowaniu tej zmienności (2004-seria 2, 1995). Szanse skuteczności określonego kierunku hodowli zależą od

istotności interakcji GE która ogranicza wykorzystanie oceny efektu głównego plonu w rejonie uprawy (Kang i in., 2005). Według Annicchiarico (2002), jeżeli stosunek $\hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_{ge}^2$ jest mniejszy od 0,9 to prowadzenie hodowli w kierunku form stabilnych i o szerokiej adaptacji jest nieskuteczne. Przy takim układzie w analizowanym okresie, wybór form stabilnych był utrudniony. Korzystne uwarunkowania do prowadzenia selekcji w tym kierunku stwierdzono dla 3 serii (1997, 2001, 2004 – S2) na 21 analizowanych. Jest to efekt istotności interakcji GE i w takiej sytuacji powinno się dążyć do poprawy tego programu testowania rodów (Bertero i in., 2004; Kang i in., 2005). Wielkość $\hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_{ge}^2$ odzwierciedla zróżnicowanie środowisk (Braun i in., 1992).

Oceniając przydatność atestacyjną punktów doświadczalnych, najwyższe wartości CVP i CVG otrzymano dla środowisk mniej urodzajnych (DAD, OLH), najniższe dla urodzajnych (DED, KOC) (tab. 3).

Tabela 3

Oceny komponentów wariancyjnych oraz współczynników zmienności fenotypowej, genotypowej i powtarzalności dla stacji w seriach doświadczeń wstępnych
Estimated variance components, coefficients of phenotypic and genotypic variability, and repeatability for individual locations used in series of late stage pre-registration trials

Parametry Parameters Stacja Station	Plon ziarna Grain yield (dt/ha)	Współczynnik powtarzalności Coefficient of repeatability (h^2)	Współczynnik zmienności fenotypowej Coefficient of phenotypic variability CVP	Współczynnik zmienności genotypowej Coefficient of genotypic variability CVG	Wariancja genotypowa Genotypic variance $\hat{\sigma}_g^2$	Wariancja błędu doświadczalnego Error variance $\hat{\sigma}_e^2$	Wariancja fenotypowa Phenotypic variance $\hat{\sigma}_p^2$
SOD	79	70,5	6,7	5,9	21,7	27,8	28,7
POB	84	71,8	8,6	7,8	42,8	35,1	52,2
OZH	74	75	7,8	6,9	25,9	29,5	33,3
NAD	78	75,2	7,6	6,7	27,4	31,4	35,8
SZD	78	79,8	6,6	5,9	20,9	17,9	25,9
STH	81	79,9	7,3	6,7	29,4	22,1	35,3
KOC	90	80,9	6,5	5,8	28,8	20,9	34,5
DED	91	81,9	6,1	5,7	26,4	17,3	31
SMH	88	83,5	6,5	6	27,3	17,9	32,1
ULC	79	83,5	8,5	7,8	39,8	26,4	46,4
BOA	83	84,7	7,4	6,9	33,4	16,1	37,4
OLH	62	85	8,9	8,3	26,6	14,5	30,3
DAD	67	86	9,1	8,5	32,4	18,3	37,1
KOH	86	86,8	7,2	6,8	34,4	18,5	39
MIB	85	90,2	7	6,7	31,7	12,1	34,8

W warunkach wysokiego plonowania jest możliwe skuteczniejsze zminimalizowanie znaczenia zmienności losowej, lepsza ekspresja różnic genetycznych i wyższa odziedziczalność niż w warunkach stresowych (Roy i Murty, 1970; Braun i in., 1992). Wtedy odziedziczalność plonu pokazuje trend obniżający od korzystnych do niekorzystnych środowisk (Annicchiarico i Pecetti, 1998). W badaniach Ceccarelliego i wsp. (1998) wykazano, że selekcja w warunkach korzystnych prowadzi do straty specyficznej adaptacji do warunków stresowych, podczas gdy selekcja dla wysokiego plonowania w warunkach stresowych nie musi koniecznie prowadzić do straty potencjału plonowania. Wysoką zmienność badanych rodów obserwowano w warunkach POB przy

najwyższej $\hat{\sigma}_g^2$, ale i przy największej wariancji błędu losowego. Stąd wynika niska wartość współczynnika powtarzalności h^2 , czyli obniżona przydatność atestacyjna tej miejscowości. Jeszcze większe znaczenie wariancji losowej w zróżnicowaniu badanych obiektów wystąpiło w warunkach NAD, gdzie wartość $\hat{\sigma}_e^2$ jest większa od $\hat{\sigma}_g^2$. Przy takim układzie tych wartości dokonywanie selekcji jest po prostu błędem. W trakcie reorganizacji układu doświadczenia wstępnego pod koniec lat dziewięćdziesiątych, niektóre miejscowości które wносиły dużo informacji do końcowej oceny plonowania rodów zostały wyłączone z serii. Było to podyktowane względami ekonomicznymi (Węgrzyn, 1999).

W serii doświadczeń przedwstępnych współczynnik powtarzalności był dodatnio skorelowany z średnim plonowaniem z analizowanych serii (tab. 4). W przypadku tych serii, efektywność selekcji wzrastała z poziomem plonowania. Współczynnik h^2 definio- wany jako udział różnic genetycznych w obserwowanej wariancji fenotypowej, jest również parametrem precyzji serii doświadczeń (Utz i Laidig, 1989). Im większa jest precyzja (ściśłość) serii doświadczeń, tym bardziej jest możliwa realizacja założonego kierunku hodowlanego czyli efektywniejszy wybór rodów. W przypadku niskiej wartości współczynnika powtarzalności, konieczne są poczynania w kierunku jego podwyższenia poprzez zwiększenie liczby powtórzeń, lokalizacji i lat. Najniższe wartości h^2 otrzymano dla serii z roku 2006, 2000 i 2002, co jest efektem relatywnie bardzo niskiej wartości $\hat{\sigma}_g^2$ względem $\hat{\sigma}_{ge}^2$ (tab. 5). W warunkach tych lat selekcja była mało efektywna, podobnie jak selekcja w oparciu o doświadczenia wstępne.

Tabela 4

Korelacje średniej plonu serii z analizowanymi parametrami w doświadczeniach przedwstępnych
Correlations between mean grain yield and analyzed parameters in series of early stage
pre-registration trials

Parametry Parameters	Współczynnik korelacji pomiędzy plonem ziarna a parametrami Coefficients of correlation among grain yield and parameters
h^2	0,52*
CVP	-0,39
CVG	-0,20
$\hat{\sigma}_g^2$	0,17
$\hat{\sigma}_{ge}^2$	0,57*
$\hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_{ge}^2$	0,46*
$\hat{\sigma}_e^2$	0,03
$\hat{\sigma}_p^2$	0,05

* Istotne przy poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at the level $\alpha = 0.05$

Bardzo istotną sprawą dla hodowcy w analizowanej serii doświadczeń przedwstępnych jest słaby związek zmienności genetycznej z $\hat{\sigma}_{ge}^2$ (nieistotny, $r = 0,40$). Pozwala to wnioskować, że w niektórych latach była możliwa efektywna selekcja w kierunku form stabilnych i o szerokiej adaptacji. W analizowanym okresie możliwości przeprowadzenia efektywnej selekcji dotyczą 9 na 22 analizowanych serii ($\hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_{ge}^2$ — co najmniej 0,9). Można powiedzieć, że układ doświadczeń jest dość przydatny w pracy hodowlanej i

charakteryzuje się o wiele lepszą efektywnością w porównaniu do doświadczenia wstępnego.

Tabela 5

Oceny komponentów wariancyjnych oraz współczynników zmienności fenotypowej, genotypowej i powtarzalności w seriach doświadczeń przedwstępnych
Estimated variance components, coefficients of phenotypic and genotypic variability, and repeatability in series of early stage pre-registration trials

Parametry Parameters Seria Trials	Plon ziarna Grain yield (dt/ha)	Współczynnik powtarzalności Coefficient of repeatability h^2	Współczynnik zmienności fenotypowej Coefficient of phenotypic variability CVP	Współczynnik zmienności genotypowej Coefficient of genotypic variability CVG	Wariancja genotypowa Genotypic variance $\hat{\sigma}_g^2$	Wariancja interakcji GE GE interaction variance $\hat{\sigma}_{ge}^2$	g/ge	Wariancja błędu doświadczal- nego Error variance $\hat{\sigma}_e^2$	Wariancja fenotypowa Phenotypic variance $\hat{\sigma}_p^2$
2006_pw1	69,9	50,1	6,2	4,4	9,5	41,9	0,2	22,7	19
2002_pw3	77,5	57,2	3,9	2,9	5,2	21,6	0,2	16,7	9,1
2000_pw2	87,2	57,4	3,3	2,5	4,6	17,1	0,3	27,9	8,1
2006_pw3	65,2	61,7	7,3	5,7	13,8	36,2	0,4	26,4	22,3
2006_pw2	65,3	62,7	6,9	5,5	12,8	34,2	0,4	15,6	20,4
2002_pw2	79,2	64,3	4,4	3,5	7,8	23,2	0,3	21,2	12,1
2007_pw2	84,6	66,5	4,8	3,9	11	24,3	0,5	35,3	16,5
2007_pw3	83,5	70,2	4,5	3,8	10,1	18,4	0,5	25,5	14,3
2007_pw1	84,7	70,4	4,4	3,7	10	18,3	0,5	27,4	14,1
2000_pw1	91,5	73,8	4,4	3,8	11,8	24,2	0,5	20,6	16
2005_pw2	90,9	76,9	4,1	3,6	10,5	12,6	0,8	25,5	13,6
2005_pw1	90,6	78,8	4,3	3,9	12,2	14,7	0,8	19,8	15,4
2004_pw1	97,8	80,4	4,8	4,3	17,8	17,7	1	24,8	22,1
2002_pw1	79,7	80,9	5,1	4,6	13,3	16,4	0,8	16,6	16,4
2003_pw2	77	82	9,5	8,6	44,1	48,2	0,9	29,4	53,7
2003_pw1	80,4	82,2	7,8	7,1	32,5	33,4	1	35,5	39,5
2003_pw3	80,4	82,2	7,8	7,1	32,5	33,4	1	35,5	39,5
2005_pw3	91,4	83,8	4,9	4,5	17,1	14,2	1,2	22,8	20,4
2001_pw1	78,4	84,9	5,3	4,9	14,6	12,3	1,2	23,6	17,2
2004_pw2	96,2	87,2	6,9	6,5	38,7	25,7	1,5	25,3	44,4
2001_pw2	78,8	89,1	6,2	5,9	21,3	11,1	1,9	28,3	23,9
2004_pw3	97,1	89,4	6,1	5,7	31	15,7	2	19,1	34,7

Podobnie jak w seriach doświadczeń wstępnych, największe zróżnicowanie fenotypowe i genotypowe badanych obiektów obserwujemy w warunkach POB, przy najwyższej wariancji $\hat{\sigma}_g^2$ i największej wariancji błędu losowego, stąd wynika niska wartość h^2 (tab. 6). Wpływ czynnika losowego na zmienność fenotypową widoczna jest również w środowisku NAD w postaci różnicy między CVP a CVG. Im większa ta różnica, tym większy jest udział $\hat{\sigma}_e^2$ w zmienności fenotypowej testowanych rodów. Jeżeli $\hat{\sigma}_e^2$ jest większa od $\hat{\sigma}_g^2$, tego rodzaju sytuacja powinna być podstawą wykluczenia tej miejscowości z układu doświadczalnego. Duża precyzja zakładania doświadczeń (niskie $\hat{\sigma}_e^2$) mimo niskiej wariancji genetycznej, może być podstawą otrzymania wysokiej wartości współczynnika powtarzalności i umożliwiać przeprowadzenie efektywnej selekcji (DED, LAD).

Tabela 6

Oceny komponentów wariacyjnych oraz współczynników zmienności fenotypowej, genotypowej i powtarzalności dla stacji w seriach doświadczenia przedwstępnego
Estimated variance components, coefficients of phenotypic and genotypic variability, and repeatability for individual locations used in series of early stage pre-registration trials

Parametry Parameters Stacja Station	Plon ziarna Grain field (dt/ha)	Współczynnik powtarzalności Coefficient of repeatability h^2	Współczynnik zmienności fenotypowej Coefficient of phenotypic variability CVP	Współczynnik zmienności genotypowej Coefficient of genotypic variability CVG	Wariancja genotypowa Genotypic variance $\hat{\sigma}_g^2$	Wariancja błędu doświadczalnego Error variance $\hat{\sigma}_e^2$	Wariancja fenotypowa Phenotypic variance $\hat{\sigma}_p^2$
NAD	75,5	73,4	8,1	6,9	27,7	34,8	37,7
POB	81,7	79,6	10,7	9,8	74,3	35,2	84,1
SZD	76,1	82,5	7,3	6,7	28,8	18,1	33,8
MOB	95,6	85,2	8,0	7,4	56,5	29,3	64,9
MIB	82,7	85,6	9,1	8,5	59,5	23,0	66,0
KOC	90,4	86,1	7,3	6,8	38,0	20,2	43,6
LAD	89,6	86,6	6,8	6,3	31,8	17,8	37,1
DED	85,4	87,2	5,8	5,4	20,7	10,1	23,6

WNIOSKI

1. W doświadczeniach wstępnych wzrost zróżnicowania badanych rodów następował wraz obniżeniem średniego plonu danej serii i nie przyczyniał się do zwiększenia efektywności selekcji.
2. Ujemna zależność wariancji interakcji genotypowo-środowiskowej z średnią plonu w seriach doświadczeń przedrejestrówy wskazuje, że niekorzystne warunki obniżające plonowanie w danym sezonie przyczyniały się do wzrostu roli interakcji GE.
3. Relatywnie niska wartość wariancji genotypowej względem wariancji interakcji GE w analizowanych seriach doświadczeń wstępnych ogranicza możliwości prowadzenie skutecznej selekcji genotypów stabilnych i o szerokiej adaptacji.
4. Jednym z podstawowych czynników decydujących o przydatności atestacyjnej środowisk w analizowanych seriach doświadczeń jest relatywny udział zmienności losowej w uwarunkowaniu zmienności plonu badanych rodów pszenicy ozimej. Przy poprawnej metodyce zakładania doświadczeń można uzyskać wysokie możliwości selekcyjne nie tylko w miejscowościach o wyższym plonowaniu ale i o niższym plonowaniu (DAD, OLH).

LITERATURA

- Adugna W., Labuschagne M.T. 2003. Parametric and nonparametric measures of phenotypic stability in linseed (*Linum usitatissimum* L.). *Euphytica*. 129: 211 — 218.
- Annicchiarico P. Pecetti L. 1998. Yield vs. morphophysiological trait-based criteria for selection of durum wheat in a semi-arid Mediterranean region (northern Syria). *Field Crops Research* 59: 163 — 173.
- Annicchiarico P. 2002. Defining adaptation strategies and yield-stability targets in breeding programmes. *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*. 365 — 383.
- Basford H.E., Cooper M. 1998. Genotype × environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. *Aust. J. Agric. Res.* 49: 153 — 174.

- Bertero H. D., de la Vega A. J., Correa G., Jacobsen S. E., Mujica A. 2004. Genotype and genotype-by-environment interaction effects for grain yield and grain size of guinoa (*Chenopodium guinoa* Willd.) as revealed by pattern analysis of international multi-environment trials. *Field Crops Res.* 89: 299 — 318.
- Blum A. 1988. Plant breeding for stress environments. CRC Press, Boca Roton, Florida.
- Braun H. J., Pfeiffer W. H., Pollmer W. G. 1992. Environments for selecting widely adapted spring wheat. *Crop Sci.* 32: 1420 — 1427.
- Calhoun D. S., Gebeyehu G., Miranda A., Rajaram S., van Ginkel M. 1994. Choosing evaluation environments to increase wheat grain yield under drought conditions. *Crop Science* 34: 673 — 678.
- Ceccarelli S., Grando S., Impiglia A. 1998. Choise of selection strategy in breeding barley for stress environments. *Euphytica*. 103: 307 — 318.
- Chapman S. C., de la Vega A. J. 2002. Spatial and seasonal effects confounding interpretation of sunflower yields in Argentina. *Field Crops Research* 73: 107 — 120.
- Cooper M., Woodruff D. R., Phillips I. G., Basford K. E., Gilmour A. R. 2001. Genotype-by-management interactions for grain yield and grain protein concentration of wheat. *Field Crops Research* 69: 47 — 67.
- Kang M. S., Aggarwal V. D., Chirwa R. M. 2005. Adaptability and stability of bean cultivars as determined via yield-stability statistic and GGE biplot analysis. *J. Crop Impr.* No. 1. 15: 97 — 120.
- 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 — 32.
- Mekbib F. 2002. Simultaneous selection for high yield and stability in common bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. *J. Agri. Sci.* 138: 249 — 253.
- Roozeboom K. L., Schapaugh W. T., Tuinstra M. R., Vanderlip R. L., Milliken G. A. 2008. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects and grouping test locations. *Crop Science*. 48: 317 — 330.
- Roy N. N., Murty O. R. 1970. A selection procedure in wheat for stress environment. *Euphytica* 19: 509 — 521.
- Utz H. F., Laidig F. 1989. Genetic and environmental variability of yields in the official FRG variety performance tests. *Biuletyn Oceny Odmian. Zeszyt* 21 — 22: 75 — 85.
- Węgrzyn S., 1999. Wybór miejscowości do oceny plonowania rodów pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 211: 5 — 12.

WŁADYSŁAW KADŁUBIEC¹**RAFAŁ KURIATA**¹**JAROSŁAW BOJARCZUK**²¹ Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa Uniwersytetu Przyrodniczego we Wrocławiu² Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR

Ocena zmienności i współzależności cech rodów pszenicy ozimej twardej Komunikat

Estimation of variability and interrelationships among various traits in durum wheat lines

Short communication

Doświadczenie z 17 rodami pszenicy ozimej twardej i 3 odmianami pszenicy ozimej zwyczajnej założono metodą losowanych bloków w dwóch powtórzeniach, czterech miejscowościach w 2005 roku. Wykonano następujące oznaczenia i pomiary: zawartość białka w ziarnie, szklistość ziarna, zawartość popiołu w ziarnie, liczba opadania, zawartość β -karotenu w ziarnie oraz plon ziarna z poletka. Stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych form pod względem wszystkich cech. Badane rody pszenicy twardej przewyższały odmiany wzorcowe pod względem zawartości białka, β -karotenu, popiołu w ziarnie oraz szklistości ziarna. Rody *durum* plonowały istotniej niżej, a pod względem liczby opadania dorównywały odmianom pszenicy zwyczajnej. Stwierdzono ujemne istotne współczynniki korelacji między plonem a pozostałymi cechami. Zwiększenie plonowania rodów prawdopodobnie spowoduje obniżenie jakości ziarna co nie jest dobrą prognozą dla realizowania programów hodowlanych. Wykonana analiza ścieżek potwierdza bezpośredni istotny, ujemny związek między plonem a cechami jakościowymi ziarna z wyjątkiem zawartości białka w ziarnie.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek, analiza wariancji, korelacja prosta, cechy jakościowe, plon ziarna, *Triticum durum*

The experiments with 17 breeding lines of durum wheat and three cultivars of winter wheat were carried out using randomised complete block design in four locations in 2005. Six traits were investigated: grain vitreosity, total protein content, ash of flour, falling number, β -carotene content and grain yield. The analysis of variance revealed differences between all the experimental objects for all the traits. The breeding lines, compared to the cultivars, achieved higher values of grain vitreosity, total protein, ash of flour and β -carotene content, but there was no difference in falling number. The *t* cultivars produced higher yield than breeding lines. A correlation analysis showed significant negative dependencies between grain yield and all quality traits. It can be assumed that increase in yielding may result in decreasing grain quality. Path analysis confirmed the negative, direct and significant relations between grain yield and all the quality traits except total protein content.

Key words: path analysis, variance analysis, correlation, quality traits, grain yield, *Triticum durum*

WSTĘP

W ostatnich latach uprawa pszenicy twardej rozszerzyła swój zasięg i przesunęła się na północ. Jest to efekt intensywnych prac hodowlanych nad nowymi odmianami w Austrii, Niemczech i Francji. Przesuwanie się rejonów upraw na północ wiąże się z zainteresowaniem różnych ośrodków hodowlanych dostosowaniem tego gatunku do wysokiego i stabilnego plonowania przy zachowaniu dobrych parametrów technologicznych ziarna. (Zalewski, Bojarczuk, 2004). Wprowadzenie do *Triticum durum* genów karłowatości, poprawa jakości i plenności, pozwoliły na rozszerzenie upraw w północnych rejonach Włoch i Francji. W Polsce już po I wojnie światowej zapoczątkowano prace nad pszenicą jarą twardą, które zakończyły się sukcesem (odmiana Puławska Twarda). Pod koniec lat pięćdziesiątych wyhodowano odmianę Hela, ale ze względu na niską plenność w porównaniu z pszenicą zwyczajną wycofano ją z uprawy. W połowie lat sześćdziesiątych w Akademii Rolniczej w Lublinie rozpoczęto prace mające na celu dobór materiału wyjściowego dla krajowych programów hodowlanych (Szwed-Urbaś., Segit, 1996).

Od wielu lat odnotowuje się systematyczny wzrost spożycia makaronów, pomimo iż nie są one podobnie jak inne produkty zbożowe bogate w białko. Wyroby makaronowe zawierają około: 10–12% wody, 12–13% białka, do 3% tłuszczu, 72% węglowodanów – głównie skrobi, oraz 1% składników mineralnych (Rachoń, 2001). Pszenica twarda zastosowana jako dodatek do pszenicy zwyczajnej może podnieść niektóre parametry pieczywa (Rachoń, Kulpa, 2004).

W Hodowli Roślin Smolice Sp. z o.o Grupa IHAR podjęto próbę wyprowadzenia rodów pszenicy ozimej twardej. Celem pracy była ocena 17 rodów pszenicy ozimej twardej i porównanie ich z trzema dobrymi jakościowo odmianami pszenicy zwyczajnej.

MATERIAŁ I METODY BADAŃ

Materiał badawczy stanowiło 17 rodów pszenicy ozimej twardej (SMH 6, SMH 7, SMH 8, SMH 9, SMH 44, SMH 45, SMH 46, SMH 47, SMH 48, SMH 21, SMH 26, SMH 49, SMH 36, SMH 50, SMH 52, SMH 53, SMH 54 oraz 3 odmiany pszenicy zwyczajnej (Finezja, Kobra, Tonacja). Finezja zaliczana jest do odmian jakościowych (grupa A) o średniej wysokości roślin, dość małej masie 1000 ziaren, ale o dużej liczbie opadania i wysokiej zawartości białka w ziarnie. Kobra jest odmianą chlebową (grupa B) o niskiej wysokości roślin, średniej masie 1000 ziaren. Posiada bardzo dużą liczbę opadania i średnią zawartość białka w ziarnie. Tonacja jest również odmianą chlebową (grupa B) o średniej wysokości roślin, dużej masie 1000 ziaren, średniej zawartości białka w ziarnie i dużej liczbie opadania. Doświadczenie polowe założono w czterech miejscowościach: Grodkowice, Pągów, Radzików i Walewice metodą losowanych bloków w 2 powtórzeniach. Wykonano następujące oznaczenia i pomiary: zawartość białka w ziarnie, szklistość ziarna, zawartość popiołu w ziarnie, liczba opadania, zawartość β -karotenu w ziarnie oraz plon ziarna z poletka. Do oceny zmienności badanych form wykonano

dwuczynnikową analizę wariancji. Ocenę współzależności badanych cech dokonano wykorzystując korelację prostą Pearsona, a następnie, aby określić wpływ bezpośredni poszczególnych cech na plon zastosowano analizę ścieżek (Williams i in., 1990).

WYNIKI BADAŃ

Przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotność różnic między punktami doświadczalnymi i obiektami pod względem badanych cech. Istotną interakcję między miejscowościami i obiektami stwierdzono dla zawartości popiołu, liczby opadania oraz plonu ziarna (tab. 1), co wskazuje na niestabilność tych cech i utrudnia prowadzenie skutecznej selekcji. Stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych cech w miejscowościach (tab. 2). Najwyższy plon ziarna uzyskano w Pągowie, przy czym wartości pozostałych cech np. zawartość β -karotenu, popiołu, białka kształtowała się przeciętnym poziomem, natomiast liczbę opadania cechowała najniższa wartość (tab. 2).

Tabela 1

Średnie kwadraty badanych cech
Mean squares of the investigated traits

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares					
		szklistość grain vitreosity	białko total protein	popiół ash of flour	liczba opadania falling number	β -karoten β -carotene	plon yield
Miejscowości (L) Locations	3	11998,3*	31,01*	0,17*	213824,0*	0,80*	105,66*
Powtórzenia Replicates	2	17056,9	18,83	0,06	9812,55	0,07	0,54
Obiekty (O) Objects	19	2281,8*	6,71*	0,54*	12641,5*	0,54*	8,09*
Interakcja L $\times$ O Interaction L $\times$ O	57	130,0	0,50	0,02*	7589,8*	0,02	0,39*
Reszta Residual	79	361,3	0,44	0,01	2671,8	0,02	0,09

Tabela 2

Średnie wartości badanych cech w miejscowościach
Mean value of the investigated traits in locations

Miejscowość Location	Cecha — Trait					
	szklistość grain vitreosity	białko total protein	popiół ash of flour	liczba opadania falling number	β -karoten β -carotene	plon yield
Grodkowice	29,30	13,24	1,81	201,13	1,99	6,63
Pągów	41,95	12,70	1,76	178,10	1,72	9,49
Radzików	63,25	14,55	1,82	287,33	1,68	7,26
Walewice	65,20	12,66	1,68	334,18	1,74	5,67
NIR _{0,05}	8,46	0,29	0,05	23,00	0,06	0,13
LSD _{0,05}						

Badane rody pszenicy twardej w większości przypadków dla cech decydujących o wartości technologicznej miały średnie lepsze od odmian kontrolnych. Wśród badanych rodów 10 charakteryzowało się większą szklistością niż najlepsza pod tym

względem odmiana wzorcowa Tonacja, pozostałe rody posiadały ten parametr na poziomie wzorców. Zawartość białka w ziarnie 11 form *durum* była istotnie większa od zawartości białka w ziarnie odmian pszenicy zwyczajnej (wzorcy), co jest cechą charakterystyczną tych form (Szwed-Urbaś, 1990). Zawartość popiołu u wszystkich badanych rodów była większa niż w odmianach pszenicy zwyczajnej. Dziewięć spośród badanych rodów charakteryzowało się liczbą opadania na poziomie odmian wzorcowych pozostałe rody miały niższe wartości liczby opadania. Istotnie większą zawartością β -karotenu w ziarnie niż odmiany wzorcowe charakteryzowało się 8 rodów pszenicy *durum*. Wielkość plonu 17 badanych rodów pszenicy ozimej twardej jest zdecydowanie niższa od odmian wzorcowych (tab. 3).

Tabela 3

Średnie wartości badanych cech dla rodów pszenicy ozimej twardej i odmian pszenicy zwyczajnej
Mean values of the investigated durum lines and common wheat cultivars

Rody i odmiany Lines and cultivars	Cechy — Traits					
	szklistość grain vitreosity	białko total protein	popiół ash of flour	liczba opadania falling number	β -karoten β -carotene	plon yield
SMH 6	54,25	13,14	1,88	229,75	1,70	7,04
SMH 7	49,00	12,50	1,85	224,25	1,87	7,53
SMH 8	28,00	12,84	1,77	249,50	2,00	6,35
SMH 9	44,25	12,38	1,75	179,00	1,98	7,26
SMH 44	73,00	13,98	2,03	189,25	1,41	6,70
SMH 45	72,50	14,99	2,00	228,50	1,65	6,33
SMH 46	70,50	14,69	2,04	243,63	1,64	6,57
SMH 47	73,75	14,63	1,93	253,50	1,76	6,41
SMH 48	67,50	14,59	1,94	291,25	1,66	6,47
SMH 21	43,50	12,85	1,79	271,63	1,98	6,72
SMH 26	57,75	12,87	1,78	221,38	2,28	7,05
SMH 49	54,25	12,53	1,68	263,50	1,84	7,01
SMH 36	54,25	13,32	1,91	224,88	2,13	7,08
SMH 50	37,25	13,39	1,75	265,13	1,58	7,61
SMH 52	37,00	13,54	1,81	258,75	1,62	7,22
SMH 53	39,25	13,45	1,76	257,50	1,65	6,95
SMH 54	63,75	13,76	2,07	208,75	2,27	6,67
Kobra	20,25	11,92	1,27	338,25	1,69	9,46
Tonacja	33,50	12,22	1,21	286,63	1,30	9,62
Finezja	25,00	12,21	1,19	318,63	1,69	9,23
NIR _{0,05}	18,91	0,66	0,10	51,44	0,13	0,29

Wszystkie rody uzyskały większe wartości zawartości popiołu w badanych miejscowościach od odmian wzorcowych pszenicy ozimej (tab. 4). Rody SMH 44, 45, 46, 54 tworzyły jedną grupę jednorodną dla miejscowości, co świadczy o ich stabilności pod względem tej cechy. Rody w poszczególnych miejscowościach znacznie różniły się liczbą opadania. W Walewicach i Radzikowie liczba opadania dla większości rodów była na tym samym poziomie i nie różniła się istotnie od odmian wzorcowych. W pozostałych dwóch miejscowościach rody znacznie odbiegały od odmian pszenicy zwyczajnej. We wszystkich punktach doświadczalnych rody istotnie niżej plonowały w porównaniu z odmianami.

Tabela 4

Średnie wartości cech dla interakcji rody × miejscowości
Mean values for the objects - by - locations interaction

Rody Lines	Popiół Ash of flour				Liczba opadania Falling number				Plon Yield			
	Grodko- wice	Pągów	Radzi- ków	Wale- wice	Grodko- wice	Pągów	Radzi- ków	Wale- wice	Grodko- wice	Pągów	Radzi- ków	Wale- wice
SMH 6	1,94	1,80	1,99	1,80	137,00	214,50	217,00	350,50	5,50	9,30	7,75	5,61
SMH 7	1,77	2,04	1,87	1,75	147,50	121,00	271,50	357,00	7,79	9,73	7,04	5,56
SMH 8	1,74	1,78	1,90	1,65	147,50	237,50	295,50	318,00	5,34	8,75	6,47	4,87
SMH 9	1,78	1,77	1,85	1,61	73,50	94,50	214,50	333,50	7,02	8,97	7,57	5,49
SMH 44	2,20	2,16	1,96	1,83	173,50	62,50	202,50	318,50	6,64	8,73	6,42	5,04
SMH 45	2,00	2,06	2,05	1,89	310,50	64,00	203,00	336,50	6,44	7,75	6,47	4,65
SMH 46	2,17	2,09	2,03	1,86	234,50	64,50	320,50	355,00	5,56	8,80	7,01	4,94
SMH 47	2,07	1,96	1,93	1,76	295,00	66,50	317,00	335,50	5,95	8,27	6,39	5,03
SMH 48	1,98	1,94	1,99	1,85	316,50	192,50	311,50	344,50	5,73	8,62	6,79	4,75
SMH 21	1,78	1,86	1,85	1,67	173,50	213,50	342,00	357,50	5,96	9,61	5,92	5,41
SMH 26	1,86	1,79	1,80	1,70	94,50	149,00	321,00	321,00	6,38	9,39	7,00	5,44
SMH 49	1,77	1,63	1,78	1,53	126,00	251,50	324,00	352,50	6,55	9,99	6,30	5,21
SMH 36	2,02	1,94	1,84	1,84	150,00	148,50	275,00	326,00	6,50	9,19	7,40	5,23
SMH 50	1,77	1,66	1,89	1,67	179,00	251,50	289,50	340,50	6,96	9,96	7,91	5,62
SMH 52	1,83	1,75	1,92	1,76	173,50	240,50	273,00	348,00	6,90	9,56	7,20	5,24
SMH 53	1,79	1,70	1,88	1,66	207,00	216,00	243,00	364,00	6,27	9,02	7,29	5,22
SMH 54	2,05	2,23	2,11	1,91	129,50	68,00	304,00	333,50	6,28	8,52	6,81	5,08
Kobra	1,20	1,11	1,35	1,41	362,50	340,50	341,50	308,50	8,34	12,02	9,22	8,25
Tonacja	1,30	0,99	1,29	1,27	297,50	237,50	330,00	281,50	8,59	11,99	9,28	8,64
Finezja	1,26	1,02	1,28	1,23	294,00	328,00	351,00	301,50	8,12	11,77	8,92	8,10
NIR _{0,05}	0,20				102,88				0,59			
LSD _{0,05}												

Tabela 5

Macierz współczynników korelacji prostej badanych cech
Correlation coefficient values

Cecha Trait	Białko Total protein	Popiół Ash of flour	Liczba opadania Falling number	β-karoten β-carotene	Plon Yield
Szklistość Grain vitreosity	0,49*	0,40*	0,04	-0,12	-0,40*
Białko Total protein		0,62*	-0,14	-0,11	-0,29*
Popiół Ash of flour			-0,40*	0,26*	-0,41*
Liczba opadania Falling number				-0,21*	-0,24*
β-karoten β-carotene					-0,25*

W tabeli 5 zamieszczono fenotypowe współczynniki korelacji liniowej między plonem ziarna i pozostałymi badanymi cechami. Ujemną istotną zależność stwierdzono między plonem a wszystkimi badanymi cechami oraz dla liczby opadania z zawartością popiołu i β-karotenu. Dodatkowo wykazano dla szklistości i zawartości białka oraz zawartości popiołu, a także dla zawartości popiołu i β-karotenu (tab. 5). W celu

dokładniejszego poznania zależności między cechami przeprowadzono analizę ścieżek Wrighta (tab. 6).

Tabela 6

Macierz współczynników ścieżek efektów pośrednich i bezpośrednich badanych cech jakościowych na plon
Path analysis for direct effects (bold) and indirect effects of the investigated traits

Cecha Trait	Szklistość Grain vitreosity	Białko Total protein	Popiół Ash of flour	Liczba opadania Falling number	β-karoten β-carotene	Współczynnik korelacji Correlation coefficient
Szklistość Grain vitreosity	-0,24*	-0,12	-0,09	-0,01	0,03	-0,40*
Białko Total protein	0,003	0,01	0,005	-0,001	-0,001	-0,29*
Popiół Ash of flour	-0,18	-0,27	-0,44*	0,17	-0,11	-0,41 *
Liczba opadania Falling number	-0,02	0,06	0,18	-0,46*	0,10	-0,24*
β-karoten β-carotene	0,03	0,03	-0,07	0,06	-0,26*	-0,25*

Stwierdzono ujemny, istotny bezpośredni wpływ szklistości na plon ziarna, która wykazuje także znaczący ujemny efekt pośredni poprzez zawartość popiołu. Bezpośredni wpływ zawartości białka na plon jest nieistotny natomiast efekty pośrednie poprzez zawartość popiołu oraz szklistość wpływają ujemnie na wartość tej cechy. Bezpośredni wpływ zawartości popiołu jest istotny i ujemny, natomiast efekt pośredni poprzez liczbę opadania jest dodatni jednak jest on równoważony przez niewielkiej wielkości, aczkolwiek negatywne pozostałe efekty pośrednie. Stosunkowo duży i istotny efekt bezpośredni liczby opadania na plon jest częściowo równoważony przez dodatni efekt pośredni poprzez zawartość popiołu. Efekt bezpośredni w przypadku wpływu zawartości β-karotenu jest istotny.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych form pod względem wszystkich cech.
2. Badane rody pszenicy twardej przewyższały odmiany wzorcowe pod względem zawartości białka, β-karotenu i popiołu w ziarnie oraz szklistości ziarna. Rody *durum* plonowały istotniej niżżej a pod względem liczby opadania dorównywały odmianom pszenicy zwyczajnej.
3. Wykazano istotną interakcję między miejscowościami a rodami dla zawartości popiołu w ziarnie oraz dla liczby opadania i plonu ziarna z poletka, co świadczy o wpływie warunków glebowo-pogodowych na wymienione cechy. Nie wykazano istotnej interakcji dla zawartości białka i β-karotenu w ziarnie oraz szklistości ziarna, co wskazałoby, że te cechy są stabilne w różnych środowiskach.
4. Stwierdzono ujemne istotne współczynniki korelacji między plonem a pozostałymi cechami. Zwiększenie plonowania rodów prawdopodobnie spowoduje obniżenie

- jakości ziarna, co nie jest dobrą prognozą dla realizowania programów hodowlanych zakładających podniesienie plonu pszenicy ozimej twardej przy dobrej jakości ziarna.
5. Wykonana analiza ścieżek potwierdza bezpośredni istotny, ujemny związek między plonem a cechami jakościowymi ziarna z wyjątkiem zawartości białka w ziarnie.

LITERATURA

- Rachoń L. 2001. Studia nad plonowaniem i jakością pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). Rozprawy Naukowe AR w Lublinie, z. 248.
- Rachoń L., Kulpa D. 2004. Ocena przydatności ziarna pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) do produkcji pieczywa. Annales Universitatis Marie Curie-Skłodowska Lublin. Vol. LIX nr 2: 995 — 1000.
- Szwed-Urbaś K. 1990. Zawartość białka i cechy fizyczne ziarna wybranych odmian pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). Biul. IHAR 173/175: 35 — 39.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 1996. Wartość ważniejszych elementów plonowania *Triticum durum* z uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej. Biul. IHAR, z.200: 291 — 297.
- Williams W. A., Jones M. B., Demment M. W. 1990. A concise table for path analysis statistics. Agron. J. 80: 1022 — 1024.
- Zalewski D., Bojarczk J. 2004. Ocena zmienności cech ilościowych ozimej pszenicy twardej. Zesz. Probl. Post. Nauk Rolniczych, z. 497: 637 — 644.

JERZY DRZEWIECKI¹**NATALIA D. TIKHENKO**²**NATALIA V. TSVETKOVA**²¹ Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Radzikowie² Oddział Instytutu Genetyki Rosyjskiej Akademii Nauk im. N.I. Wawilowa, Sankt-Petersburg, Rosja

Współdziałanie genomów pszenicy Chinese Spring i linii wsobnych żyta w pszenżycie na przykładzie ekspresji genów kodujących prolaminę ziarniaków

Genomic interaction between Chinese Spring wheat and rye inbred lines on the basis of expression of genes encoding grain prolamins

W pszenżycie prolaminę najczęściej dziedziczą się kodominacyjnie, w obrazie białek znaleźć można wszystkie prażki gliadyn i sekalin, pochodzące od obu komponentów rodzicielskich- pszenicy i żyta. W rezultacie współdziałania genomów powstają także nowe jednostki polipeptydowe białka, może zachodzić zjawisko supresji (tłumienia) genów kodujących poszczególne polipeptydy prolamin. Dotychczas zjawisko interakcji między genomami pszenicy i żyta w pszenżycie, na przykładzie ekspresji genów kodujących prolaminę ziarniaków badano na bardzo ograniczonym w liczbie materiale, od jednego do trzech genotypów pszenżyta. W niniejszej pracy badano zjawisko interakcji między genomami pszenicy i żyta na przykładzie 39 mieszańców pierwotnego pszenżyta oktoploidalnego otrzymanych przez krzyżowanie pszenicy Chinese Spring z 39 liniami wsobnymi żyta z kolekcji Sankt-Petersburgskiego Oddziału Instytutu Genetyki Rosyjskiej Akademii Nauk im. N.I. Wawilowa w Sankt-Petersburgu. Wykonano rozdziały elektroforetyczne prolamin ziarniaków pszenicy Chinese Spring, linii wsobnych żyta i mieszańców pszenżyta w 7,5% żelu poliakrylanmidowym, w pH 3,1. Obraz elektroforetyczny prolamin badanych materiałów składa się z czterech frakcji (stref) prażków α , β , γ i ω . Wszystkie badane ziarniaki pszenicy Chinese Spring charakteryzowały się identycznym elektroforegramem gliadyn, natomiast w przypadku linii wsobnych żyta jednolitość obrazu sekalin stwierdzono jedynie u 26 linii (z badanych 39). U 19 mieszańców pszenżyta (z badanych 39) znaleziono w obrazie prolamin nowe, nie występujące u form rodzicielskich prażki, pojawiające się zwykle w białkowej frakcji elektroforetycznej ω . U trzynastu mieszańców stwierdzono brak w elektroforegramie prolamin od jednego do kilku prażków sekalin linii wsobnej użytej do otrzymania danego mieszańca pszenżyta.

Słowa kluczowe: elektroforeza, interakcja genomów, linie wsobne żyta, prolaminę, pszenica, pierwotne pszenżyto

In triticale prolamins usually are codominantly inherited; it is possible to find in electrophoretic protein pattern all parental bands, both gliadins and secalins. However, as a result of interaction, new polypeptide units may occur, while other ones may disappear. Electrophoretic protein patterns were studied in the collection of 39 primary octoploid triticales obtained by crossing the Chinese Spring wheat with 39 rye inbred lines. The material was delivered by the Plant Genetics Institute of Russian Academy of Sciences in Sankt-Petersburg. The protein electrophoresis was performed in 7.5% acrylamide gels, in pH 3.1. Electrophoretic protein patterns of all examined materials consisted of four zones of bands α , β , γ and ω . All the examined Chinese Spring wheat grains showed electrophoretically uniform gliadin pattern, whereas in case of rye inbred lines only 26 (of 39) were electrophoretically uniform. Nearly half of the examined triticale hybrids (19 of 39) had new, singular bands, usually in the ω zone of pattern, which did not occur in the parental forms. Thirteen triticale hybrids (of 39) has shown absence of one or several rye bands.

Key words: electrophoresis, genome interaction, rye inbred lines, prolamins, wheat, primary triticale

WSTĘP

Pszenżyto jest rośliną zbożową stworzoną przez człowieka w celu połączenia najlepszych cech rodziców — pszenicy i żyta. W zależności od sposobu otrzymania pszenżyto można podzielić na dwie formy: pszenżyto pierwotne i pszenżyto wtórne. Uzyskanie ziarniaków mieszańcowych z krzyżowania pszenicy z żytem nie jest łatwe. Za zdolność krzyżowania się pszenicy z żytem odpowiadają w genomie pszenicy geny *kr1* (recesywny)/*Kr1* (dominujący) oraz *kr2* (recesywny)/*Kr2* (dominujący). Do najłatwiej krzyżujących się z żytem należy heksaploidalna pszenica Chinese Spring (CS) o genotypie *kr1kr1kr2kr2* (podwójna homozygota recesywna).

Pierwotne pszenżyto oktoploidalne (AABBDDRR) jest najstarszą syntetyczną formą mieszańcową, powstała w wyniku krzyżowania pszenicy heksaploidalnej (AABBDD) z żytem diploidalnym (RR) i podwojenia liczby chromosomów (metodą kolchicynowania) w mieszańcach F_1 .

Uważa się, że pierwotne pszenżyto oktoploidalne nie nadaje się do uprawy. Powodem jest jego niestabilność cytogenetyczna i fizjologiczna, stosunkowo wysoki udział aneuploidów, nawet do 40% (Cuchija, 1978). Dla porównania, w polskich odmianach pszenżyta heksaploidalnego udział aneuploidów nie przekracza dziesięciu procent (Rogalska i in., 1991, Małuszyńska i in., 2001).

Genetyka pszenżyta oktoploidalnego jest słabo poznana (Gruszecka, 2005). Badania Schlegela (1996) wykazały, że chromosomy pszenicy i żyta w pszenżycie koniugują rzadko, występują za to różne zakłócenia prowadzące do fragmentacji i translokacji chromosomów. Sporadycznie, w wyniku translokacji 1BL/1RS, 1AL/RS, także 1DL/1RS następuje wymiana genów pomiędzy chromosomami pierwszych grup homeologicznych pszenicy i żyta (Tarkowski, 1998, Rogalska i in., 2007). Chen i Ni (2006) uważają, że w syntetycznych alloplodach obserwuje się dynamiczne zmiany w ekspresji genów i organizacji genomów, jak eliminacja poszczególnych fragmentów genomu, wymiany międzychromosomowe, metylowanie cytozyny, supresja genów rodzicielskich i aktywacja nowych genów, dominacja genetyczna i zmiany aktywności transpozonów.

Z drugiej strony nierzadkie są opinie o nieistotnej interakcji między genomami. Tarkowski (1998) uważa, że większość genów pszenicy i żyta funkcjonuje w pszenżycie niezależnie od siebie.

Uważa się, że głównym źródłem zmienności genetycznej w pszenżycie jest pszenica (Gruszecka, 2005), a zmienność pszenżyta wynikająca z interakcji pomiędzy genomami stanowi zaledwie 20% (Łukaszewski i Gustafson, 1983; Oettler, 1991).

Geny kodujące gliadyny heksploidalnej pszenicy (w tym pszenicy Chinese Spring) skupione są w sześciu loci, na krótszych ramionach chromosomów pierwszej i szóstej grupy homeologicznej (1A, 1B, 1D, 6A, 6B, 6D). Geny kodujące głównie α i β gliadyny zlokalizowano na krótkich ramionach chromosomów 6A, 6B i 6D (odpowiednio loci *Gli-A2*, *Gli-B2* i *Gli-D2*). Geny kodujące γ i ω gliadyny znajdują się na krótkich ramionach chromosomów 1A, 1B i 1D (odpowiednio loci *Gli-A1*, *Gli-B1* i *Gli-D1*).

Produktem ekspresji genów kodujących gliadyny są grupy polipeptydów (na elektroforegramach — grupy prążków) określanych jako bloki białkowe (Metakovsky, 1991, Waga, 2000, Dragovicz i in., 2006). Każdy z loci kodujących gliadyny stanowi klaster ściśle sprzężonych genów, kontrolujących syntezę kilku polipeptydów gliadyn, dziedziczonych jako pojedyncza cecha mendlowska (Dragovicz i in., 2006). Skutkiem mutacji nieletalnych w obrębie klasterów powstały serie alleli wielokrotnych. Na przykład w obrębie lokusa *Gli-A1* stwierdzono występowanie 23 alleli wielokrotnych, głównie frakcji białkowych γ i ω (Sozinov, 1985).

Lokalizacja genów kodujących sekaliny żyta *Secale cereale* nie jest kompletna (Shewry i in., 1984). Sekaliny żyta *Secale cereale* L. kontrolowane są przez geny *Sec-1* (γ i ω -sekaliny) znajdujące się na krótkim ramieniu chromosomu 1R (oznaczanym 1RS) oraz przez geny *Sec-3* — na długim ramieniu tego chromosomu (nazywanym także 1RL). Geny *Sec-2* kodujące blok komponentów γ sekalin 75 kDa znajdują się na krótkim ramieniu chromosomu 2R (Konarev, 2001). Pozostałe chromosomy żyta (3R, 4R, 5R, 6R i 7R) kodują jedynie enzymy (Shewry i in., 1984, Konarev, 2001).

Uważa się (Konarev, 2001), że polipeptydy α -sekalin nie są kodowane przez chromosomy 1R i 2R żyta, stąd na elektroforegramach sekalin, we frakcji α prążków nie widać. We frakcjach β i γ prążki sekalin są nieliczne, natomiast w strefie ω odmiany i linie wsobne żyta charakteryzują się występowaniem od 5 do 15 prążków sekalin (Konarev, 2001).

W pierwotnym oktoploidalnym pszenżycie, w obrazie prolamin ziarniaków, we frakcji α znajdują się jedynie prążki gliadyn, we frakcji β i γ komponentów gliadynowych jest wyraźnie więcej niż sekalinowych, jedynie we frakcji ω prolamin pszenżyta sekaliny są licznie „reprezentowane” (Stefanowska, 1989; Rozynek i in., 1998; Konarev, 2001).

Porównano elektroforegramy prolamin ziarniaków pszenżyta z obrazem gliadyn i sekalin obu komponentów rodzicielskich mieszańca i stwierdzono, że gliadyny i sekaliny najczęściej dziedziczą się kodominacyjnie, w obrazie prolamin pszenżyta znaleźć można wszystkie prążki gliadyn i sekalin, pochodzące od pszenicy i żyta (Chen i Bushuk, 1969; Stefanowska, 1989; Rogalska i in., 1993; Tarkowski, 1998; Konarev, 2001; Gruszecka, 2004).

Wielu badaczy zauważyło ponadto w pszenżycie zjawisko supresji genów kodujących prolaminę jednego z komponentów rodzicielskich. Zauważono osłabienie intensywności pojedynczych prążków lub nawet zanik niektórych prążków, zwykle żyta (Stefanowska, 1989; Somers i in., 1992; Tarkowski i in., 1992; Carvalho i Vegas, 1996; Rozynek i in., 1998; Jagadev i Khanna, 2002; Gruszecka, 2004).

Jedynie Hristova i Baeva w 1972 roku doniosły o wykryciu techniką densytometrii w obrazie pszenżyta oktoploidalnego (Bezostaja-1 $\times$ Lozen -14) kilku nowych, niewystępujących u komponentów rodzicielskich prążków białka.

Voylokov i Tikhenko (1998, 2002, 2003) badali interakcję genomów pszenicy i żyta i ich ewolucję u pszenżyta. Wyniki ich badań sugerują, że liczne, a niejednoznaczne rezultaty badań nad pszenżycem i interakcją genomów mogą być związane z jego wysoką heterogenicznością na poziomie genomu, chromosomu i genu, także z zaburzeniami różnych epigenetycznych wzorów ekspresji genów. Analiza wtórnych form pszenżyta pod względem interakcji genomowej jest bardzo trudna, lepszym modelem do badań wydają się być pierwotne formy pszenżyta powstałe z użyciem linii wsobnych żyta.

Wielu autorów (Stefanowska, 1989; Carvalho i Vegas, 1996; Jagadev i Khanna, 2002) badało pierwotne pszenżyto oktoploidalne otrzymane ze skrzyżowania pszenicy Chinese Spring z żytem, pod względem oddziaływania między genomami pszenicy i żyta, na przykładzie ekspresji genów kodujących prolaminę. Wnioskowano, że gliadyny i sekaliny dziedziczą się kodominacyjnie, niemniej u części otrzymanych mieszańców zauważono brak w elektroforegramie prolamin pojedynczych prążków jednego z komponentów rodzicielskich. Badania prowadzone były na bardzo ograniczonym liczbowo materiale, od jednego do trzech genotypów form rodzicielskich i od jednego do trzech mieszańców pszenżyta.

W niniejszej pracy założyliśmy, że dopiero analiza białek genotypów pszenżyta otrzymanych na bazie jednej formy pszenicy i wielu linii wsobnych żyta może umożliwić wyjaśnienie roli genotypu żyta i poznanie specyficznego oddziaływania z genotypem pszenicy.

Celem badań było wyjaśnienie czy ekspresja genów kodujących prolaminę typu I (gliadyny i sekaliny) w ziarniakach pierwotnego pszenżyta oktoploidalnego ma charakter interakcji między genomami (powstają nowe, specyficzne dla pszenżyta prążki lub widoczne jest osłabienie ekspresji poszczególnych polipeptydów białek).

MATERIAŁ

Analizowany materiał obejmował ziarniaki genotypów rodzicielskich pszenżyta — heksaploidalnej pszenicy Chinese Spring i 39 linii wsobnych żyta (tab. 1) oraz mieszańców pierwotnego pszenżyta oktoploidalnego w liczbie 39, z kolekcji Uniwersytetu w Sankt-Petersburgu.

Mieszańce pszenicy z żytem otrzymano w latach 1996–2002. Rośliny mieszańców F₁ (2n = 28) kolchicynowano w celu podwojenia liczby chromosomów i następnie reprodukowano do pokolenia C2-C3 pod ścisłą izolacją.

METODA

Prolaminy pojedynczych ziarniaków (gliadyny, sekaliny i tritikosekaliny) ekstrahowano 70% roztworem etanolu. Ekstrakcję wykonano dla 100 pojedynczych ziarniaków pszenicy, co najmniej 28 ziarniaków poszczególnych linii żyta i od 30 do 50 ziarniaków mieszańców pszenżyta.

Analiza jednolitości elektroforetycznej polegała na rozdziale białek wyekstrahowanych z pojedynczych ziarniaków pszenicy, pszenżyta i żyta. Ekstrakty białkowe umieszczano w liczbie 28/żel, w jednym lub kilku (do trzech) powtórzeń.

W drugim etapie wykonano rozdziały elektroforetyczne ekstraktów białkowych pszenicy, pszenżyta i żyta, umieszczonych na żelach kolejno w następującym porządku: dwa pojedyncze ziarniaki pszenicy Chinese Spring (komponent mateczny), sześć pojedynczych ziarniaków mieszańca i dwadzieścia pojedynczych ziarniaków komponenta ojcowskiego — linii wsobnej żyta.

Elektroforezę białek wykonano w 7,5% żelu poliakrylamidowym, w środowisku kwaśnym (A-PAGE, pH 3,1), w systemie dwóch żeli tzw. elektroforezy nieciągłej (discontinuous) według metody Brzezińskiego (2003). Żele z elektroforegramami rozdzału białek skanowano urządzeniem CanoScan 9950F firmy Canon, przy pomocy programu PhotoStudio 5.5. Obróbkę graficzną elektroforegramów wykonano programem AdobePhotoshop Elements 2.0.

Obraz spektrum prolamin wszystkich trzech badanych gatunków podzielono na cztery strefy prążków, według zmniejszającej się mobilności białka w żelu, nazwanych kolejno α , β , γ i ω , według systemu ISTA (Handbook ISTA, 1992).

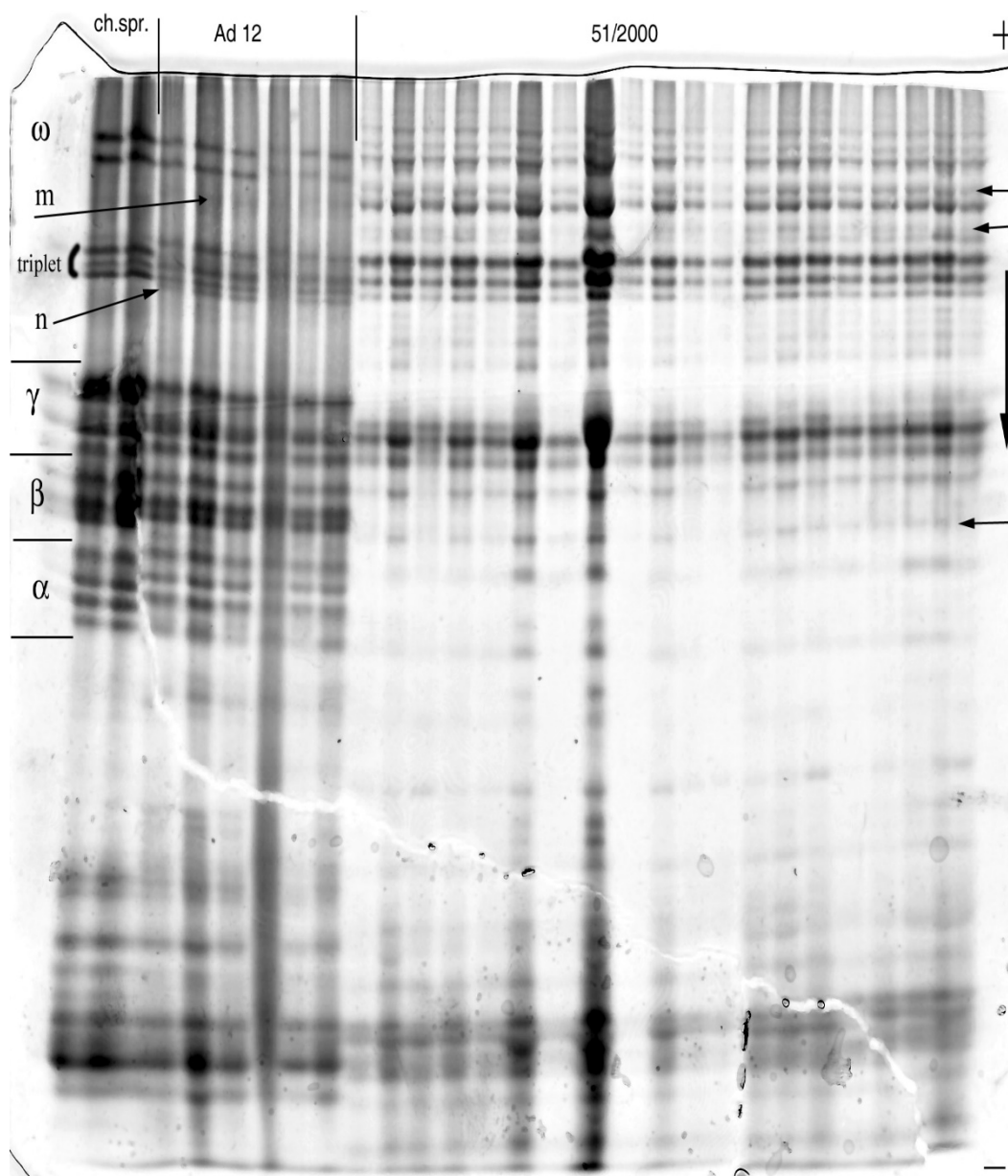
Rozdziały analizowano pod względem jednolitości elektroforetycznej genotypów (wszystkie badane formy), występowania ojcowskich prążków markerowych u Mieszańca, kodominacji (czy wszystkie prążki obu form rodzicielskich są obecne u mieszańca), supresji (osłabienia lub zaniku poszczególnych prążków) i „pojawienia ” się nowych prążków w obrazie mieszańca.

WYNIKI

Elektroforegram prolamin nasion trzech badanych gatunków zbóż- pszenicy, pszenżyta i żyta składa się z czterech frakcji prążków, według zmniejszającej się mobilności białka w żelu, nazwanych kolejno α , β , γ i ω (rys. 1, 2, 3).

Obraz prolamin próby składającej się z 100 ziarniaków pszenicy Chinese Spring (CS) jest elektroforetycznie jednolity, jednoliniowy.

Linie wsobne żyta różnią się pod względem obrazu sekalin (rys. 1, 2, 3). Większość linii wsobnych była homozygotyczna (jednolita) pod względem obrazu sekalin (rys. 1 oraz tab. 1). Niemniej dwanaście linii (z badanych 39) charakteryzuje się niejednolitością obrazu sekalin (rys. 2, 3 oraz tab. 1).



Objaśnienia: ch.spr- pszenica Chinese Spring, Ad 12- pszenżyto Ad 12, 51/2000- linia wsobna 51/2000. α , β , γ , ω - strefy spektrum obrazu białka

Strzałki ukośne (od lewej) pokazują prążek markerowy (m) i nowy prążek (n) u mieszańca. Strzałki poziome (od prawej) pokazują prążki sekalin linii wsobnej, niewidoczne u mieszańca. Triplet- triplet trzech prążków ω .

Rys. 1. Elektroforegram prolamin pszenicy CS, pszenżyta Ad 12 i linii wsobnej żyta 51/2000

Explanations: ch.spr- wheat Chinese Spring, Ad 12- triticale Ad 12, 51/2000-rye inbred line 51/2000. α , β , γ , ω - protein spectrum zones. Sloping arrows (from the left) show marker band (m) and new band (n). Horizontal arrows (from the right) show secalin bands of inbred line that are not visible in hybrid. Triplet- triplet of three ω bands.

Fig. 1. The electrophoregram of prolamins of CS wheat, triticale Ad 12 and rye inbred line 51/2000

W elektroforegramie mieszańców pszenżyta pochodzących z pszenicy prążków gliadynowych jest więcej niż pochodzących z żyta prążków sekalinowych (rys. 1, 2, 3). U większości badanych mieszańców znaleziono w obrazie białka od jednego do trzech prążków markerowych komponentu ojcowskiego (strzałki ukośne po lewej stronie rysunku, z indeksem „n”, rys. 1, 2, 3). Prążki markerowe to prążki specyficzne dla danej linii wsobnej prążki sekalin i występujące u mieszańca, niewystępujące u drugiego komponentu rodzicielskiego — pszenicy CS.

Tabela 1

Jednolitość elektroforetyczna sekalin ziarniaków linii wsobnych żyta *Secale cereale* L.
Electrophoretical uniformity of grain secalins of rye inbred lines *Secale cereale* L.

Linie jednolite, wyrównane Uniform lines	Linie z niewielką liczbą ziarniaków nietypowych (od dwóch do pięciu), w próbie 28 ziarniaków (dla każdej linii) Lines with a number of non-typical grains, the number of examined grains of each line was 28	Linie polimorficzne, niewyrównane Non-uniform , polymorphic lines
6/1997	18/1997	17/1996
13/2000	50/1996	58/1996
17/1999	56/1996	60/2000
21/1996	57/1996	T4/1996
22/1996	L5/1997	T53/1996
26/1996	H9/1996	Jar. 12/1996
33/2002		
35/1996		
39/1996		
40/1996		
44/2002		
45/1996		
51/2000		
53/2000		
H6/1996		
H12/1996		
T1/1996		
T5/1996		
T21/1996		
T36/1996		
T39/1996		
Jar.27/1996		
Jar.50/1996		
Jar.53/1996		
F9/1996		
F18/1996		
F26/1996		

Z badanych ogółem 39 mieszańców prawie połowa -19 mieszańców charakteryzuje się nową cechą biochemiczną- w elektroforegramie prolamin przejawiają się nowe prążki, w liczbie od jednego do trzech, niewystępujące w komponentach rodzicielskich (strzałki ukośne po lewej stronie rysunku, z indeksem „n”, (rys. 1, 2, 3) oraz zestawienie tych mieszańców w tabeli 2). Charakterystyczne jest, że wśród mieszańców pszenżyta z nowymi, specyficznymi prążkami, trzy czwarte charakteryzuje się nowymi prążkami we frakcji ω (przykład — rys. 1, 3).

Większość nowych prążków ω zlokalizowano w pobliżu” tripletu” prążków ω , obecnego u pszenicy CS i dziedziczonych u pszenżyta (patrz zaznaczenie na rys. 1).

U trzynastu mieszańców zauważono efekt supresji lub eliminacji genów kodujących białka, która przejawia się brakiem jednego bądź kilku prążków sekalin w obrazie prolamin (rys. 1, 2, 3, tab. 2). Zanik prążków sekalin dotyczy wszystkich frakcji sekalin, ale w największym stopniu frakcji ω (rys. 1). U trzech mieszańców zauważono w obrazie prolamin pojedyncze, nowe, specyficzne prążki i jednocześnie supresję sekalin (rys. 1, 2, 3; tab. 2).

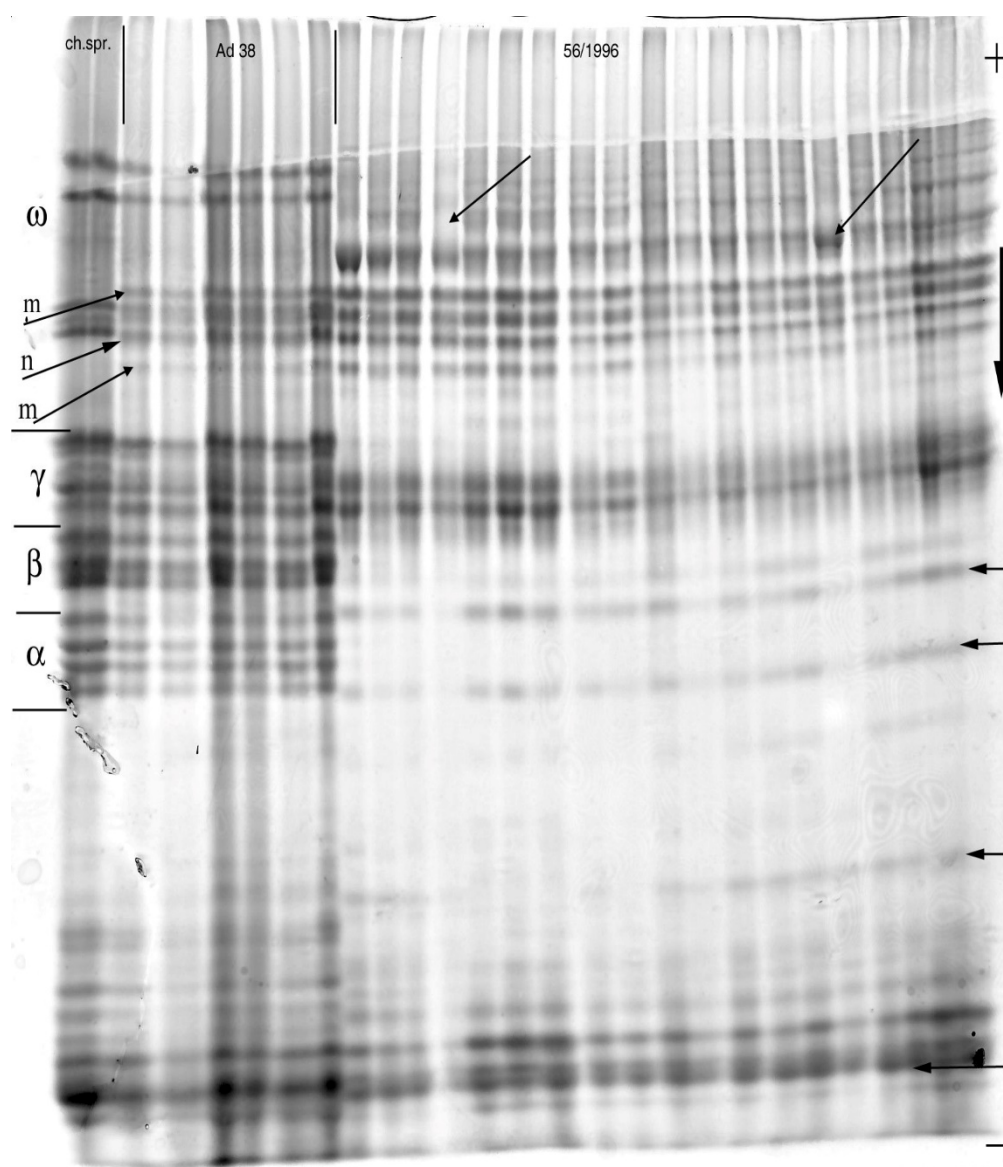
Tabela 2

Mieszańce oktoploidalnego pszenżyta, u których znaleziono w obrazie prolamin nowe prążki (niewystępujące u obu komponentów rodzicielskich), stwierdzono zjawisko supresji białka oraz takie mieszańce, u których nie znaleziono ani nowych prążków ani nie stwierdzono supresji białka
Hybrids of primary octoploid triticale where new bands in the prolamins pattern were found (that not occur in both parents), suppression of protein was noticed or hybrids where neither new bands nor protein suppression were noticed

Mieszańce z nowymi prążkami Hybrids with new bands	Mieszańce z supresją sekalin Hybrids in which suppression of secalins occurs
Ad 12 (CS $\times$ 51/2000)	Ad 2 (CS $\times$ L5/1997)
Ad 13 (CS $\times$ 17/1996)	Ad 7 (CS $\times$ 21/1996)
Ad 17 (CS $\times$ 22/1996)	Ad 12 (CS $\times$ 51/2000)
Ad 19 (CS $\times$ 6/1997)	Ad 13 (CS $\times$ 17/1996)
Ad 35 (CS $\times$ 50/1996)	Ad 34 (CS $\times$ 45/1996)
Ad 38 (CS $\times$ 56/1996)	Ad 38 (CS $\times$ 56/1996)
Ad 39 (CS $\times$ 57/1996)	Ad 50 (CS $\times$ 44/2002)
Ad 43 (CS $\times$ H6/1996)	Ad 52 (CS $\times$ 53/2000)
Ad 45 (CS $\times$ 18/1997)	Ad 54 (CS $\times$ H9/1996)
Ad 47 (CS $\times$ 33/2002)	Ad 72 (CS $\times$ F26/1996)
Ad 61 (CS $\times$ H12/1996)	Ad 89 (CS $\times$ T39/1996)
Ad 76 (CS $\times$ 40/1996)	Ad 102 (CS $\times$ 13/2000)
Ad 80 (CS $\times$ T1/1996)	Ad 107 (CS $\times$ Jar.50/1996)
Ad 82 (CS $\times$ T5/1996)	mieszańce, u których nie znaleziono nowych prążków białka, ani nie zauważono supresji białka hybrids where neither new protein bands nor suppression of protein were noticed
Ad 84 (CS $\times$ T21/1996)	Ad 6 (CS $\times$ 58/1996)
Ad 87 (CS $\times$ T36/1996)	Ad 28 (CS $\times$ 35/1996)
Ad 89 (CS $\times$ T39/1996)	Ad 30 (CS $\times$ 39/1996)
Ad 97 (CS $\times$ Jar. 27/1996)	Ad 49 (CS $\times$ 17/1999)
Ad 101 (CS $\times$ Jar. 53/1996)	Ad 51 (CS $\times$ 60/2000)
	Ad 65 (CS $\times$ F9/1996)
	Ad 68 (CS $\times$ F18/1996)
	Ad 81 (CS $\times$ T4/1996)
	Ad 90 (CS $\times$ T53/1996)
	Ad 93 (CS $\times$ Jar.12/1996)

Objaśnienie tabeli 2: Ad- pierwotne pszenżyto oktoploidalne, CS-pszenica Chinese Spring
 Explanation for Table 2: Ad- primary octoploid triticale, CS- Chinese Spring wheat

U 10 mieszańców nie stwierdzono w obrazie prolamin uzyskanym techniką „kwaśnej” elektroforezy ani nowych, specyficznych dla pszenżyta prążków białek, ani zjawiska supresji sekalin (tab. 2).



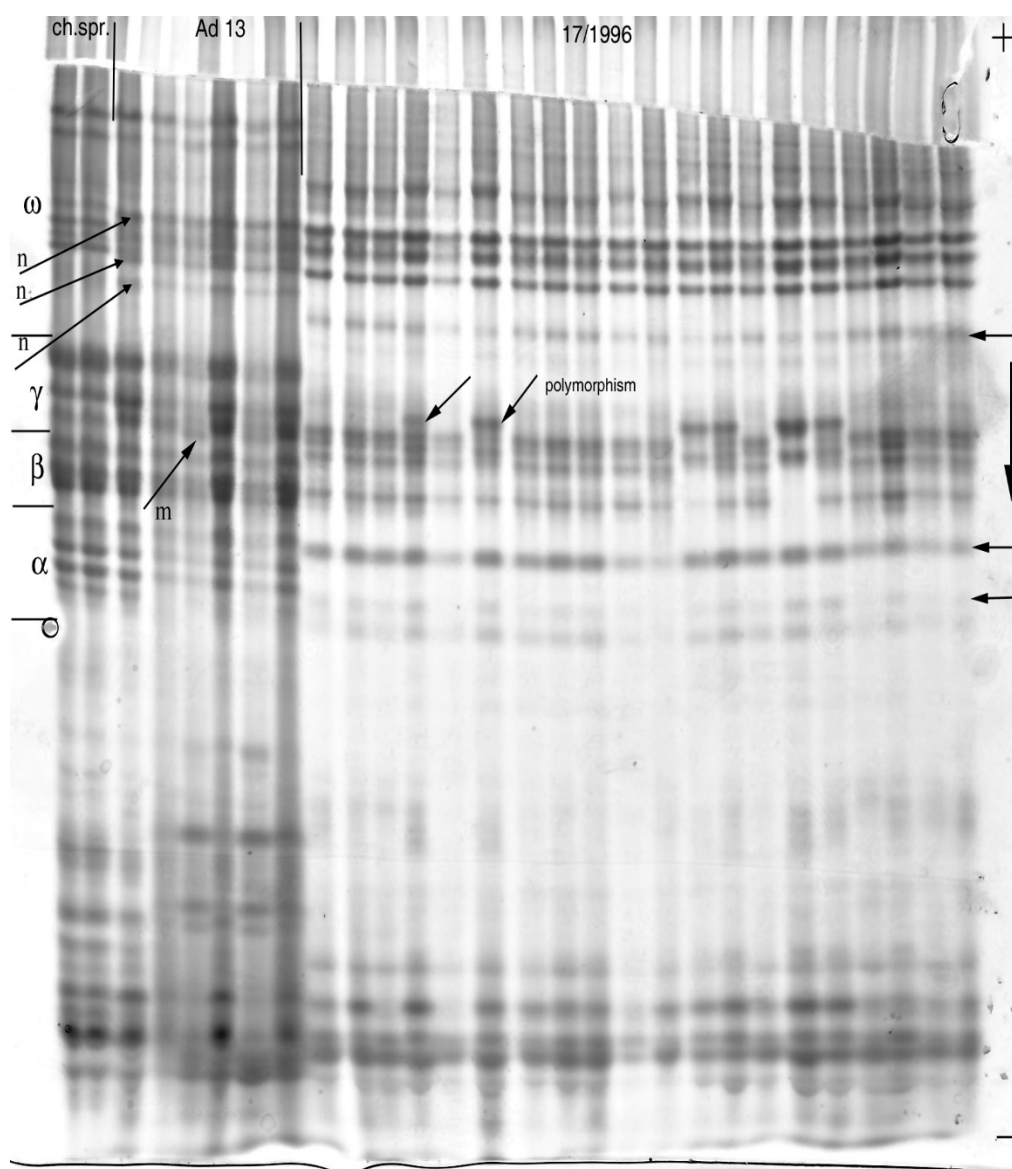
Objaśnienia: ch.spr- pszenica Chinese Spring, Ad 38- pszenżyto Ad 38, 56/1996- linia wsobna 56/1996. α , β , γ , ω - strefy spektrum obrazu białka

Strzałki ukośne (od lewej) pokazują dwa prążki markerowe (m) i pojedynczy nowy prążek (n) u mieszańca. Dwie strzałki ukośne (od prawej) pokazują niewyrównanie linii pod względem sekalin. Strzałki poziome (od prawej) pokazują prążki secalin linii wsobnej, niewidoczne u mieszańca

Rys. 2. Elektroforegram prolamin pszenicy CS, pszenżyta Ad 38 i linii wsobnej żyta 56/1996

Explanations: ch.spr- wheat Chinese Spring, Ad 38- triticale Ad 38, 56/1996-rye inbred line 56/1996. α , β , γ , ω - protein spectrum zones. Sloping arrows (from the left) show two marker bands (m) and singular new band (n). Two sloping horizontal arrows (from the right) show non-uniformity inbred line on the base of secalins. Horizontal arrows (from the right) show secalins of rye inbred line that are not visible in the hybrid

Fig. 2. The electrophoregram of prolamins of CS wheat, triticale Ad 38 and rye inbred line 56/1996



Objaśnienia: ch.spr- pszenica Chinese Spring, Ad 13- pszenżyto Ad 17, 17/1996- linia wsobna 17/1996. α , β , ω - strefy spektrum obrazu białka.

Strzałki ukośne (od lewej) pokazują jeden prążek markerowy (m) i trzy pojedyncze, nowe prążki (n) u mieszańca. Dwie strzałki ukośne (od prawej) pokazują niewyrównanie linii pod względem sekalin. Strzałki poziome (od prawej) pokazują prążki sekalin linii wsobnej, niewidoczne u mieszańca

Rys. 3. Elektroforegram prolamin pszenicy CS, pszenżyta Ad 13 i linii wsobnej żyta 17/1996

Explanations: ch. spr- wheat Chinese Spring, Ad 13- triticale Ad 13, 17/1996-rye inbred line 17/1996. α , β , γ , ω - protein spectrum zones. Sloping arrows (from the left) show two marker bands (m) and three singular, new bands (n) in the hybrid. Two sloping horizontal arrows (from the right) show non-uniformity of the inbred line on the base of secalins. Horizontal arrows (from the right) show secalins of rye inbred line that are not visible in hybrid

Fig. 3. The electrophoregram of prolamins of CS wheat, triticale Ad 13 and rye inbred line 17/1996

DYSKUSJA

W pracy przyjęliśmy założenie, że krzyżowanie wielu linii wsobnych żyta z pojedynczym genotypem pszenicy, w naszym przypadku pszenicą Chinese Spring jest najlepszym modelem analizy genów odpowiedzialnych za oddziaływania między genomami pszenicy i żyta.

Uzyskane metodą elektroforezy A-PAGE spektra białkowe prolamin ziarniaków pszenicy, pszenżyta i żyta charakteryzują się dobrą rozdzielczością polipeptydów białka w obrębie wszystkich frakcji spektrum prążkowego na elektroforegramach. W przypadku żyta potwierdzamy występowanie w obrazie frakcji ω -sekalin kilkunastu prążków białek o dużym ciężarze cząsteczkowym, mało mobilnych w żelach (jest to charakterystyczna cecha obrazu sekalin żyta), o czym donieśli już wcześniej inni badacze (Stefanowska, 1989; Rozynek i in., 1998; Konarev, 2001). Cytowani powyżej autorzy twierdzą natomiast, że po rozdziale elektroforetycznym sekalin w środowisku kwaśnym we frakcji α nie widać prążków.

Nam udało się uzyskać postęp w rozdziale α -sekalin. W obrazie elektroforetycznym sekalin linii wsobnych, we frakcji α wykryliśmy prążki, w liczbie od dwóch do czterech (rys. 1, 2, 3).

Wysoka rozdzielczość elektroforetyczna techniki A-PAGE w obrębie wszystkich czterech frakcji sekalin umożliwiła nam dokładniejszą analizę zmienności między ziarniakami w obrębie badanych linii, a tym samym pozwoliła określić stopień homozygotyczności linii. Wykryliśmy w badanym materiale znaczną liczbę linii niejednorodnych elektroforetycznie pod względem sekalin. Okoliczność ta nie jest bez znaczenia przy ocenie przydatności linii przy planowaniu następnych krzyżowań z pszenicą.

Zjawisko zmniejszenia intensywności niektórych prążków sekalin lub gliadyn u mieszańców i brak pojedynczych prążków komponentów rodzicielskich w mieszańcach pszenżyta było przedmiotem doniesień kilku autorów (Somers i in., 1992; Tarkowski, 1992; Rozynek i in., 1998; Konarev, 2002; Gruszecka, 2004). Nasze wyniki pokazują, że supresja sekalin ma większe znaczenie niż uważano dotychczas. Aż jedna trzecia z badanych linii „straciła” po skrzyżowaniu z pszenicą Chinese Spring pojedyncze polipeptydy sekalin, a u niektórych mieszańców zauważyliśmy brak nawet kilku prążków ojcowskiej linii wsobnej (rys. 1, 2, 3). Uważamy, że wykrycie zjawiska *silencing* supresji genów kodujących sekaliny w pierwotnym pszenżycie oktoploidalnym stało się możliwe dopiero po udoskonaleniu czułości techniki elektroforezy i przede wszystkim po przeanalizowaniu większej liczby genotypów.

Zanik prążków sekalin może być wynikiem „reakcji na allopoliploidyzację” u pszenżyta. Reakcja ta polega na eliminacji sekwencji nukleotydowych, głównie powtarzalnych sekwencji żytnich (Ma i in., 2004; Salina i in., 2004; Rogalska, 2005). Eliminacja może obejmować aż do 15% *loci* (Ozkan i in., 2001; Shaked i in., 2001). Białka wyższych organizmów roślinnych (w tym zbóż) kodowane są przez niewielką, (około 10%) ale najistotniejszą pod względem genetycznym część genomu (Konarev, 2001). *Loci* kodujące białka zawierają praktycznie całą podstawową informację genetyczną o procesach

morfogenetycznych i metabolicznych organizmu. Nie wiemy, czy u pszenżyta eliminacja *loci* obejmuje geny kodujące białka sekalinowe, ale nie możemy wykluczyć istnienia takiego mechanizmu.

Supresja sekalin jest interesującym przykładem współdziałania genów pszenicy i żyta w mieszańcu. Może to być interesujący dowód specyficznego współdziałania genów i/lub aneuploidii chromosomowej. W rezultacie aneuploidii i utraty chromosomu lub chromosomów mogły zostać wyeliminowane geny kodujące frakcje prolamin. Z literatury wiadomo o wysokim udziale aneuploidów u tej formy pszenżyta, nawet do 40% (Cuchija, 1978).

Wpływ aneuploidii wymaga udowodnienia. Uważamy za celowe wykonanie powtórnych krzyżowań w celu uzyskanie bardziej stabilnych pod względem cytogenetycznym mieszańców F_1 o $2n = 28$. Zakładamy, że u mieszańców F_1 zjawisko aneuploidii jest mało znaczące i wtedy zanik niektórych prążków sekalin moglibyśmy wyjaśniać nie efektem ubytku chromosomu lub chromosomów, tylko współdziałaniem genów pszenicy i żyta w pszenżycie.

Z literatury znane jest tylko jedno doniesienie o pojawianiu się u mieszańców pszenicy i żyta nowych, specyficznych prążków prolamin (Hristova i Baeva, 1972).

Badacze zajmujący się problemem współdziałania genów pszenicy i żyta w pierwotnym pszenżycie oktoploidalnym nie wykryli w obrazach białek nasion mieszańca nowych form białek (Stefanowska, 1989; Carvalho i Vegas, 1996; Jagadev i Khanna, 2002). Naszym zdaniem może to wynikać ze stosunkowo niewielkiej liczby (1–3) analizowanych genotypów pszenżyta i ich komponentów rodzicielskich. Nam udało się znaleźć nowe, specyficzne dla mieszańców pszenżyta prążki prolamin, prawie u połowy (z 39 badanych).

O ile rezultaty prac Stefanowskiej (1989), Rogalskiej i wsp. (1993) i Tarkowskiego (1998) sugerują, że białko prolaminowe pszenżyta nie zawiera nowych podjednostek gliadynowych i sekalinowych i jest raczej mieszaniną (podkreślenie nasze) gliadyn i sekalin, co wskazywałoby na kodominacyjny system dziedziczenia tych białek w pszenżycie, to nasze badania wskazują na istnienie także innych mechanizmów ekspresji genów kodujących białka prolaminowe nasion w pszenżycie. Za przyjęciem takiego założenia przemawia nie tylko widoczna w obrazie prolamin pszenżyta supresja sekalin, ale przede wszystkim zmiana ekspresji genów kodujących, w postaci Występowania nowych form polipeptydów prolamin, specyficznych dla pszenżyta, u prawie połowy badanych mieszańców.

Charakterystyczne jest, że większość zmian w obrazie elektroforetycznym prolamin (nowe prążki, supresja), sugerujących współdziałanie genów pszenicy i żyta w pszenżycie, widoczna jest we frakcji ω -prolamin.

Sekaliny ω są kodowane przez *locus Sec-1* zlokalizowany na krótkim ramieniu chromosomu 1R żyta, ω gliadyny kodowane są przez *loci* znajdujące się na krótkich ramionach chromosomów pierwszej grupy homeologicznej 1A, 1B i 1D (odpowiednio *loci Gli-A1*, *Gli-B1* i *Gli-D1*).

Chromosom 1R żyta jest homeologiczny względem pierwszej grupy chromosomów pszenicy, a mapy genetyczne chromosomów są kolinearne (Devos i in., 1993). Na podstawie analizy pszenicy kolekcji VIR w Sankt-Petersburgu wiadomo, że w genomie

pszenicy chromosom żytni 1R może zastępować jeden z chromosomów pierwszej grupy homeologicznej (zwykle 1B/1R) albo ramiona telocentryczne chromosomów pszennego i żytniego łączą się, tworząc translokację (najczęściej spotyka się translokację T1BL-1RS, Konarev, 2001). Nie można wykluczyć w allopoliploidzie, którym jest pszenżyto, zmian epigenetycznych, nie związanych ze zmianami w sekwencji nukleotydowej. Zmiany ekspresji genów, ich „wyciszanie” mogą być skutkiem metylacji cytozyny, chemicznej modyfikacji histonów i aktywacji ruchomych sekwencji DNA.

WNIOSKI

1. Na podstawie występowania zmienności między ziarniakami pod względem obrazu sekalin wnioskuje się, że część linii wsobnych była niejednolita pod względem ekspresji elektroforetycznej sekalin.
2. U większości badanych mieszańców znaleziono markerowe prążki komponenta ojcowskiego, świadczące o prawidłowości przekrzyżowania genotypu matecznego z ojcowskim.
3. Obraz sekalin żyta jest uboższy w prążki od obrazu gliadyn pszenicy (zwłaszcza w strefach α , β i γ), w formule mieszańca- AABBDDRR chromosomy żyta stanowią $\frac{1}{4}$ całości. Czynniki te determinują dominację ilościową prążków gliadyn w obrazie mieszańca.
4. Prawie u połowy mieszańców znaleziono nowe, specyficzne (nie występujące u komponentów rodzicielskich) prążki prolamin. Może to być świadectwem wyraźnej interakcji między genami pszenicy Chinese Spring i linii wsobnych żyta. Wyrazem interakcji może być także widoczna u $\frac{1}{3}$ badanych mieszańców supresja (zanik) jednego-kilku prążków sekalin.
5. Większość zmian w obrazie elektroforetycznym prolamin (nowe prążki, supresja prążków), sugerujących współdziałanie genów pszenicy i żyta w pszenżycie widoczna jest we frakcji ω -prolamin.
6. Celowe jest uzyskanie mieszańców F_1 ($2n = 28$) i analiz cytologicznych liczby chromosomów dla badanych par genotypów pszenica/linia wsobna. Badania pozwoliłyby określić rolę aneuploidii we współdziałaniu genów pszenicy i żyta w pszenżycie i wpływu tego zjawiska na skład frakcji prolamin w pszenżycie.
7. Interesujące byłoby wyjaśnienie roli zmian epigenetycznych, niezwiązanych ze zmianami w sekwencji nukleotydowej, takich jak metylacja DNA, chemiczne modyfikacje histonów i aktywności elementów ruchomych w ekspresji genów prolaminowych w mieszańcach pszenicy i żyta.

LITERATURA:

- Brzeziński W. 2003. Wiadomości odmianoznawcze Katalog elektroforetyczny zarejestrowanych w Polsce odmian pszenicy, pszenżyta, jęczmienia i owsa. Zeszyt 78, Słupia Wielka.
- Carvalho V., Vegas W. 1996. Intergenomic interaction In wheat $\times$ rye hybrids non – additive expression of gliadins and isozymes. *Triticale: Today and Tomorrow*: 149 — 154. Kluwer Acad. Publ.

- Chen C. H., Bushuk W. 1969. Nature of proteins in *Triticale* and its parental species III. A comparison of their electrophoretical patterns. *Can. J. Plant Sci.* vol. 50: 25 — 30.
- Chen Z. J., Ni Z. 2006. Mechanisms of genomic rearrangements and gene expression changes in plant polyploids. *BioEssays* 28: 240 — 252.
- Cuchija T. 1978. *Citologičeskaja stabilnost' tritikale*. Tritikale. Moskva, izdat. Kolos: 80 — 105.
- Devos R. M., Atkinson M. D., Chonoy C. N. 1993. Chromosomal rearrangements in the rye genome relative to that of wheat. *Theor. Appl. Gen.* 73: 197 — 208.
- Dragovicz A. Ju., Zima V. G., Fisenko L. A., Bespalova L. A., Bukreeva G. I., Mel'nikova E. E., Puchalskij V.A. 2006. Sopotavlenije dwuch suscestvujuschich katalogov allelej gliadinkodirujuschich lokusov u ozimoj m'jagkoj pszenicy. *Genetika*, 42, 8: 1107 — 1116.
- Gruszecka D. 2004. Wpływ form rodzicielskich na skład frakcji protaminowej w ziarniakach roślin mieszańcowych pszenżyta. W: Krajewski P., Zwierzykowski Z., Kachlicki P. (red.). *Genetyka w ulepszaniu roślin użytkowych*, Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu: 413 — 419.
- Gruszecka D. 2005. *Zarys Genetyki Zbóż. Pszenżyto, kukurydza i owies*. Praca zbiorowa pod redakcją A.G. Górnego, IGR PAN, Poznań.
- Handbook of Variety Testing, Electrophoresis Testing. Ed. by ISTA, Zurich, 1992.
- Hristova J., Baeva R. 1972. Untersuchungen zur Natur der Proteinphänotypen bei *Triticale*. *Z. Pflanzenzüchtg.* vol. 67: 327 — 336.
- Jagadev P. N., Khanna V. K. 2002. A study of cross ability mechanism, isozyme analysis and organogenesis from wheat embryos in wheat — rye crosses. *Proc. 5th Int. Triticale Symp. IHAR Radzików, Poland*, I: 105 — 108.
- Konarev V. G. 2001. *Morfogenez i molekularno-biologičeskij analiz rastenij*. Wyd. VIR, Sankt-Petersburg: 279.
- Łukaszewski A. J., Gustafson J. P. 1983. Translocations and modifications of chromosomes in triticales × wheat hybrids. *Theor. Appl. Gen.* 64: 239 — 248.
- Ma X. F., Fang G., Gustafson J. P. 2004. Polyploidization-induced genome variation in triticales. *Genome* 47: 839 — 848.
- Małuszyńska E., Drzewiecki J., Łapiński B. 2001. Tożsamość nietypowych roślin pszenżyta na podstawie analizy elektroforetycznej i cytogenetycznej ziarniaków. *Biul. IHAR* 218/219: 251 — 259.
- Metakovsky E. V. 1991. Gliadin allele identification in common wheat. II. Catalogue of gliadin alleles in common wheat. *J. Genet. Breed.* 45: 325 — 344.
- Oettler G., Wehmann F., Utz H.F. 1991. Influence of wheat and rye parents on agronomic characters in primary hexaploid and octoploid triticales. *Theor. Appl. Gen.* 81: 401 — 405.
- Ozkan H., Levy A., Feldman M. 2001. Allopolyploidy-induced rapid genome evolution in the wheat (*Aegilops-Triticum*) group. *Plant Cell* 13: 1735 — 1747.
- Rogalska S., Cybulska-Augustyniak J., Kalwinek A. 1991. Aneuploidy in Polish cultivars of winter triticales. *Genet. Pol.* 32, 1/2: 11 — 16.
- Rogalska S., Cybulska-Augustyniak J., Mikulski W. 1993. Otrzymywanie nowych genotypów tritikale o dobrych właściwościach technologicznych. *Biul. IHAR* 187: 133 — 137.
- Rogalska S. M. 2005. Genome diversity of triticales (*X Triticosecale* Witt.) using the chromosome heterochromatin marker in plant genome: Biodiversity and Evolution. Sharma A. K., Sharma A. (ed.). Science Publ., Inc., Enfield USA 1, B: 179 — 194.
- Rogalska S., Achrem M., Kalinka A. 2007. Mechanizmy zmian genomowych i zmian w ekspresji genów w mieszańcowych poliploidach roślin. *Kosmos Problemy Nauk Biologicznych*. 56, 3-4: 421 — 433.
- Rozynek B., Günther T., Hesemann C-U. 1998. Gel electrophoretic investigations of prolamins in eu- and alloplasmatic octoploid primary triticales forms. *Theor. Appl. Gen.* 96: 46 — 51.
- Salina E. A., Numerova O. M., Ozkan H., Feldman M. 2004. Alteration in subtelomeric tandem repeats during early stages of allopolyploidy in wheat. *Genome* 47: 860 — 867.
- Schlegel R. 1996. *Triticale: Today and Tomorrow*. Kluwer Acad. Publ.: 21 — 31.
- Shaked H., Kashkush K., Ozkan H., Feldman M., Levy A. A. 2001. Sequence elimination and cytosine methylation are rapid and reproducible responses of the genome to wide hybridization and allopolyploids in wheat. *Plant Cell* 13: 1749 — 1759.

- Shewry P. R., Bradbery D., Franklin J., White R. P. 1984. The chromosomal locations and linkage relationships of the structural genes for the prolamin storage proteins (secalins) of rye. *Theor. Appl. Gen.* 69: 63 — 69.
- Somers D. J., Gustafson J. P., Fillion J.P. 1992. The influence of the rye genome on expression of heat shock proteins in triticales. *Theor. Appl. Gen.* 83: 987 — 993.
- Stefanowska G. 1989. Zależność składu frakcji prolaminowej oktoploidalnego pszenżyta (X *Triticale* Wittmack) od form wyjściowych pszenicy (*Triticum aestivum* L.) i żyta (*Secale cereale* L.). *Biul. IHAR* 183: 95 — 98.
- Sozinov A. A. 1985. Polimorfizm belkov i jego znaczenie v genetike i selekcii. Nauka, Moskwa: 272 s.
- Tarkowski C., Gruszecka D., Stefanowska G., Makarska E. 1992. A comparison of prolamin fraction in the grains of triticales hybrids with wheat and rye. *Genetica Polonica* 33: 249 — 253.
- Tarkowski C. 1998. Biologiczno-genetyczne właściwości pszenżyta. *Biul. IHAR* 205/206: 133 — 135.
- Tikhenko N. D., Tsvetkova N. V., Voylovkov A. V., 2003. The effect of parental genotypes of rye lines on the development of quantitative traits in primary octoploid triticales: Plant height. *Genetika* 39: 64 — 69.
- Voylovkov A. V., Tikhenko N. D. 1998. Identification and localization of rye polymorphic genes specifically expressed in Triticale. *Proc. 4th Int. Triticale Symp.*, Red Deer, Alberta, Canada 290 — 296.
- Voylovkov A. V., Tikhenko N. D. 2002. Triticale as a model for study of genome interaction and genomic evolution in allopolyploid plants. *Proc. 5th Int. Triticale Symp.* IHAR Radzików, Poland, I: 63 — 70.
- Waga J. Syntetyczna metoda klasyfikacji białek gliadynowych. 2000. *Biul. IHAR* 215: 35 — 60.

PODZIĘKOWANIE

Składam podziękowanie następującym osobom, które pomogły mi przygotować niniejszą pracę:

- *Pani Wiesławie Kaczorowskiej za wykonanie rozdziałów elektroforetycznych,*
- *Panu mgr Adamowi Mrówczyńskiemu z Zakładu Nasiennictwa i Nasionoznawstwa IHAR za pomoc w redagowaniu pracy,*
- *Panu dr A. V. Voylovkov z Oddziału Instytutu Genetyki Rosyjskiej Akademii Nauk im. N.I Wawilowa w Sankt-Petersburgu za udostępnienie linii wsobnych żyta do analizy.*

WANDA KOCIUBA**ANETA KRAJEK**Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Wewnątrzodmianowa zmienność cech użytkowych polskich odmian pszenżyta ozimego

Intra-cultivar variability of useful traits of Polish winter triticale cultivars

Celem pracy była ocena stopnia zmienności wewnątrzodmianowej ważniejszych cech użytkowych 36 polskich odmian pszenżyta ozimego. Dla porównania do badań włączono 2 odmiany pszenicy ozimej: Finezja i Soraja oraz 2 odmiany żyta ozimego: Amilo i Warko. Badane w doświadczeniu polowym odmiany wysiano na 5. rzędowych poletkach w gęstym siewie w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach k/Nałęczowa. W okresie pełnej dojrzałości roślin ze wszystkich obiektów zebrano po 30 kłosów. Dla każdego kłosa wykonano pomiary długości, określono liczbę kłosek w kłosie, liczbę i masę ziaren z kłosa oraz obliczono płodność kłosek w kłosie i MTZ. Na podstawie uzyskanych danych obliczono średnie wartości poszczególnych cech użytkowych oraz współczynniki zmienności wewnątrzodmianowej dla badanych obiektów wykorzystując odchylenia standardowe (δ) oraz średnie ($\bar{X}_{sr}$). Otrzymane wyniki wskazują na dużą zmienność wewnątrzodmianową analizowanych cech użytkowych, a zwłaszcza liczby i masy ziaren z kłosa u odmian pszenżyta, jak również pszenicy i żyta.

Słowa kluczowe: cechy użytkowe, pszenżyto ozime, zmienność wewnątrzodmianowa

The aim of this study was estimation of intra-cultivar variability of useful traits of 36 Polish winter triticale cultivars. For comparison, 2 winter wheat cultivars: Finezja and Soraja and 2 winter rye cultivars: Amilo and Warko were also included. The field experiment was conducted at the Experimental Field Station in Czesławice near Nałęczów. The cultivars were examined on unreplicated 2 m² plots, at dense sowing. At full maturity 30 spikes of each object were chosen for biometric measurements. The following traits for each spike were analyzed: spike length, number of spikelet per spike, number and weight of grains per spike, spikelet fertility and weight of 1000 grains. On the basis of the obtained data mean values of the traits and intra-cultivar variability coefficients were calculated for the examined objects. The obtained results indicated a high level variability of the analyzed traits, especially the number and weight of grains per spike, in the winter triticale cultivars, as well as in the wheat and rye cultivars.

Key words: intra-cultivar variability, useful traits, winter triticale

WSTĘP

Postęp w pracach hodowlanych nad pszenżytem jest związany przede wszystkim z ulepszaniem cech użytkowych, co wiąże się z poszerzaniem bazy genetycznej przy otrzymywaniu nowych odmian. Dobre właściwości cech użytkowych można uzyskać poprzez wprowadzanie do pszenżyta rodzimej plazmy zarodkowej pochodzącej z dobrze przystosowanych do polskich warunków odmian pszenicy i żyta. Do 2008 roku zarejestrowano w Polsce ponad 40 odmian pszenżyta ozimego i 10 pszenżyta jarego. Wprowadzane do Krajowego Rejestru odmiany charakteryzowały się wyższym potencjałem plonowania, dobrą zimotrwałością, odpornością na wyleganie i choroby, przez co zyskały uznanie zarówno w naszym kraju, jak również poza granicami, stając się przedmiotem eksportu nasiennego i licencyjnego. Pierwsza polska odmiana eksportowa pszenżyta ozimego Lasko, zarejestrowana w 1982 roku, była najbardziej rozpowszechnioną odmianą uprawną w wielu krajach europejskich i na długie lata wyznaczyła standard dla takich cech, jak wypełnienie ziarna czy liczba opadania. Odmiany wycofywane z uprawy stanowią cenne źródło zmienności dla wielu cech rolniczych w obrębie rodzaju *× Triticosecale* Wittmack i mogą być wykorzystywane jako materiał wyjściowy w hodowli nowych odmian (Wolski, 1989; Kociuba 1998b; Kociuba i in., 2007; Wolski i in., 1998, 2000; Maćkowiak i in., 1993, 1998; Marciniak i in., 2000; Banaszak, Marciniak, 2002).

Celem niniejszej pracy była ocena stopnia zmienności wewnątrzodmianowej ważniejszych cech użytkowych 36 polskich odmian pszenżyta ozimego. Zmienność cech w obrębie populacji odmianowej związana jest z jej wyrównaniem, co u pszenżyta jako rośliny, u której występuje skłonność do obcozapyleń, ma szczególne znaczenie.

MATERIAŁ I METODY BADAŃ

Materiał badawczy stanowiło 36 polskich odmian pszenżyta ozimego zgromadzonych w kolekcji prowadzonej w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Dla porównania do badań włączono 2 odmiany pszenicy ozimej: Finezja i Soraja oraz 2 odmiany żyta ozimego: Amilo i Warko.

Doświadczenie polowe zostało założone w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach k/Nałęczowa na glebie brunatnej o podłożu lessowym. Ziarniaki badanych odmian pszenżyta ozimego, pszenicy i żyta wysiano ręcznie na 5–cio rzędkowych poletkach o długości 2 m, przy rozstawie między rzędami 20 cm, co stanowiło powierzchnię 2 m². Na każde poletko wysiano po 625 ziarniaków.

W okresie pełnej dojrzałości roślin ze wszystkich obiektów zebrano po 30 kłosów. Dla każdego kłosa wykonano pomiary: długości kłosa, liczby kłosek w kłosie, liczby i masy ziarn z kłosa oraz obliczono płodność kłosek i masę 1000 ziarn. Na podstawie uzyskanych danych obliczono średnie wartości poszczególnych cech użytkowych oraz współczynniki zmienności wewnątrzodmianowej dla badanych obiektów według następującego wzoru:

$$V = \frac{\delta}{X_{sr}} \times 100\%$$

gdzie V oznacza współczynnik zmienności wewnątrzodmianowej,
 δ – odchylenie standardowe dla badanej cechy, a X_{sr} — średnią wartość dla badanej cechy.

WYNIKI BADAŃ I DYSKUSJA

Badane odmiany pszenżyta ozimego, pszenicy i żyta charakteryzowały się dużym zakresem zmienności wewnątrzodmianowej analizowanych cech użytkowych. U pszenżyta najwyższą zmienność wewnątrzodmianową stwierdzono dla liczby ($V = 22,3\%$) i masy ziaren z kłosa ($V=27,7\%$), zaś najniższą dla długości kłosa ($V = 10,0\%$) i liczby kłosków w kłosie ($V = 9,7\%$). Stosunkowo małą zmienność wewnątrzodmianową odnotowano dla masy 1000 ziaren ($V = 13,1\%$) (tab. 1).

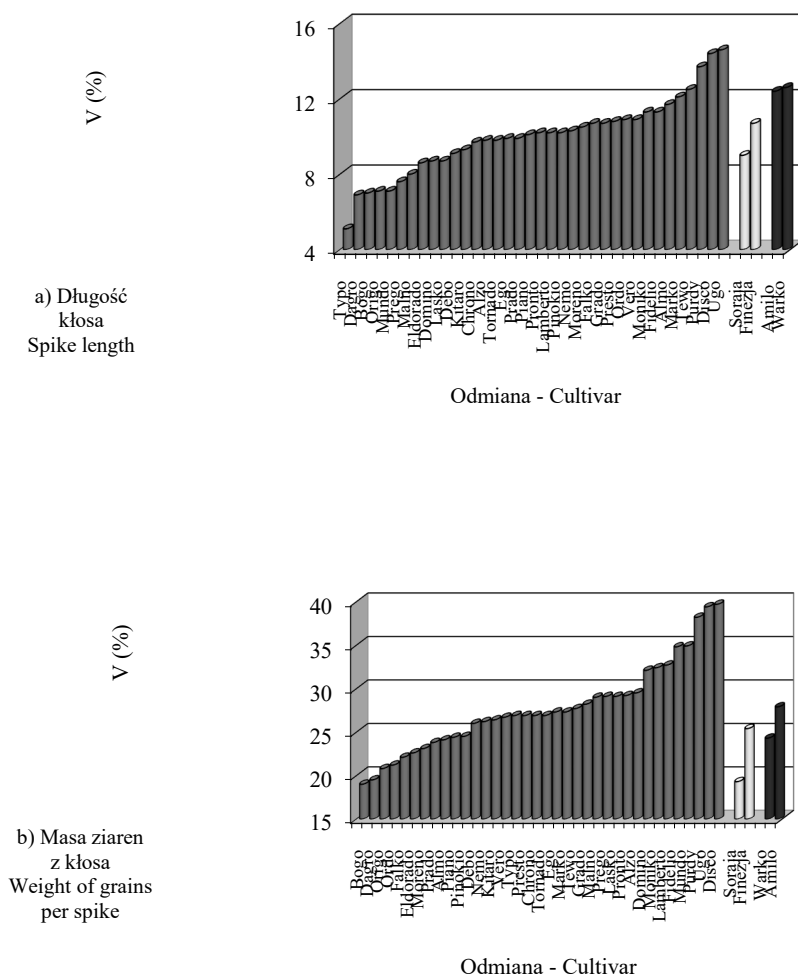
Tabela 1

Średnie, zakres zmienności i współczynniki zmienności wewnątrzodmianowej dla analizowanych cech pszenżyta ozimego w porównaniu do pszenicy i żyta
Means, variability ranges and intra-cultivar variability coefficients for the analyzed spike traits of winter tritcale in comparison to wheat and rye

Cecha Traits	Obiekt Object	Wartość badanych cech Value of examined traits		V (%)	
		średnia mean	min — max	V_{sr} (%)	min — max
Długość kłosa (cm) Spike length (cm)	pszenżyto — tritcale	10,5	9,1–12,9	10,0	5,1–14,5
	pszenica — wheat	9,1	8,2–9,9	9,9	9,0–10,7
	żyto — rye	9,9	9,3–10,4	12,5	12,4–12,6
Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets per spike	pszenżyto — tritcale	26,2	22,6–30,7	9,7	4,4–15,1
	pszenica — wheat	16,9	16,7–17,0	9,0	8,7–9,3
	żyto — rye	35,3	34,4–36,1	11,6	10,6–12,5
Liczba ziarn w kłosie Number of grains per spike	pszenżyto — tritcale	45,3	37,1–65,2	22,3	15,0–33,1
	pszenica — wheat	34,9	33,3–36,4	17,3	13,9–20,6
	żyto — rye	50,8	49,4–52,2	19,4	17,8–21,0
Masa ziaren z kłosa (g) Weight of grains per spike (g)	pszenżyto — tritcale	2,53	1,76–3,59	27,7	19,0–39,7
	pszenica — wheat	1,7	1,51–1,81	22,4	19,3–25,4
	żyto — rye	1,9	1,80–2,01	26,1	24,3–27,9
Płodność kłoska Spikelet fertility	pszenżyto — tritcale	1,7	1,4–2,3	18,0	10,9–26,8
	pszenica — wheat	2,1	2,0–2,1	15,9	14,2–17,5
	żyto — rye	1,4	1,3–1,4	14,0	12,0–15,9
Masa 1000 ziaren (g) 1000 grains weight (g)	pszenżyto — tritcale	55,6	43,0–65,9	13,1	7,0–20,6
	pszenica — wheat	47,3	45,0–49,6	10,3	9,7–10,9
	żyto — rye	37,5	36,6–38,3	11,9	11,2–12,5

V (%) — współczynnik zmienności wewnątrzodmianowej; intra-cultivar variability coefficient

V_{sr} (%) — średnia wartość współczynnika zmienności wewnątrzodmianowej; mean value of intra-cultivar variability coefficient



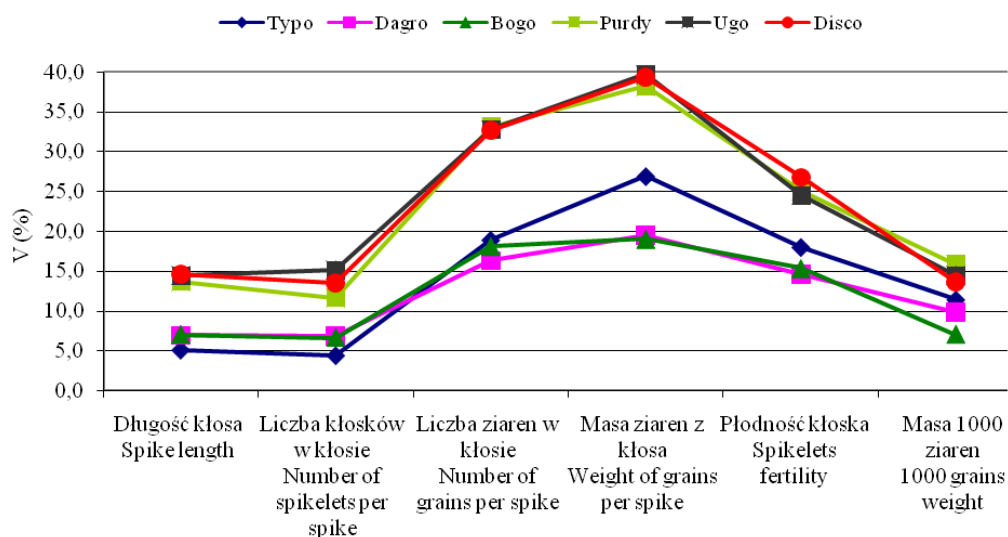
Rys. 1. Współczynniki zmienności wewnątrzodmianowej (V %) dla długości kłosa (a) i masy ziaren z kłosa (b) pszenżyta ozimego w porównaniu do pszenicy i żyta

Fig. 1. Intra-cultivar variability coefficients (V %) for spike length (a) and weight of grains per spike (b) of winter triticale in comparison to wheat and rye

Wartość współczynników zmienności wewnątrzodmianowej dla liczby ziaren z kłosa wahała się od $V = 15,0\%$ u odmiany Ordo do $V = 33,1\%$ u odmiany Purdy, a dla masy ziaren z kłosa — od $V = 19,0\%$ u odmiany Bogo do $V = 39,7\%$ u odmiany Disco. Współczynniki zmienności wewnątrzodmianowej dla długości kłosa przyjmowały wartości od $5,1\%$ u odmiany Typo do $14,6\%$ u odmiany Ugo, zaś dla liczby kłosek

w kłosie — od 4,4% u odmiany Typo do 15,1% u odmiany Disco. Pod względem masy 1000 ziaren wartość współczynników zmienności wewnątrzodmianowej wahała się od 7,0% u odmiany Bogo do 20,6% u odmiany Lamberto. Różnice odmianowe pod względem zmienności tak ważnych cech jak liczba i masa ziaren z kłosa były u pszenżyta większe niż u form rodzicielskich i wynosiły odpowiednio 18,1% oraz 20,7% (tab. 1, rys. 1). Duża zmienność wewnątrzodmianowa niekorzystnie wpływa na wyrównanie odmian, na które zwraca się szczególną uwagę w hodowli zachowawczej. Zdaniem Moś (1998) może ona wynikać z heterozygotyczności pszenżyta oraz z jego skłonności do obcozapyleń.

Współczynniki zmienności wewnątrzodmianowej w/w cech użytkowych dla badanych odmian pszenicy i żyta charakteryzowały się również dużym zróżnicowaniem. Dla masy ziaren z kłosa ich wartość wahała się od 19,3% u odmiany Soraja do 25,4% u odmiany Finezja, zaś u żyta od 24,3% u odmiany Warko do 27,9% u odmiany Amilo. Najniższą zmiennością wewnątrzodmianową, podobnie jak u pszenżyta, charakteryzowała się długość kłosa (od 9,0% u odmiany Soraja do 10,7% u odmiany Finezja oraz od 12,4% u odmiany Amilo do 12,6% u odmiany Warko) oraz liczba kłosków w kłosie (od 8,7% u odmiany Soraja do 9,3% u odmiany Finezja oraz od 10,6% u odmiany Amilo do 12,5% u odmiany Warko). Należy również zauważyć, że wartość współczynników zmienności wewnątrzodmianowej dla długości kłosa i liczby kłosków w kłosie u żyta była wyższa w porównaniu do pszenicy i pszenżyta (tab. 1, rys. 1), co zapewne wynika z obcopolności tego zboża.



Rys. 2. Odmiany pszenżyta ozimego o najniższej i najwyższej wartości współczynników zmienności wewnątrzodmianowej analizowanych cech użytkowych

Fig. 2. Winter triticale cultivars representing the lowest and the highest value of intra-cultivar variability coefficients for the analyzed traits

U odmian pszenżyta wartość współczynników zmienności wewnątrzodmianowej dla długości kłosa i liczby kłosków w kłosie kształtowała się na poziomie zbliżonym do pszenicy. Dla pozostałych analizowanych cech u pszenżyta współczynniki zmienności wewnątrzodmianowej przyjmowały wyższe wartości w porównaniu do pszenicy i żyta.

Wśród badanych odmian pszenżyta ozimego wysoką zmiennością pod względem większości analizowanych cech charakteryzowały się odmiany: Disco, Purdy i Ugo, natomiast mniejszą zmienność wewnątrzodmianową stwierdzono u odmian: Bogo, Dagro i Typo (rys. 2).

W literaturze jest mała liczba publikacji dotyczących wewnątrzodmianowej zmienności cech użytkowych. Większość prac porusza problem określenia stopnia zmienności międzyodmianowej (Kociuba 1992, 1998 a, 1998 b, 2000; Kociuba i in., 2007). Moś (1998) podjęła próbę ustalenia wewnątrzodmianowej zmienności skłonności do porastania pszenżyta ozimego. Zdaniem Autorki na osobniczą zmienność znaczny wpływ miało zróżnicowanie występujące w obrębie odmian oraz warunki pogodowe podczas dojrzewania i zbioru.

WNIOSKI

1. Otrzymane wyniki wskazują na dużą zmienność wewnątrzodmianową analizowanych cech użytkowych u odmian pszenżyta, jak również pszenicy i żyta. Najwyższą zmienność wewnątrzodmianową u pszenżyta, podobnie jak u pszenicy i żyta, stwierdzono dla liczby i masy ziarn z kłosa, zaś najniższą dla długości kłosa i liczby kłosków w kłosie.
2. Wysoką zmiennością pod względem większości analizowanych cech charakteryzowały się odmiany: Disco, Purdy i Ugo (V od 11,6% do 39,7%), natomiast mniejszą zmienność wewnątrzodmianową stwierdzono u odmian: Bogo, Dagro i Typo (V od 4,4% do 26,9%).
3. Średnia wartość współczynników zmienności wewnątrzodmianowej u pszenżyta była wyższa niż u pszenicy i miała wartości zbliżone bardziej do żyta.

LITERATURA

- Banaszak Z., Marciniak K. 2002. Wide adaptation of DANKO triticale varieties. Proc. of the 5th Int. Triticale Symp., IHAR Radzików, Poland, 30 June – 5 July 2002, vol. I: 215 — 222.
- Kociuba W. 1992. Ocena ważniejszych cech rolniczych materiałów kolekcyjnych pszenżyta ozimego i jarego (*×Triticosecale* Wittmack). Biul. IHAR 183: 125 — 133.
- Kociuba W. 1998 a. Wyniki oceny materiałów kolekcyjnych pszenżyta ozimego i jarego w 1996 roku. Biul. IHAR 205/206: 219 — 228.
- Kociuba W. 1998 b. Charakterystyka zasobów genowych rodzaju *×Triticosecale* Wittmack. Zesz. Prob. PNR 463: 369 — 379.
- Kociuba W. 2000. Zmienność i współzależność ważniejszych cech plonotwórczych w obrębie heksaploidalnego pszenżyta ozimego (*×Triticosecale* Wittmack). Rozprawa habilitacyjna. Rozprawy Naukowe AR Lublin, 232: ss 73.
- Kociuba W., Kramek A., Doliński R. 2007. Porównanie wartości cech użytkowych krajowych odmian pszenżyta ozimego zarejestrowanych w latach 1982–2003. Zesz. Probl. Post. Nauk Roln. 517, 379 — 387.

- Maćkowiak W., Budzianowski G., Cicha A., Cichy H., Mazurkiewicz L., Milewski G., Paizert K., Szeląg B., Szeląg J., Woś H. 1998. Hodowla pszenżyta w Zakładzie Doświadczalnym Hodowli i Aklimatyzacji Roślin „Małyszyn”. Biul. IHAR 205/206: 303 — 320.
- Maćkowiak W., Paizert K., Mazurkiewicz L., Woś H. 1993. Osiągnięcia i problemy hodowli pszenżyta w Polsce. Biul. IHAR 187: 143 — 166.
- Marciniak K., Banaszak Z., Szołkowski A. 2000. Hodowla pszenżyta w firmie DANKO. Folia Univ. Agric. Stetin., Agricultura 206 (82): 173 — 178.
- Moś M. 1998. Wewnątrzodmianowa zmienność skłonności do porastania pszenżyta ozimego. Biul. IHAR 205/206, 229 — 237.
- Wolski T. 1989. Kierunki hodowli pszenżyta oraz metody oceny. W: Biologia pszenżyta. Red. C. Tarkowski. PWN, Warszawa: 172 — 215.
- Wolski T., Pojmaj M.S., Banaszak Z., Czerwieńska E., Bogacki J., Marciniak K., Szołkowski A. 2000. Poprawianie wartości użytkowych pszenżyta ozimego w 30-letniej hodowli w DANKO. Biul. IHAR 214: 95 — 104.
- Wolski T., Szołkowski A., Gryka J., Pojmaj M.S. 1998. Obecny stan hodowli pszenżyta ozimego w DANKO. Biul. IHAR 205/206: 289 — 297.

DARIUSZ GOZDOWSKI**WIESŁAW MĄDRY**

Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Charakterystyka i empiryczne porównanie prostej oraz złożonej analizy ścieżek w ocenie determinacji plonu roślin przez ich cechy plonotwórcze

Część I. Prezentacja stosowanych metod

Characteristics and empirical comparison of simple and complex path analysis in grain yield determination by yield - related traits

Part I. Presentation of methods

Ocena determinacji plonu roślin uprawnych przez cechy plonotwórcze jest ważna przy określaniu, które cechy wpływają na zmienność plonu i jakie kryteria powinniśmy przyjąć w procesie hodowli wysokoplonujących genotypów. W pracy przedstawiono podstawy klasycznej analizy ścieżek (zaproponowanej przez S. Wrighta) oraz możliwości i przykłady jej zastosowania do oceny uwarunkowania zmienności plonu roślin uprawnych przez cechy plonotwórcze, które mogą bezpośrednio lub pośrednio wpływać na plon. Przedstawione zostały podejścia z wykorzystaniem ścieżek prostych oraz złożonych (wielopoziomowych), w których plon jest determinowany poprzez różne cechy plonotwórcze. Poza klasyczną analizą ścieżek omówiono w skrócie inne metody powstałe z modyfikacji tej analizy.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek, cechy plonotwórcze, składowe plonu

Evaluation of determination of crop yield by yield-related traits is important in determining both the traits having influence on the yield variability and suitable criteria for breeding of high-yielding genotypes. This paper shows the basis of classical path analysis (established by S. Wright) as well as possibilities and examples of its using to evaluate determination of variability of yield by yield-related traits, that may have direct or indirect effects on crop yielding. The approaches including simple and complex (multilevel) path analysis, in which the yield is determined by different yield-related traits, are presented. Besides the classic path analysis, another methods being the modifications of this analysis, are shortly described.

Key words: path analysis, yield-related traits, yield components

WSTĘP

Analiza uwarunkowania zmienności plonu roślin uprawnych (plonu z rośliny lub plonu z jednostki powierzchni) przez różne cechy plonotwórcze roślin jest coraz częstszym przedmiotem badań agronomicznych (Gołaszewski, 1996; Rozbicki, 1997; Annicchiarico i Pecetti, 1998; Garcia del Moral i in., 2003, 2005; Mohammadi i in., 2003; Kozak i Mądry 2006; Kozak i in., 2007). Wśród cech plonotwórczych roślin wyróżnia się składowe plonu (ang. yield components) oraz inne morfologiczne, fenologiczne i fizjologiczne cechy plonotwórcze (ang. yield-related traits lub yield-contributing traits). Badanie uwarunkowania zmienności plonu roślin uprawnych przez cechy plonotwórcze polega na ocenie zależności między plonem, a cechami plonotwórczymi w obrębie populacji obiektów danego gatunku, które są zróżnicowane genetycznie albo w populacji obiektów jednego genotypu-odmiany, które są zróżnicowane pod względem warunków środowiskowych. Wykrycie tych plonotwórczych cech roślin, które w największym stopniu wpływają na zmienność plonu jest ważne dla określenia kryteriów selekcji wartościowych genotypów w hodowli roślin oraz dla ustalenia optymalnej technologii produkcji gatunków i odmian roślin uprawnych (Balkema-Boomstra, 1992; Rozbicki, 1997; Annicchiarico i Pecetti, 1998; Ali i in., 2003; Budzyński i in., 2003; Garcia del Moral i in., 2003, 2005; Shahinnia i in., 2005; Kozak i in., 2007).

Jedną z powszechniej stosowanych metod statystycznych do oceny zależności między plonem, a cechami plonotwórczymi jest analiza ścieżek (ang. path analysis), metoda oparta na wielokrotnej liniowej analizie regresji dla zmiennych standaryzowanych. Podstawy teoretyczne analizy ścieżek opracował Sewall Wright na początku lat 20 ubiegłego wieku, który również przedstawił możliwość jej zastosowania w badaniach rolniczych, głównie w hodowli zwierząt (Wright, 1921, 1923, 1934). Obecnie ta metoda statystyczna jest powszechnie stosowana nie tylko w różnych dziedzinach nauk rolniczych i biologicznych, ale również często znajduje zastosowanie w naukach społecznych i technicznych. Analiza ścieżek w porównaniu do zwykłej wielokrotnej liniowej analizy regresji umożliwia nie tylko porównanie stopnia bezpośredniego wpływu poszczególnych zmiennych przyczynowych na zmienną skutkową (zależną), ale również ocenę pośredniego wpływu zmiennych przyczynowych, wynikającego z ich wzajemnych współzależności. Bezpośredni wpływ danej zmiennej przyczynowej na zmienną skutkową zdefiniowany jest w analizie ścieżek jako przeciętny wpływ tej zmiennej przyczynowej, uśredniony poprzez zmienność pozostałych zmiennych przyczynowych. Zastosowanie analizy ścieżek pozwala na wielostronną, wyczerpującą ocenę związków przyczynowo-skutkowych w danym układzie relacji między rozpatrywanymi zmiennymi przyczynowymi, a zmienną skutkową.

W niniejszej pracy przedstawiono podstawy klasycznej analizy ścieżek oraz możliwości i przykłady jej zastosowania do oceny uwarunkowania zmienności plonu roślin uprawnych (przede wszystkim zbóż) przez cechy plonotwórcze, w tym także składowe plonu, które mogą bezpośrednio lub pośrednio wpływać na plon. Szczególną uwagę zwrócono na analizę ścieżek wielopoziomowych, w których zmienna zależna (plon z rośliny lub plon z jednostki powierzchni) jest determinowana bezpośrednio oraz pośrednio poprzez różne

cechy plonotwórcze. Poza klasyczną analizą ścieżek omówiono w skrócie inne metody powstałe z modyfikacji tej analizy.

PODSTAWY TEORETYCZNE ANALIZY ŚCIEŻEK

W analizie ścieżek badamy związek liniowy między zmiennymi przyczynowymi (np. składowymi plonu) a zmienną zależną (np. plonem), który można przedstawić wg następującego równania regresji wielokrotnej:

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \beta_2 X_2 + \dots + \beta_n X_n + \varepsilon_i \quad (1)$$

Po standaryzacji zmiennych według poniższych wzorów:

$$\dot{Y} = \frac{Y - \bar{Y}}{S_y} \quad (2)$$

$$\dot{X}_i = \frac{X_i - \bar{X}}{S_i} \quad (3)$$

równanie regresji wielokrotnej dla zmiennych standaryzowanych przyjmuje postać:

$$\dot{Y} = \dot{\beta}_1 \dot{X}_1 + \dot{\beta}_2 \dot{X}_2 + \dots + \dot{\beta}_n \dot{X}_n + \varepsilon_i \quad (4)$$

gdzie cząstkowe współczynniki regresji dla zmiennych standaryzowanych są nazywane współczynnikami ścieżek (ang. path coefficients) i wyrażają wpływ bezpośredni każdej ze zmiennych przyczynowych na zmienną zależną (Wright, 1923). Zależność między współczynnikiem ścieżki (p_i) a odpowiadającym mu cząstkowym współczynnikiem regresji wielokrotnej jest następująca:

$$p_i = \dot{\beta}_i = \beta_i \left(\frac{S_{X_i}}{S_Y} \right) \quad (5)$$

Stosowanie analizy ścieżek wymaga spełnienia tych samych założeń, jakie są konieczne dla zastosowania regresji wielokrotnej liniowej (Okta, 1986).

Poza określeniem wpływu bezpośredniego poszczególnych zmiennych niezależnych na zmienną zależną, możemy określić wpływ pośredni każdej zmiennej przyczynowej na zmienną zależną poprzez pozostałe zmienne niezależne. W tym celu należy zsumować iloczyny współczynników korelacji i wartości współczynników ścieżek z pozostałymi zmiennymi niezależnymi:

$$\sum_{j=1, j \neq i}^k p_j r_{ij} \quad (6)$$

Suma efektów: bezpośredniego (wyrażonego przez współczynnik ścieżki) i efektów pośrednich wyrażonych wzorem (6) dla każdej z zmiennych przyczynowych jest równa wartości współczynnika korelacji prostej Pearsona między daną zmienną niezależną a zmienną zależną, co można wyrazić następującym równaniem

$$r_{yi} = r_{yx_i} = p_i + \sum_{j=1, j \neq i}^k p_j r_{ij} \quad (7)$$

Stopień determinacji zmiennej zależnej przez zmienne niezależne uwzględnione w modelu regresji wielokrotnej liniowej wyraża wartość współczynnika determinacji (R^2). W modelu liniowym przyjętym do analizy ścieżek współczynnik determinacji jest równy iloczynowi współczynników ścieżek i wartości odpowiednich współczynników korelacji prostej:

$$R^2 = \sum_{i=1}^k p_i r_{yi} \quad (8)$$

Przy wielu zmiennych niezależnych w modelu stosuje się również skorygowany współczynnik determinacji, uwzględniający liczbę zmiennych niezależnych, który określamy wg poniższej zależności:

$$R^2 = R^2 - (1 - R^2) \frac{(k-1)}{(n-k)} \quad (9)$$

gdzie k - liczba zmiennych niezależnych, n — liczba obserwacji

OCENA DETERMINACJI PLONU PRZEZ JEGO SKŁADOWE PRZY WYKORZYSTANIU ANALIZY ŚCIEŻEK

Plon roślin uprawnych możemy zazwyczaj przedstawić jako iloczyn zmiennych nazywanych składowymi plonu. W zależności od metody oceny tych składowych plonu (ocena bezpośrednia każdej z nich lub też pośrednia ocena jednej ze składowych), wartość ich iloczynu jest równa dokładnie wartości plonu lub też jest przybliżoną oceną plonu (Garcia del Moral i in., 1991; Dofing i Knight, 1992; Szempliński, 2003). Mimo, że zależność między składowymi plonu a plonem jest zależnością multiplikatywną, to model analizy regresji przyjęty do analizy ścieżek jest zawsze modelem liniowym. W przypadku, gdy każda ze składowych jest określana metodą bezpośrednią (iloczyn składowych jest jedynie przybliżoną oceną plonu), to możliwe jest w modelu liniowym transformowanie wartości zmiennych niezależnych (składowych plonu) poprzez ich logarytmowanie dla zwiększenia determinacji zmiennej zależnej przez zmienne przyczynowe.

Liczba składowych plonu uwzględnianych w modelu jest różna i waha się zazwyczaj od 2 do 5. W przypadku plonu zbóż najczęściej za składowe plonu przyjmuje się: liczbę kłosów na jednostce powierzchni, średnią liczbę ziarniaków w kłosie i średnią masę pojedynczego ziarniaka (Dofing i Knight, 1992; Rozbicki, 1997; Zajac i in., 1997; Szafranski i Kulig, 1998; Garcia del Moral i in., 2005). Możliwe jest przyjęcie mniejszej liczby składowych (np. liczby kłosów na jednostce powierzchni i średniej masy ziarna z kłosa) lub też większej liczby składowych (np. liczba roślin na jednostce powierzchni, średnia liczba kłosów na 1 roślinie, średnia liczba kłosków w kłosie, średnia liczba ziarniaków w kłosku i średnia masa pojedynczego ziarniaka) (Sinebo, 2002; Garcia del Moral i in., 2003, 2005; Moragues i in., 2006). W przypadku innych gatunków roślin uprawnych składowe plonu są określane w podobny sposób, np. dla roślin strączkowych (np. soja) składowe mogą być następujące: liczba roślin na jednostce powierzchni, średnia liczba strąków na roślinie, średnia liczba nasion w strąku i średnia masa pojedynczego nasienia (Board i in., 1999; Ball i in., 2001).

Dane, które wykorzystywane są do oceny wpływu składowych na plon pochodzą najczęściej z ścisłych doświadczeń czynnikowych, a wszystkie dane (z wszystkich poziomów czynników) są zazwyczaj traktowane jako dane pochodzące z jednej populacji, czasami wykonuje się odrębne analizy dla poszczególnych poziomów jednego z czynników doświadczenia (Garcia del Moral i in., 2005). Pojedyncze obserwacje są średnimi z poletek, przy czym często ocena tych zmiennych jest wykonywana jedynie na niewielkiej próbie roślin reprezentującej dane poletko. Metodyka przyjęta do oceny składowych przez różnych autorów jest często inna, zazwyczaj plon ziarna określany jest na większej powierzchni, np. z całego poletka lub powierzchni 1 m², a pozostałe składowe są oceniane z mniejszej powierzchni wyznaczonej najczęściej w środkowej części poletka. Poza tym zazwyczaj tylko dwie składowe są określane bezpośrednio, a trzecia składowa plonu jest wyznaczana pośrednio na podstawie masy plonu i dwóch jego składowych. Moragues i wsp. (2006) w badaniach nad pszenicą przyjęli oznaczanie liczby kłosów i liczby ziaren w kłosie z próby roślin pobranych z 1 mb z środkowej części poletka, natomiast MTZ została określona pośrednio na podstawie masy plonu ziarna (przy wilgotności 12%) z całego poletka. W badaniach Garcia del Moral i in. (2003, 2005) dotyczących składowych plonu pszenicy wszystkie składowe plonu były określane bezpośrednio. Liczbę kłosów na jednostce powierzchni określano również na podstawie próby roślin pobranej z 1 mb, liczbę ziaren w kłosie na podstawie podpróby składającej się z 10 wybranych roślin, MTZ na podstawie trzech prób ziarna liczących 300 ziarniaków. Plon ziarna był oceniany z całego poletka i przeliczany na 12% wilgotności.

Bardzo podobną metodykę stosowano również w badaniach Garcia del Moral i in. (1991) nad jęczmieniem jarym, jedyną różnicą była metoda oceny MTZ, która oceniano na podstawie pojedynczej próby 250 ziarniaków. W badaniach Sinebo (2002) nad jęczmieniem jarym liczba ziaren w kłosie i średnia masa ziarniaka były określane na podstawie próby składającej się z 10 kłosów, natomiast liczba kłosów była określana na podstawie próby z 1 m² a plon ziarna z całego poletka.

Samonte i in. (1998, 2005) w badaniach nad ryżem, liczbę wiech na jednostce powierzchni i liczbę ziarniaków w wieszce określano na podstawie próby roślin pobranych z czterech rzędów ze środka poletka, natomiast masa 100 ziarniaków była określana na podstawie trzech powtórzeń dla każdego poletka.

Metodyka oceny składowych roślin nie zbożowych, jest nieco inna, ze względu na odmienną budowę morfologiczną poszczególnych gatunków roślin uprawnych. W doświadczeniach nad soją Ball i in. (2001) liczbę strąków określano na próbie składającej się z 6 lub 12 roślin z każdego poletka, masę pojedynczego nasiona określano na próbie 100 nasion natomiast plon nasion z jednostki powierzchni na podstawie próby roślin z 12,2 mb (z rzędów wewnętrznych), co stanowiło około 25% powierzchni całego poletka. Plon nasion był przeliczany dla 13 % wilgotności nasion. Liczba roślin na jednostce powierzchni była oceniana na 4 losowo wybranych rzędach o długości 1,5 m na każdym poletku.

Nieco inną metodykę oceny składowych i plonu nasion soi zastosowali Board i in., plon nasion był określany z dużej części poletka (od 4,3 do 8,6 m²) z pominięciem rzędów zewnętrznych, a liczba strąków na roślinie, liczba nasion w strąku i masa pojedynczego nasiona na podstawie próby losowo wybranych 10 roślin.

W badaniach dotyczących składowych plonu koniczyny rocznej Iannucci i Martiniello (1998) plon nasion oceniali na podstawie próby z 1 m² przeliczając go następnie na wilgotność 15%, a składowe plonu (liczba kwiatostanów na pędzie, liczba nasion w kwiatostanie i masa 1000 nasion) były oceniane na próbie losowo wybranych 20 pędów.

Metody oceny wielkości plonu i jego składowych w doświadczeniach nad różnymi gatunkami roślin uprawnych znacznie różnią się między sobą, przy czym można stwierdzić, że plon jest określany zazwyczaj na powierzchni dość dużej, obejmującej często całe poletko. Powierzchnia pojedynczego poletka waha się najczęściej od kilku do kilkunastu m², możemy, zatem stwierdzić, że metoda oceny wielkości plonu jest w pełni reprezentatywna. Natomiast składowe plonu, są zazwyczaj oceniane na niewielkiej próbie, której reprezentatywność może budzić wątpliwości, np. ocena składowych plonu na kilku losowo wybranych roślinach jest zapewne obarczona dużym błędem doświadczalnym, ze względu na bardzo niewielką część roślin z poletka, jaką obejmuje. Poza tym wielu autorów nie precyzuje, w jaki sposób zostały pobrane podpróby roślin do oceny składowych, informacja, że „wybrano rośliny losowo” nie określa precyzyjnie stosowanej metody wyboru, co z kolei utrudnia przeprowadzenie porównywalnego doświadczenia w innych warunkach lub z innymi genotypami. Stosowana metodyka oceny poszczególnych składowych nie ma przyjętych ogólnie uznawanych standardów, co jest nie tylko problemem przy porównywaniu wyników z różnych doświadczeń, ale również porównywanie wpływu poszczególnych składowych na plon na podstawie analiz wyników uzyskanych z niektórych doświadczeń może nie być w pełni wiarygodne (Kozak i Mądry, 2006).

Po określeniu, które zmienne uznamy za składowe plonu możemy przyjąć *a priori* jakie zależności przyczynowo-skutkowe występują między badanymi zmiennymi. Jeśli uwzględnimy 3 składowe plonu zbóż to zależności między nimi można przedstawić wg poniższego schematu przedstawionego na rysunku 1.

Zazwyczaj przyjmuje się, że na schematach przyczynowo-skutkowych stosowanych dla analizy ścieżek, strzałki z jednym grotem oznaczają zależności jednokierunkowe (wyrażane współczynnikami ścieżek), a strzałki z dwoma grotami zależności dwukierunkowe (wyrażane współczynnikami korelacji).

Dla przyjętego schematu zależności możemy zatem określić wartości współczynników ścieżek przyjmując następujący model liniowy regresji wielokrotnej:

$$\dot{Y} = p_{1y} \dot{X}_1 + p_{2y} \dot{X}_2 + p_{3y} \dot{X}_3 + \varepsilon_i \quad (10)$$

Cząstkowe współczynniki regresji wielokrotnej w tym modelu nazywamy współczynnikami ścieżek (p_i) są one oceną bezpośredniego wpływu każdej ze składowych na plon ziarna, natomiast efekty pośrednie możemy określić wg poniższych równań: dla zmiennej X_1 : $r_{12} \cdot p_{y2} + r_{13} \cdot p_{y3}$

Suma efektów bezpośrednich i pośrednich dla każdej ze składowych jest równa współczynnikowi korelacji, zatem:

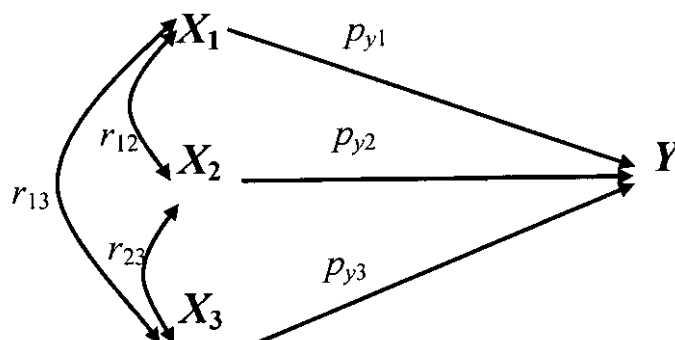
$$r_{1y} = p_{y1} + r_{12} \cdot p_{y2} + r_{13} \cdot p_{y3}$$

$$r_{2y} = p_{y2} + r_{12} \cdot p_{y1} + r_{23} \cdot p_{y3}$$

$$r_{3y} = p_{y3} + r_{13} \cdot p_{y1} + r_{23} \cdot p_{y2}$$

Udział zmienności plonu przez jego składowe wyraża współczynnik determinacji (R^2), który w omawianym modelu jest równy:

$$R^2 = r_{y1}p_{y1} + r_{y2}p_{y2} + r_{y3}p_{y3}$$



X_1 — liczba kłosów na jednostce powierzchni, number of spikes per unit area

X_2 — średnia liczba ziaren w kłosie, average number of grains per spike

X_3 — masa pojedynczego ziarniaka, weight of individual kernel

Y — plon ziarna, grain field

$p_{y,i}$ — współczynniki ścieżek, path coefficients

r_{ij} — współczynniki korelacji prostej między zmiennymi przyczynowymi; correlation coefficients between causal variables

Rys. 1. Schemat zależności przyczynowo-skutkowych między składowymi plonu (X_i) a plonem ziarna zbóż (Y)

Fig. 1. Cause and effect relationship diagram among yield components (X_i) and cereals grain yield (Y)

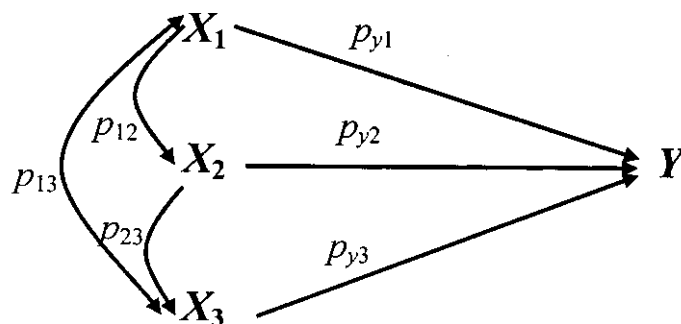
Z uwagi na to, że kształtowanie składowych plonu nie odbywa się jednocześnie, lecz każda ze składowych kształtuje się na innych etapach rozwoju rośliny, to niektórzy badacze proponują modyfikację powyższego schematu zależności przyczynowo-skutkowych. W badaniach Kleppera i wsp. (1998) nad pszenicą ozimą stwierdzono, że liczba kłosów na jednostce powierzchni kształtuje się od siewu do początku kłoszenia, liczba ziaren w kłosie od fazy strzelania w źdźbło do końca kwitnienia, a masa pojedynczego ziarniaka od fazy kłoszenia do końca wypełniania się ziarniaka, czyli fazy dojrzałości woskowej. Alternatywny model zależności przyczynowo-skutkowych dla analizy ścieżek uwzględniający sekwencyjne kształtowanie się składowych plonu zbóż proponowany przez Dofinga i Knighta (1992) oraz Garcia del Moral i wsp. (1991) oraz stosowany m.in. przez Mamana i wsp. (2004) oraz Garcia del Moral i wsp. (2003) można przedstawić według schematu przedstawionego na rysunku 2.

W tym modelu nie określamy wpływu składowych później kształtujących się na składowe tworzące we wcześniejszych etapach ontogenezy. Zależności przedstawione na rysunku 2 można opisać równaniem (10) oraz następującymi dwoma równaniami regresji:

$$X_2 = p_{12}\dot{X}_1 + \varepsilon_i$$

$$X_3 = p_{13}\dot{X}_1 + p_{23}\dot{X}_2 + \varepsilon_i$$

Badając powyższe zależności określamy wartości współczynników ścieżek (których wartości są takie same dla modelu zależności przedstawionego na rysunkach 1 i 2) wyrażające wpływ bezpośredni składowych na zmienność plonu. Ponadto badamy wpływ bezpośredni liczby kłosów na jednostce powierzchni na średnią liczbę ziaren oraz wpływ bezpośredni liczby kłosów i średniej liczby ziaren w kłosie na średnią masę pojedynczego ziarniaka.



X_1 — liczba kłosów na jednostce powierzchni, number of spikes per unit area

X_2 — średnia liczba ziaren w kłosie, average number of grains per spike

X_3 — masa pojedynczego ziarniaka, weight of individual kernel

Y — plon ziarna, grain yield

p_{ij} , p_{yi} — współczynniki ścieżek, path coefficients

Rys. 2. Schemat zależności przyczynowo-skutkowych między składowymi plonu (X_i) a plonem ziarna zbóż (Y) uwzględniający sekwencyjne kształtowanie się składowych plonu

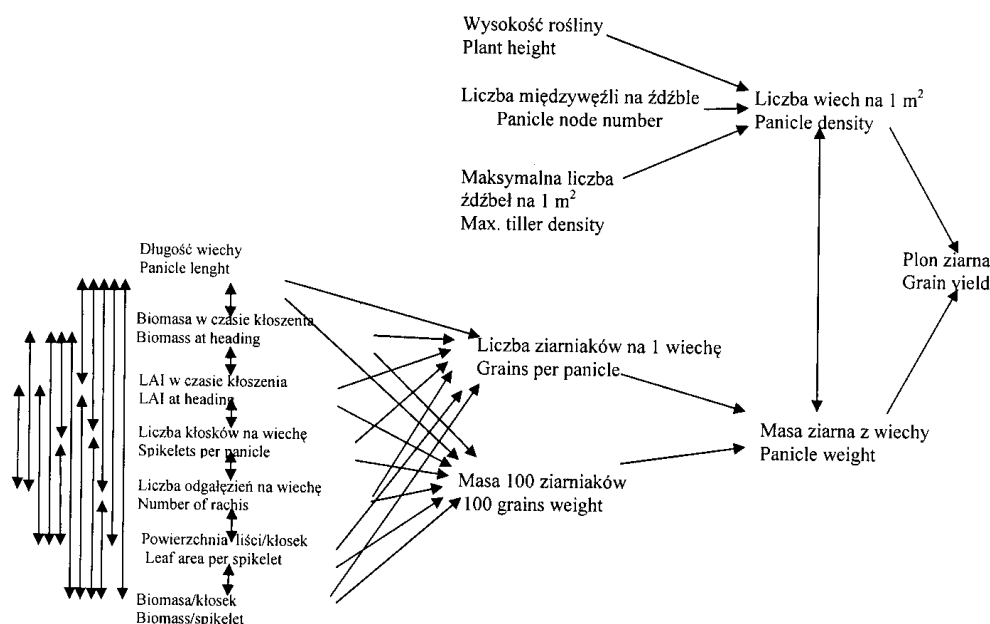
Fig. 2. Cause and effect relationship diagram among yield components (X_i) and cereals grain yield (Y) taking into account sequential yield components forming

OCENA DETERMINACJI PŁONU PRZEZ INNE CECHY PŁONOTWÓRCZE ROŚLIN

W badaniach agronomicznych analizuje się także wpływ innych cech plonotwórczych roślin na plon. Wpływ ten określany z użyciem analizy ścieżek często jest traktowany jako bezpośredni dla wszystkich badanych cech (Ball i in., 2001; Ahmed i in., 2003; Ali i in., 2003; Okuyama i in., 2005; Bhargava i in., 2007). Przyjęcie takiego modelu zależności, w którym wszystkie cechy plonotwórcze są cechami pierwszego rzędu nie uwzględnia ich rozwoju w kolejnych fazach ontogenezy rośliny. Dlatego też coraz częściej przyjmuje się złożone modele analizy ścieżek. W zależności od przyjętego modelu przyczynowo-skutkowego cechy będące zmiennymi przyczynowymi, można podzielić na cechy plonotwórcze pierwszego rzędu (ang. primary level traits), nazywane też składowymi plonu pierwszego rzędu (ang. primary yield components), cechy plonotwórcze drugiego rzędu (ang. secondary level traits) — składowe plonu drugiego rzędu (ang. secondary components) i cechy plonotwórcze trzeciego rzędu (ang. tertiary level traits) — składowe

trzeciego rzędu (ang. tertiary components) (Samonte i in., 1998; Board i in., 1999, 2003; Mohammadi i in., 2003). Pojęcie składowe plonu według niektórych autorów (Kozak i Mądry, 2006) powinno być używane wyłącznie do cech, które bezpośrednio wpływają na wielkość plonu (najczęściej iloczyn ich jest równy wartości plonu), natomiast pozostałe cechy roślin nie będące składowym, ale wpływające na plon nazywane są najczęściej cechami plonotwórczymi lub cechami powiązanymi z plonem (ang. yield-related traits).

Cechy plonotwórcze pierwszego rzędu są to zazwyczaj cechy, które są właściwymi składowymi plonu tj. bezpośrednio wpływające na jego wielkość, cechy plonotwórcze drugiego rzędu są cechami, które bezpośrednio nie wpływają na plon, natomiast wpływają na zmienność składowych plonu. Cechy plonotwórcze trzeciego rzędu wpływają natomiast bezpośrednio na cechy plonotwórcze drugiego rzędu a wpływ ich na składowe plonu i plon jest pośredni. W zależności od przyjętego modelu przyczynowo-skutkowego możemy różne cechy zaliczyć do różnych grup cech (Sinebo, 2002). W przypadku zbóż do cech plonotwórczych drugiego lub trzeciego rzędu zalicza się najczęściej cechy morfologiczne roślin, jak również cechy charakteryzujące łan roślin jako całość np. liczba wszystkich pędów na jednostce powierzchni, udział pędów, które utrzymały się do końca okresu wegetacji, liczba kłosków w kłosie, liczba ziarniaków w kłosku, długość okresu wegetacji rośliny, długość okresu wypełniania się ziarniaków, LAI (ang. leaf area index) i biomasa w poszczególnych fazach rozwojowych rośliny itp. (Samonte i in., 1998; Garcia del Moral i in., 2005). W przypadku innych gatunków roślin uprawnych cechy te mogą być oczywiście inne (Iannucci i Martinello, 1998; Board i in., 1999) zazwyczaj są związane z wcześniejszymi etapami ontogenezy roślin (np. dla soi: liczba międzywęźli, udział międzywęźli produktywnych, wskaźniki wzrostu CGR (ang. crop growth rate) itp.). Podobnie tak, jak w przypadku określenia wpływu składowych plonu na jego zmienność przy pomocy analizy ścieżek, również przy dużej liczbie cech, które mogą być powiązane z plonem należy wstępnie (*a priori*) określić model zależności przyczynowo-skutkowych, a następnie określić z użyciem analizy ścieżek, które cechy (zmienne przyczynowe) wpływają istotnie na cechy zależne (Samonte i in., 1998; Mohammadi i in., 2003). Dobór właściwego modelu do analizy ścieżek powinien być oparty na wiedzy dotyczącej kolejności kształtowania się każdej z cech w procesie ontogenezy roślin. Przykładowy model zastosowany przez Samonte i wsp. (1998) w ocenie determinacji plonu ryżu przez składowe i inne cechy plonotwórcze przedstawiony jest na rysunku 3. Wszystkie cechy powiązane z plonem (14 cech) zostały podzielone na 3 grupy. Pierwszą grupę stanowią 2 cechy (cechy plonotwórcze pierwszego rzędu), będące jednocześnie składowymi plonu tj. liczba wiech na 1 m² i masa ziarna z wiechy, cechy te stanowią końcowy komponent diagramu analizy ścieżek.



Rys. 3. Schemat zależności między cechami plonotwórczymi a plonem ziarna ryżu (za Samonte i in., 1998)

Fig. 3. Cause and effect relationship diagram among rice yield and yield related traits (according to Samonte *et al.* 1998)

Kolejną grupę cech (cechy drugiego rzędu) tworzą wysokość rośliny, liczba międzywęzli na źdźble i maksymalna liczba źdźbeł/m² oraz liczba ziarniaków na 1 wiechę i masa 100 ziarniaków, cechy te wpływają bezpośrednio na cechy pierwszego rzędu i tworzą 2 komponenty diagramu analizy ścieżek. Pozostałe cechy związane z plonem są cechami trzeciego rzędu i wpływają bezpośrednio na 2 spośród cech drugiego rzędu, tworząc 2 kolejne komponenty diagramu analizy ścieżek. Cały diagram przyczynowo-skutkowy przedstawiony na rysunku 3, tworzy, zatem 5 komponentów analizy ścieżek, z których każdy możemy analizować odrębnie, stosując analogiczne metody, które dotyczyły diagramu z rysunku 1. Podział dużej liczby cech na cechy kolejnych rzędów umożliwia określenie determinacji dla każdej z zmiennych zależnych w poszczególnych komponentach analizy ścieżek, przez zmienne przyczynowe. Jednocześnie eliminuje wzajemny wpływ cech silnie skorelowanych, które dzięki podziałowi na kolejne rzędy cech są w odrębnych komponentach analizy ścieżek. Takie podejście stosowane może być nie tylko do oceny determinacji plonu z jednostki powierzchni, ale również jako końcową zmienną zależną można potraktować masę ziarna z kłosa lub rośliny (Mohammadi i in., 2003). Diagram zależności przyczynowo-skutkowych przyjęty wstępnie (*a priori*) do analizy ścieżek można modyfikować w trakcie analiz wykorzystując na przykład regresję krokową, co pozwala wyeliminować cechy przyczynowe bardzo silnie skorelowane lub też

nie wykazujące istotnego związku z zmienną zależną. Włączenie do diagramu zależności przyczynowo-skutkowych wielu cech powiązanych z plonem i jednocześnie zastosowanie sekwencyjnego modelu analizy ścieżek pozwala na lepsze zrozumienie kształtowania się kolejnych cech na poszczególnych etapach ontogenezy roślin (Garcia del Moral i in., 1991, 2003). Tworzenie złożonych modeli analizy ścieżek uwzględniających kolejność kształtowania się badanych cech zakłada, że wcześniej rozwijające się cechy mogą wpływać na inne rozwijające się w późniejszych fazach ontogenezy, natomiast brak jest wpływu o odwrotnym kierunku. Takie ontogenetyczne podejście (ang. ontogenetic approach) do analizy ścieżek wydaje się bardziej właściwe, gdyż uwzględnia dobór modelu nie tylko oparty na uzyskaniu dużej determinacji zmiennych zależnych, ale przede wszystkim na powiązaniu cech z uwzględnieniem kryteriów biologicznych (Garcia del Moral i in., 1991, 2003; Samonte i in., 1998).

Podobnie tak jak w przypadku oceny determinacji plonu przez jego składowe, również w przypadku modeli złożonych wykorzystujących wiele różnych cech ważna jest metodyka oceny poszczególnych cech. Do oceny wielu cech plonotwórczych wykorzystuje się te same próby roślin, które były użyte do oceny składowych plonu, tak, więc ocenę tych cech dokonuje się na określonej liczbie roślin lub też na określonej powierzchni. Z uwagi na to, że wiele cech ocenianych w złożonych modelach analizy ścieżek rozwija się sekwencyjnie, to również pomiary tych cech są rozciągnięte w czasie, począwszy od wschodów roślin do osiągnięcia pełnej dojrzałości. W wspomnianym już doświadczeniu Samonte i wsp. (1998), kilka z badanych cech było określane w czasie wegetacji roślin. Biomasa roślin była określana na każdym poletku w czasie kwitnienia roślin na podstawie pięciu prostokątnych powierzchni ($0,72 \text{ m} \times 0,30 \text{ m}$). Z tych samych prób roślin był oceniany w sposób destrukcyjny wskaźnik powierzchni liści łąnu LAI. Rośliny zostały wykopane a następnie wyodrębniono z nich poszczególne organy (w tym liście), a następnie powierzchnia asymilacyjna roślin została określona przy pomocy urządzenia CI-251.

W złożonych modelach analizy ścieżek wykorzystywane są również inne wskaźniki fizjologiczne informujące o dynamice wzrostu roślin. W badaniach Boarda i wsp. (1999) nad soją uwzględniono dwa wskaźniki fizjologiczne oznaczane w okresie wegetacji na podstawie akumulacji biomasy przez rośliny, były to wskaźnik przyrostu plonu (ang. crop growth rate — CGR) oraz pochłanianie światła przez rośliny (ang. light interception — LI).

Duża liczba cech może być również określana w jednym czasie, czego przykładem jest doświadczenie z kukurydzą Mohammadi i wsp. (2003), w którym 14 różnych cech (m.in.: średnica kolby, długość i szerokość ziarniaków, wysokość rośliny, liczba liści na roślinie) było oceniane w czasie zbioru. Cechy te było oceniane na pięciu wybranych z każdego poletka roślinach. Podobnie w doświadczeniu z jęczmieniem jarym, Sinebo (2002) w złożonym modelu analizy ścieżek wykorzystał przede wszystkim cechy, które mierzono na roślinach w czasie zbioru (np. plon słomy, indeks żniwny — HI, wysokość rośliny). Jedyną cechą mierzoną w wcześniejszej fazie rozwojowej była wysokość pędów wegetatywnych określana w fazie strzelania w źdźbło na pięciu wybranych roślinach z każdego poletka.

Poza cechami bezpośrednio związanymi z budową morfologiczną roślin w złożonych modelach często wykorzystywane są zmienne określające czas trwania poszczególnych okresów rozwojowych roślin (Garcia del Moral i in., 1991, 2005; Sinebo, 2002; Moragues i in., 2006). W badaniach Sinebo (2002) zmiennymi przedstawionymi jako czas były: czas wypełniania ziarna jęczmienia (ang. grain filling duration — GFD), czyli różnica między czasem od siewu do pełnej dojrzałości a czasem od siewu do kłoszenia oraz indeks faz (ang. phase index), czyli iloczyn czasu wypełniania ziarna przez czasem od siewu do pełnej dojrzałości. W badaniach Garcia del Moral i wsp. (2005) zmienne powiązane z czasem rozwoju roślin to długość okresu wegetacji roślin, czas wypełniania ziarna i wskaźnik wypełniania ziarna (ang. grain filling rate), który jest wartością współczynnika regresji liniowej prostej dla suchej masy ziarna względem czasu.

Wykonywanie pomiarów wartości różnych cech morfologicznych roślin i wskaźników świadczących o szybkości wzrostu i akumulacji biomasy w czasie wegetacji często wiąże się z zwiększonym błędem doświadczalnym. Może być to spowodowane pomiarami destrukcyjnymi, które całkowicie eliminują część roślin z poletka z dalszej oceny i uniemożliwiają odniesienie kolejnych wyników do dokładnie tych samych roślin. Inną przyczyną zwiększania się błędu w kolejnych w czasie pomiarach może być nieco inna powierzchnia, na której są wykonywane poszczególne pomiary roślin, np. z uwagi na niemożliwość uwzględnienia wszystkich roślin na poletku w czasie oceny.

Mimo tych wad modele złożone analizy ścieżek, w których uwzględniana liczba cech roślin jest duża umożliwiają pełniejszą ocenę determinacji plonu z rośliny lub jednostki powierzchni, pozwalają stwierdzić, które z cech najsilniej wpływają na kształtowanie zmienności plonu (Board i in., 1999).

INNE METODY W OCENIE DETERMINACJI PLONU

Metoda analizy ścieżek opracowana przez Wrighta (1921, 1923, 1934) jest powszechnie stosowana i akceptowana w naukach rolniczych i biologicznych. Powstają jednak modyfikacje tej metody, które są coraz częściej stosowane zamiast klasycznej analizy ścieżek (Kozak i Kang, 2006; Kozak i in., 2007). Według Shipleya (2002), stosowanie klasycznej analizy ścieżek ma wiele niedoskonałości, jedną z nich jest brak możliwości statystycznego testowania struktury modelu przyczynowo-skutkowego, istnieje jedynie możliwość testowania istotności poszczególnych pojedynczych ścieżek. Dlatego też, proponuje on rozwinętą przez Jöreskoga (1970) i Keeslinga (1972) analizę ścieżek umożliwiającą testowanie modelu oparte na metodzie największej wiarygodności (ang. maximum likelihood) wykorzystującej modelowanie równań strukturalnych (ang. structural equation modeling — SEM). Analiza ścieżek oparta na metodzie największej wiarygodności powszechnie stosowana jest w naukach socjologicznych, psychologii oraz coraz częściej w naukach biologicznych i rolniczych, w tym w określaniu determinacji plonu przez jego składowe (Mitchell, 1992; Agrama i in., 1999). Podstawową zaletą tych metod jest wybór najlepszego modelu przyczynowo-skutkowego, co jest zwłaszcza ważne przy złożonych modelach analizy ścieżek.

Inną metodą stosowaną zamiast analizy ścieżek w ocenie determinacji plonu przez jego składowe jest analiza oparta na dwuwymiarowym podziale zmienności plonu (ang. two-dimensional partitioning of yield variation — TDP), która uwzględnia jednocześnie wpływ czynników doświadczalnych i składowych plonu na jego zmienność. Metoda ta oparta jest na analizie regresji i analizie wariancji, stosowana w ocenie determinacji plonu konieczne jest założenie sekwencyjnego kształtowanie się poszczególnych składowych plonu (Eaton i in., 1986; Gołaszewski, 1996). Zaletą tej metody jest uwzględnienie wpływu czynników doświadczenia, których wpływ w klasycznej analizie ścieżek jest pomijany, bądź wykonywane są odrębne analizy dla wybranych poziomów czynników doświadczenia. Stosowanie metody TDP w ocenie determinacji plonu przez jego składowe wymaga transformacji zmiennych (składowych i plonu) poprzez otogonalizację Gram-Schmidta, które następnie są wykorzystywane do przeprowadzenia analizy regresji wielokrotnej, w której zmienną zależną jest plon i analiz wariancji dla każdej zmiennej. Wyniki z analizy regresji i analiz wariancji służą następnie do określenia wpływu poszczególnych składowych i jednocześnie czynników doświadczenia na zmienność plonu. Analiza ta jest więc narzędziem odpowiadającym jednocześnie na wiele pytań, co pozwoliło na dość szybkie upowszechnienie tej metody w ocenie determinacji plonu przez jego składowe (Tarimo, 1997; Spaner i in., 2001; Gołaszewski i in., 1998, 2001; Soenarto, 2001).

Kozak (2006) twierdzi, że metoda TDP, ze względu na uwzględnienie sum kwadratów z analizy wariancji nie jest jednak w pełni wiarygodną metodą oceny determinacji plonu przez poszczególne składowe, gdyż wartości sum kwadratów nie mogą być porównywalne między różnymi źródłami zmienności i różnymi analizami wariancji.

PODSUMOWANIE

Analiza ścieżek w ocenie determinacji plonu roślin uprawnych jest metodą pozwalającą stwierdzić, które z cech roślin najsilniej wpływają na zmienność plonu. Stwierdzenie, które są to cechy pozwala przyjąć bardziej precyzyjne kryteria w hodowli nowych genotypów (Balkema-Boomstra, 1992). Rozwój genetyki sprawił, że często możliwe jest już określenie, które geny odpowiadają w największym stopniu za kształtowanie się tych cech, co z kolei można wykorzystać w hodowli roślin wykorzystując metody genetyki molekularnej (Slafer, 2003). W zależności, jakie cechy uwzględnimy w ocenie determinacji plonu możemy uzyskać mniej lub bardziej precyzyjną odpowiedź, na pytanie: na co zwrócić uwagę przy hodowli nowych wysoko produktywnych genotypów w zróżnicowanych warunkach środowiskowych. Za bardzo ważny element badań nad wpływem składowych plonu i innych cech roślin na zmienność plonu należy uznać przyjęcie właściwej metodyki prowadzenia doświadczeń, zwłaszcza gdy uwzględniamy dużą liczbę cech, których ocena może być obciążona dużym błędem doświadczalnym (np. destrukcyjne pomiary w czasie okresu wegetacji roślin). Przyjęcie właściwego modelu, zwłaszcza w modelach złożonych oraz prawidłowa interpretacja wyników badań nad determinacją plonu musi opierać się na znajomości biologicznych podstaw plonowania badanego gatunku, w szczególności ważna jest sekwencja kształtowania się składowych i innych badanych cech roślin i wzajemne zależności między nimi (Acreche i Slafer, 2006).

LITERATURA

- Acreche M., Slafer G. 2006. Grain weight response to increases in number of grains in wheat in a Mediterranean area, *Field Crops Research* 98: 52–59
- Agrama H. , Zakaria A., Said F., Tuinstra M. 1999. Identification of quantitative trait loci for nitrogen use efficiency in maize. *Molecular Breeding*, 5 (2): 187 — 195.
- Ahmed H., Khan, B., Khan S., Kissana N., Laghari S. 2003 . Path coefficient analysis in bread wheat, *Asian J. Plant Sci.*, 2 (6): 491 — 494.
- Ali N., Javidfar F., Elmira Y., Mirza Y. 2003. Relationship among yield components and selection criteria for yield improvement in winter rapeseed (*Brassica napus* L.). *Pak. J. Bot.*, 35 (2): 167 — 174.
- Annicchiarico P., Pecetti L. 1998. Yield vs. morphophysiological trait-based criteria for selection of durum wheat in a semi-arid Mediterranean region (northern Syria). *Field Crop Res.* 59, (3): 163 — 173.
- Balkema-Boomstra A. 1992 . The relation between grain yield and some related traits of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) and their usefulness in a breeding program. *Euphytica* 65 (2): 99 — 106.
- Ball R., McNew R., Vories E., Keisling T., Purcell L. 2001. Path analyses of population density effects on short-season soybean yield. *Agron. J.* 93: 187 — 195.
- Bhargava A., Shukla S., Ohri D. 2007. Genetic variability and interrelationship among various morphological and quality traits in quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). *Field Crops Research* 101: 104–116.
- Board J., Kang M. S., Harville B. 1999. Path analyses of the yield formation process for late-planted soybean. *Agron. J.*, 91: 128 — 135.
- Board, J. , Kang, M. S., Bodrero, M. L. 2003. Yield components as indirect selection criteria for late-planted soybean cultivars. *Agron. J.* 95: 420 — 429.
- Budzyński W., Jankowski K., Szempliński W. 2003. Cultivar-related and agronomic conditions of rye yielding on good rye soil suitability complex part I. Yield and its relationship with the yield components. Vol. 6, issue 1, *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, ser. Agronomy*.
- Dofing M., Knight W. 1992. Alternative model for path analysis of small-grain yield. *Crop Sci.* 32: 487 — 489.
- Eaton G. W., Bowen P. A., Jolliffe P. A. 1986. Two-dimensional Partitioning of Yield Variation. *HortScience* 21: 1052 — 1053.
- Garcia del Moral L., Ramos M., Garcia del Moral B., Jimenez-Tejada P. 199 . Ontogenic approach to grain production in spring barley based on path-coefficient analysis. *Crop Sci.* 31: 1179 — 1185.
- Garcia del Moral L., Rharrabti Y., Elhani S., Martos V., Royo C. 2005. Yield formation in Mediterranean durum wheat's under two contrasting water regimes based on path-coefficient analysis. *Euphytica* 146: 203 — 212.
- Garcia del Moral L., Rharrabti Y., Villegas D., Royo C. 2003. Evaluation of grain yield components in durum wheat under Mediterranean conditions: an ontogenic approach. *Agron. J.* 95: 266 — 274.
- Gołaszewski J. 1996. A Method of Yield Component Analysis. *Biometrical Letters* 33 (2): 79 — 88.
- Gołaszewski J., Idżkowska M. Milewska, J. 1998. The TDP Method of Seed Yield Component Analysis in Grain Legume Breeding. *J. Appl. Genet.* 39 (4): 299 — 308.
- Gołaszewski J., Idżkowska M., Milewska J., Koczowska I. 2001. Yield component analysis with SYCA and TDP in Fodder Pea. *Plant Breed. Seed Sci.* 45 (2): 77 — 85.
- Iannucci A., Martiniello P. 1998. Analysis of seed yield components in four Mediterranean annual clovers. *Field Crop Res.*, 55, 235 — 243.
- Jöreskog K. 1970. A general method for analysis of covariance structures. *Biometrics* 57: 239 — 251.
- Keesling J. 1972. Maximum likelihood approaches to causal analysis. Chicago, Department of Education, University of Chicago.
- Klepper, B., Rickman, R., Waldman, S., Chevalier, P. 1998. The physiological life cycle of wheat: Its use in breeding and crop management. *Euphytica* 100: 341 — 347.

- Kozak M. 2006. Two-dimensional partitioning of yield variation: a critical note. *Plant Breed. Seed Sci.* 53: 37 — 42.
- Kozak M., Singh P. K., Verma, M. R., Hore, D. K. 2007. Causal mechanism for determination of grain yield and milling quality of lowland rice. *Field Crops Research* 102: 178 — 184.
- Kozak M., Kang M.S. 2006 . Note on modern path analysis in application to crop science. *Commun. Biometry Crop Sci.* 1 (1): 32 — 34.
- Kozak, M., Mądry, W. 2006. Note on yield component analysis. *Cereal Research Communications* 34 (2–3): 933 — 940 .
- Maddox D., Antonovics J. 1983 . Experimental ecological genetics in *Plantago*: a structural equation approach to fitness components in *P. aristata* and *P. patagonica*. *Ecology*, 64 (5): 1092 — 1099.
- Maman N., Mason S., Lyon D., Dhunganga P. 2004. Yield components of peral millet and grain sorghum across environments in the central great plains. *Crop Sci.* 44: 2138 — 2145.
- Mohammadi S., Prasanna B., Singh N. 2003 . Sequential path model for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize. *Crop Sci.* 43: 1690 — 1697.
- Mitchell R. J. 1992 . Testing evolutionary and ecological hypotheses using path analysis and structural equation modeling, *Functional Ecology*, 6 (2): 123 — 129.
- Moragues M., Garcia del Moral L., Moralejo M., Royo C. 2006 . Yield formation strategies of durum wheat landraces with distinct pattern of dispersal within the Mediterranean basin. I. Yield components. *Field Crops Res.* 95: 194 — 205.
- Oktaba W. 1986. Metody statystyki matematycznej w doświadczałnictwie. PWN Warszawa.
- Okuyama L., Federizzi L., Barbosa Neto J. 2005 . Plant traits to complement selection based on yield components in wheat. *Ciência Rural*, 35, 5: 1010 — 1018.
- Rozbicki J. 1997: Agrotechniczne uwarunkowania wzrostu, rozwoju i plonowania pszenżyta ozimego. Fundacja "Rozwój SGGW".
- Samonte S., Wilson L., McClung A. 1998. Path analyses of yield and yield-related traits of fifteen diverse rice genotypes. *Crop Sci.*, 38: 1130 — 1136.
- Samonte S., Wilson L., Tabien R. 2005 . Maximum node production rate and main culm node number contributions to yield and yield-related traits in rice. *Field Crops Research* 96, 313 — 319.
- Shahinnia F., Rezai M., Sayed Tabatabaei E. 2005 . Variation and path analysis of important agronomic traits in two- and six-rowed recombinant inbred lines in barley (*Hordeum vulgare* L. . *Czech J. Genet. Plant Breed.* 41: 246 — 250.
- Shipley B. 2002. Cause and correlation in biology. A user's guide to path analysis, structural equations and causal inference. Cambridge University Press, Cambridge.
- Sinebo W. 2002. Yield relationships of barleys grown in a tropical highland environment. *Crop Sci.*, 42: 428 — 437.
- Slafer G. 2003. Genetic basis of yield as viewed from a crop physiologist's perspective. *Ann. Appl. Biol.* , 142: 117 — 128.
- Soenarto 2001. Morphological components of yield in sweet potato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). Praca doktorska, University of British Columbia, Kanada.
- Spaner D., Todd A., McKenzie B. 2001 . The effect of seeding rate and nitrogen fertilization on barley yield and yield components in a cool maritime climate. *J. Agronomy & Crop Science* 187: 105 — 110.
- Szafranski W., Kulig B. 1998. Metoda współczynników ścieżek w ocenie współzależności cech determinujących plon ziarna jęczmienia jarego. *Zesz. Nauk. AR Kraków ser. Rolnictwo*, 35: 93 — 101.
- Szempliński W. 2003. Siedliskowe i agrotechniczne uwarunkowania produkcji ziarna jęczmienia jarego na paszę w północno-wschodniej Polsce. *UWM Olsztyn*: 7 — 87.
- Tarimo A. 1997 . Physiological response of groundnut to plant population density. *African Crop Science Journal* 5 (3): 267 — 272.
- Wright S. 1921. Correlation and causation. *J. Agric. Res.* 20: 557 — 585.
- Wright S. 1923. The theory of path coefficients — a reply to Niles's criticism. *Genetics* 8: 239 — 255.
- Wright S. 1934. The method of path coefficients. *Ann. Math. Statist.* 5: 161 — 215.

Zajac T., Krawontka J., Szmigiel A. 1997. Oszacowanie determinacji plonu ziarna jęczmienia jarego na podstawie predykcji regresyjnej i zmienności elementów struktury plonu. Zesz. Nauk. AR Kraków ser. Rolnictwo, 34: 141 — 151.

DARIUSZ GOZDOWSKI¹**WIESŁAW MĄDRY**¹**ZDZISŁAW WYSZYŃSKI**²**MARIA KALINOWSKA-ZDUN**²¹Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie²Katedra Agronomii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Charakterystyka i empiryczne porównanie prostej oraz złożonej analizy ścieżek w ocenie determinacji plonu roślin przez ich cechy plonotwórcze

Część II. Przykład z jęczmieniem jarym

**Characteristics and empirical comparison of simple and complex path analysis in
grain yield determination by yield - related traits**

Part II. Example on spring barley

Ocena determinacji plonu roślin zbóż jest ważna przy określaniu, które cechy plonotwórcze wpływają na zmienność plonu ziarna i jakie kryteria powinny być uwzględniane w procesie hodowli wysokoplonujących genotypów. W pracy przedstawiono analizę determinacji plonu ziarna jęczmienia jarego przez wybrane cechy plonotwórcze. Analizy wykonano stosując dwa podejścia tj. ścieżki proste, gdzie zakładamy, że wszystkie cechy bezpośrednio wpływają na plon oraz ścieżki złożone, gdzie cechy plonotwórcze zostały podzielone na cechy pierwszego rzędu (bezpośrednio wpływające na plon) i cechy drugiego rzędu. Uzyskane wyniki wykazały, że podejście wykorzystujące prosty model przyczynowo-skutkowy nie powinno być stosowane w przypadku wzajemnego skorelowania cech plonotwórczych kształtujących się na różnych etapach rozwojowych rośliny. W podejściu wykorzystującym ścieżki proste nie wykazano wpływu krzewienia produktywnego i liczby roślin po wschodach, które to cechy niewątpliwie wpływają na wielkość plonu ziarna. Podejście wykorzystujące ścieżki złożone w analizowanym przykładzie okazało się lepsze, ze względu na uwzględnienie ontogenetycznej kolejności kształtowania się poszczególnych cech plonotwórczych.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek, cechy plonotwórcze, składowe plonu

Evaluation of determination of cereals yield is important for determining, which yield-related traits influence yield variability, and what criteria should be taken in breeding of high-yielding genotypes. This paper shows the determination of spring barley yield by some yield-related traits. The analyses were conducted using two approaches: simple paths, in which we assume that all traits have direct effects on grain yield, and complex paths, where yield-related traits were divided into primary yield-

related traits (which have direct influence on yield) and secondary yield-related traits. The obtained results proved that the approach with simple casual model should not be used when yield-related traits formed at different developmental stages are correlated. Using the simple path analysis the effects of tillering and of a number of plants were not proved, although these traits certainly have significant influence on yield variability. The approach with complex paths appeared to be more useful as it relates to the ontogenetic sequence of forming of particular yield-related traits.

Key words: path analysis, yield-related traits, yield components

WSTĘP

Prawidłowa ocena determinacji plonu przez wiele cech plonotwórczych kształtujących się na różnych etapach ontogenezy z użyciem analizy ścieżek często nie jest łatwa przede wszystkim ze względu na trudności wynikające z doboru właściwego modelu przyczynowo-skutkowego (Dofing i Knight, 1992; Samonte i in., 1998; Sinebo, 2002; Kozak i Mądry, 2006). Różne podejścia stosowane w takich analizach zostały opisane w pierwszej części pracy (Gozdowski i Mądry, 2008). Ze względu na rodzaj modelu przyczynowo-skutkowego można wyróżnić analizę ścieżek prostą, w której oceniamy jednoczesny wpływ wielu cech plonotwórczych na plon oraz analizę ścieżek złożoną, w której cechy plonotwórcze dzielimy ze względu na etap ontogenezy, w którym się kształtują a następnie tworzymy model, w którym poszczególne grupy cech są traktowane jako cechy plonotwórcze pierwszego rzędu, drugiego rzędu i ewentualnie dalszych rzędów. Takie podejście wydaje się słuszne ze względu na branie pod uwagę biologicznych i fizjologicznych podstaw plonowania. Często jednak ustalenie etapu ontogenezy na którym kształtuje się dana cecha nie jest łatwe, wynika to z równoczesnego kształtowania się wielu cech w dłuższym okresie rozwoju rośliny (Klepper i in., 1998, Slafer, 2003). W takim wypadku konieczne jest arbitralne przyjęcie fazy rozwojowej rośliny, w której kształtuje się dana cecha na bazie dostępnej wiedzy o wzroście i rozwoju danego gatunku. Z tego względu, że wielu badaczy prezentuje do podobnych problemów różne podejścia, to opracowywane modele przyczynowo-skutkowe uwzględniające podobne cechy często znacznie się różnią między sobą. Wraz z zwiększaniem liczby badanych cech następuje coraz większe skomplikowanie przyjmowanych modeli, które dodatkowo mogą być modyfikowane w czasie wykonywanych analiz, np. cechy o znikomym wpływie bezpośrednim i pośrednim na plon mogą być usuwane z modelu (Samonte i in., 1998; Sinebo, 2002; Moragues i in., 2006). Należy również pamiętać o eliminacji z modelu cech plonotwórczych wzajemnie bardzo silnie skorelowanych lub też, jeśli występuje takie merytoryczne uzasadnienie, przyporządkowanie ich różnych rzędów poziomów) cech plonotwórczych.

Celem niniejszej pracy jest porównanie dwóch podejść do analizy ścieżek w determinacji plonu na przykładzie z jęczmieniem jarym. Prezentowane są prosta i złożona analiza ścieżek oraz różnice wynikające z każdego z podejść.

MATERIAŁ I METODY

Dane doświadczalne pochodzą z doświadczenia z jęczmieniem jarym odm. Rasbet z 4 lat (1999–2002) przeprowadzonego w RZD SGGW Chylice.

W każdym roku liczba jednostek obserwacyjnych wynosiła 16 (4 poziomy nawożenia $N = 0, 30, 60$ i $90 \text{ kg/ha} \times 4$ powtórzenia). Łączna liczba jednostek obserwacyjnych w badaniach z 4 lat wynosiła $n = 64$. Każde z poletek miało powierzchnię 30 m^2 .

Na różnych etapach ontogenezy oceniano poszczególne cechy plonotwórcze:

X_1 — Liczba roślin po wschodach na jednostce powierzchni (szt./ m^2)

X_2 — Krzewienie produktywne

X_3 — Liczba kłosów w czasie zbioru (szt./ m^2)

X_4 — Średnia masa pojedynczego ziarniaka (na podstawie MTZ) (w mg)

X_5 — Średnia liczba ziaren w kłosie (szt.)

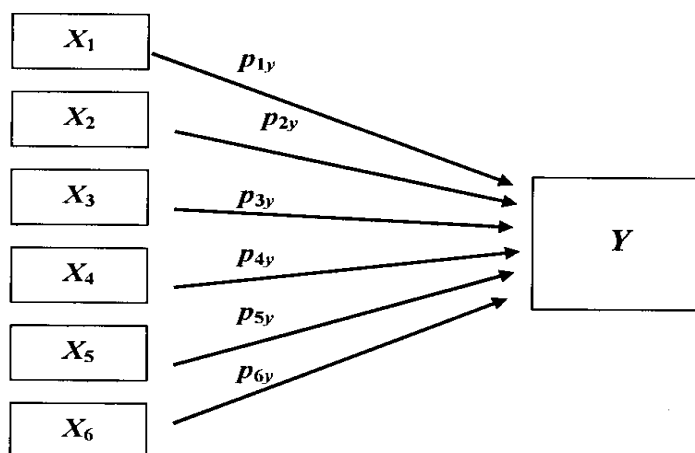
X_6 — Masa ziarna z kłosa (g).

W czasie zbioru oceniono plon ziarna (Y) z poletka i przeliczono na plon w t/ha .

Cechy X_1, X_3, X_4 i Y oceniane były bezpośrednio, natomiast pozostałe zostały wyliczone pośrednio na podstawie wartości tych cech. Liczbę roślin po wschodach oceniono na 9 mb rzędów wybranych w trzech częściach poletka. Liczbę kłosów oceniono na podstawie próby z roślin zebranych z 1 m^2 z środkowej części poletka w czasie zbioru, a MTZ oceniono na 1000 ziarniakach wybranych z tej próby.

Dane doświadczalne poddano analizie statystycznej z wykorzystaniem analizy ścieżek (Wright, 1921). Przyjęto dwa różne modele przyczynowo-skutkowe:

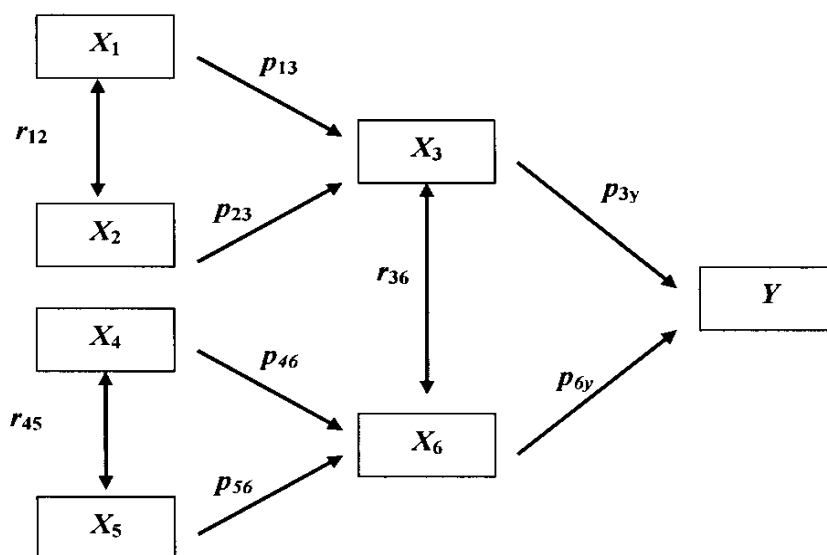
— prosty model (rys. 1) w którym wszystkie cechy plonotwórcze jednocześnie wpływają na plon ziarna.



p_{iy} — współczynniki ścieżek, path coefficients

Rys. 1. Diagram przedstawiający model przyczynowo-skutkowy przyjęty do prostej analizy ścieżek
Fig. 1. Cause and effect relationship diagram for simple path analysis

— model złożony (rys. 2) w którym cechy plonotwórcze zostały podzielone na dwie grupy tj. cechy plonotwórcze pierwszego rzędu (wpływające bezpośrednio na plon) oraz cechy plonotwórcze drugiego rzędu (kształtujące się na wcześniejszych etapach ontogenezy).



p_{ij} ; p_{ij} — współczynniki ścieżek, path coefficients

r_{ij} — współczynniki korelacji prostej, simple correlation coefficients

X_3 , X_6 — cechy plonotwórcze I rzędu, primary yield – related traits

X_1 , X_2 , X_4 , X_5 — cechy plonotwórcze II rzędu, secondary yield - related traits

Rys. 2. Diagram przedstawiający model przyczynowo-skutkowy przyjęty do złożonej analizy ścieżek
Fig. 2. Cause and effect relationship diagram for complex path analysis

Należy dodać, że przyjęty model zależności przyczynowo-skutkowych nie jest jedynym możliwym modelem i istnieje więcej możliwości konstruowania modeli z wykorzystaniem tych cech. Podstawowym kryterium przy budowie modelu zależności przyczynowo-skutkowych było jasne przedstawienie różnic między tymi dwoma podejściami oraz jednocześnie uwzględnienie kolejności kształtowania się poszczególnych cech plonotwórczych. Celem niniejszej pracy nie było konstruowanie możliwie najlepszego modelu przyczynowo-skutkowego, dlatego też może się okazać, że inny model dla tych samych danych doświadczalnych lepiej oddawałby rzeczywiste zależności plonu od badanych cech plonotwórczych.

WYNIKI BADAŃ

Dane przedstawione w tabeli 1 wskazują na stosunkowo niewielką zmienność badanych cech. Spośród nich największą zmiennością charakteryzowały się krzewienie produktywne

(CV=22,0%) oraz liczba kłosów w czasie zbioru (CV=22,1%), natomiast cechami o najmniejszej zmienności były średnia masa pojedynczego ziarniaka (CV=10,3%) oraz masa ziarna z kłosa.

Tabela 1

Średnie i parametry charakteryzujące zmienność badanych cech
Mean values and parameters of examined traits variability

	Średnia Mean	Min.	Max.	Odchylenie standardowe Standard deviation	Współczynnik zmienności (%) Coefficient of variability
Liczba roślin po wschodach (szt./m ²) (X_1) Number of plants per m ² after emergence	321	210	457	61	18,9
Krzewienie produktywne (X_2) Tillering index	1,86	1,00	2,93	0,41	22,0
Liczba kłosów w czasie zbioru (szt./m ²) (X_3) Number of spikes per m ² during harvest	586	359	868	129	22,1
Średnia masa pojedynczego ziarniaka (mg) (X_4) Weight of individual kernel	42,44	29,35	48,78	4,35	10,3
Średnia liczba ziaren w kłosie (X_5) Average number of grains per spike	17,9	12,9	24,7	2,51	14,0
Masa ziarna z kłosa (g) (X_6) Weight of grains per spike	0,754	0,495	0,899	0,090	12,0
Plon ziarna (t/ha) (Y) Grain yield	4,33	2,42	5,73	0,66	15,2

Wartości współczynników korelacji wskazują na umiarkowanie silne współzależności między liczbą kłosów w czasie zbioru a krzewieniem produktywnym oraz masą ziarna z kłosa a masą pojedynczego ziarniaka i liczbą ziaren w kłosie (dodatnie współzależności), jak również między masą ziarna z kłosa a liczbą kłosów w czasie zbioru i masą ziarna z kłosa a krzewieniem produktywnym (ujemne współzależności). Nie stwierdzono jednak bardzo silnych współzależności między badanymi cechami, co uzasadnia włączenie wszystkich ocenianych cech do modeli analiz ścieżek. Na uwagę zasługuje również to, że między prawie wszystkimi cechami występują istotne współzależności, zatem uzasadnione jest zastosowanie wielowymiarowej metody (np. analizy ścieżek) w ocenie determinacji plonu.

Wartości współczynników ścieżek w przypadku ścieżek prostych, w których oceniono jednoczesny wpływ wszystkich badanych cech plonotwórczych na plon wskazują na zdecydowanie najsilniejszy wpływ liczby kłosów na plon ziarna (wsp. ścieżki 1,42). Wpływ pozostałych cech był zdecydowanie mniejszy, przy czym w podobnym stopniu plon determinowały masa ziarna z kłosa i średnia masa ziarniaka (współczynniki ścieżek odpowiednio 0,49 i 0,42), nieco mniejszy wpływ miała liczba ziaren w kłosie (0,29). Brak istotnego wpływu (współczynniki ścieżek bliskie wartości 0) stwierdzono dla liczby roślin po wschodach oraz krzewienia produktywnego. Było to spowodowane wzajemnym

skorelowaniem z innymi cechami plonotwórczymi, a zwłaszcza z liczbą kłosów w czasie zbioru.

Tabela 2

Macierz współczynników korelacji prostej między badanymi cechami
Matrix of correlation coefficients between examined traits

	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅	X ₆
Krzewienie produktywne (X ₂) Tillering index	-0,42*					
Liczba kłosów w czasie zbioru (szt./m ²) (X ₃) Number of spikes per m ² during harvest	0,39*	0,66*				
Średnia masa pojedynczego ziarniaka (mg) (X ₄) Weight of individual kernel	-0,43*	-0,22	-0,55*			
Średnia liczba ziaren w kłosie (X ₅) Average number of grains per spike	0,27*	-0,39*	-0,21	-0,55*		
Masa ziarna z kłosa (g) (X ₆) Weight of grains per spike	-0,10	-0,63*	-0,74*	0,26*	0,65*	
Plon ziarna (t/ha) (Y) Grain yield	0,50*	0,38*	0,79*	-0,58*	0,29*	-0,19

*- Współzależność istotna przy $\alpha=0,05$, Correlation significant at $\alpha=0,05$

Tabela 3

Współczynniki ścieżek i współczynniki korelacji z plonem
Path coefficients and correlation coefficients with grain yield

Cecha plonotwórcza Yield - related trait	współczynniki ścieżek (efekty bezpośrednie) path coefficients (direct effects)		współczynniki korelacji z plonem ziarna (efekt całkowity) correlation coefficients with grain yield (total effect)(r_{iy})
	ścieżki złożone complex paths	ścieżki proste simple paths	
Liczba roślin po wschodach (X ₁) Number of plants after emergence	$p_{13} \times p_{3y} = 0,81 \times 1,43 = 1,16^{**}$	$p_{1y} = 0,002$	0,50**
Krzewienie produktywne (X ₂) Tillering index	$p_{23} \times p_{3y} = 0,99 \times 1,43 = 1,42^{**}$	$p_{2y} = -0,02$	0,38**
Liczba kłosów w czasie zbioru (X ₃) Number of spikes during harvest	$p_{3y} = 1,43^{**}$	$p_{3y} = 1,42^{**}$	0,79**
Średnia masa pojedynczego ziarniaka (X ₄) Weight of individual kernel	$p_{46} \times p_{6y} = 1,14 \times 0,87 = 0,99^{**}$	$p_{4y} = 0,42^{**}$	-0,58**
Średnia liczba ziaren w kłosie (X ₅) Average number of grains per spike	$p_{56} \times p_{6y} = 0,77^{**}$	$p_{5y} = 0,29^*$	0,29*
Masa ziarna z kłosa (g) (X ₆) Weight of grains per spike	$p_{6y} = 0,87^{**}$	$p_{6y} = 0,49^{**}$	-0,19

** - Współzależność istotna przy $\alpha = 0,01$, Relationship significant at $\alpha = 0,01$

W przypadku analizy ścieżek, w których wykorzystano ścieżki złożone, efekty bezpośrednie na plon wyrażone przez współczynniki ścieżek były dla wielu cech zupełnie inne niż w podejściu z ścieżkami prostymi. Wynikało to z wydzielenia cech plonotwórczych pierwszego rzędu i cech plonotwórczych drugiego rzędu, które są wzajemnie skorelowane. Przeprowadzone analizy przy przyjęciu złożonego modelu analizy ścieżek

wykazały podobnie jak w przypadku ścieżek prostych najsilniejszy wpływ liczby kłosów na plon (wsp. ścieżki 1,43). Nieco tylko mniejszy wpływ stwierdzono dla krzewienia produktywnego (wsp. ścieżki 1,42), wszystkie pozostałe cechy również silnie determinowały zmienność plonu, przy czym względnie słabszy wpływ stwierdzono dla masy ziarna z kłosa i liczby ziaren w kłosie (wsp. ścieżek odpowiednio 0,87 i 0,77). Wszystkie badane cechy miały dodatni wpływ na plon. Porównując wartości współczynników ścieżek dla ścieżek prostych i złożonych możemy stwierdzić, że największe różnice występowały w ocenie wpływu liczby roślin po wschodach i krzewienia produktywnego. Stosując podejście z wykorzystaniem ścieżek złożonych możemy stwierdzić bardzo duży wpływ tych dwóch cech plonotwórczych podczas gdy w podejściu z ścieżkami prostymi nie stwierdzono determinacji plonu przez te cechy.

DYSKUSJA

Przeprowadzone analizy z zastosowaniem dwóch odmiennych podejść do analizy ścieżek tj. ścieżek prostych i złożonych pozwalają na porównanie tych dwóch metod, jak również ich ocenę. Uzyskane wyniki ujawniają główną wadę prostych modeli analizy ścieżek, którą jest brak możliwości oceny wpływu cech wzajemnie silnie skorelowanych i kształtujących się na kolejnych etapach ontogenezy. Wykonane analizy z wykorzystaniem ścieżek prostych nie pozwoliły na udowodnienie wpływu liczby roślin po wschodach i krzewienia produktywnego, co było możliwe stosując ścieżki złożone. Analizowany przykład bardzo wyraźnie przedstawia zalety stosowania ścieżek złożonych, a to między innymi z powodu włączenia cech plonotwórczych multiplikatywnych. Obecnie obydwa podejścia, tj. z wykorzystaniem ścieżek prostych (Seker i Serin, 2004; Wu i in., 2006) i złożonych są nadal powszechnie stosowane. Wzrasta jednak liczba badań, w których wykorzystuje się złożone modele przyczynowo-skutkowe dla wyjaśnienia determinacji plonu przez różne cechy plonotwórcze (Sinebo, 2002; Board i in., 2003; Garcia del Moral i in., 2005). Podstawową zaletą takiego podejścia jest uwzględnienie wszystkich cech plonotwórczych z uwzględnieniem etapu rozwoju rośliny, w którym się kształtują. Jednocześnie taka metoda analizy pozwala na udowodnienie wpływu wielu cech plonotwórczych, wzajemnie silnie skorelowanych, które kształtują się sekwencyjnie w kolejnych fazach rozwojowych rośliny a których wpływ na zmienność plonu przy podejściu wykorzystującym prostą analizę ścieżek nie byłby udowodniony.

WNIOSKI

1. Analiza ścieżek w ocenie determinacji plonu roślin uprawnych jest metodą pozwalającą stwierdzić, które z plonotwórczych cech roślin najsilniej wpływają na zmienność plonu. Te informacje pozwalają określić bardziej efektywne kryteria selekcyjne w hodowli wartościowych genotypów.
2. Przyjęcie właściwego modelu, zwłaszcza w modelach złożonych, oraz prawidłowa interpretacja wyników badań nad determinacją plonu przez cechy plonotwórcze powinna opierać się na znajomości biologicznych podstaw plonowania badanego

- gatunku, w szczególności ważna jest kolejność kształtowania się plonotwórczych cech roślin i wzajemne związki między nimi.
3. Od doboru właściwego modelu przyczynowo-skutkowego analizy ścieżek zależą uzyskane wyniki oraz wnioski wysunięte na ich podstawie. Konsekwencje przyjęcia nieadekwatnego modelu analizy ścieżek w badaniach są szczególnie niekorzystne w przypadku występowania silnych współzależności między zmiennymi objaśniającymi.

LITERATURA

- Board J., Kang, M. S., Bodrero M. L. 2003. Yield components as indirect selection criteria for late-planted soybean cultivars. *Agron. J.* 95: 420 — 429.
- Dofing M., Knight W. 1992. Alternative model for path analysis of small-grain yield. *Crop Sci.* 32: 487 — 489.
- Garcia del Moral L., Rharrabti Y., Elhani S., Martos V., Royo C. 2005. Yield formation in Mediterranean durum wheat's under two contrasting water regimes based on path-coefficient analysis. *Euphytica* 146: 203 — 212.
- Gozdowski D., Mądry W. 2008. Charakterystyka i empiryczne porównanie prostej oraz złożonej analizy ścieżek w ocenie determinacji plonu roślin przez ich cechy plonotwórcze. Cz. I Prezentacja stosowanych metod. *Biul. IHAR (złożone)*
- Klepper B., Rickman R., Waldman S., Chevalier, P. 1998. The physiological life cycle of wheat: Its use in breeding and crop management. *Euphytica* 100: 341 — 347.
- Kozak M., Mądry W. 2006. Note on yield component analysis. *Cereal Research Communications* 34 (2-3): 933 — 940.
- Moragues M., Garcia del Moral L., Moralejo M., Royo C. 2006. Yield formation strategies of durum wheat landraces with distinct pattern of dispersal within the Mediterranean basin I: Yield components. *Field Crops Res.* 95: 194 — 205.
- Samonte S., Wilson L., McClung A. 1998. Path analyses of yield and yield-related traits of fifteen diverse rice genotypes. *Crop Sci.*, 38: 1130 — 1136.
- Seker H., Serin Y. 2004. Explanation of relationship between seed yield and some morphological traits in smooth brome grass (*Bromus inermis* Leys.) by path analysis. *European Journal of Agronomy* 21: 1 — 6
- Sinebo W. 2002. Yield relationships of barleys grown in a tropical highland environment. *Crop Sci.* 42: 428 — 437.
- Slafer G. 2003: Genetic basis of yield as viewed from a crop physiologist's perspective. *Ann. Appl. Biol.* , 142: 117 — 128.
- Wright S. 1921. Correlation and causation. *J. Agric. Res.*, 20: 557 — 585.
- Wu Y., Taliaferro C., Martin D., Goad C., Anderson J. 2006. Genetic variability and relationships for seed yield and its components in Chinese *Cynodon* accessions. *Field Crops Research* 98: 245 — 252.

TADEUSZ ADAMSKI¹
ANDRZEJ BICHONSKI²
ZDZISŁAW BILIŃSKI⁵
ZBIGNIEW BYSTRY³
PIOTR JAROSZ⁴
DOROTA JASIŃSKA³
ZYGMUNT KACZMAREK¹
KAROLINA KRYSTKOWIAK¹
ANETTA KUCZYŃSKA¹
WOJCIECH MIKULSKI⁴
BARBARA NOWAK⁵
WANDA ORŁOWSKA-JOB⁶
ZDZISŁAW PASZKIEWICZ³
MICHAŁ RĘBARZ¹
MARIA SURMA¹
ANNA SYBILSKA⁷
RENATA TRZECIAK¹

¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań

² Małopolska Hodowla Roślin, SHR Polanowice

³ Poznańska Hodowla Roślin Sp. z o.o.

⁴ Grupa Szelejowo, Sp. z o.o., SHR Modzurów

⁵ ZDHAR Bąków

⁶ Hodowla Roślin Strzelce, Sp. z o.o.

⁷ ZDHAR Radzików

Interakcja genotypowo-środowiskowa rodów jęczmienia z różnych hodowli

The genotype-environment interaction for barley lines from different breeding stations

Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$) przeprowadzana jest zazwyczaj dla pojedynczych genotypów (odmian, rodów hodowlanych). Również wszelkie informacje uzyskane w wyniku tej analizy, takie jak oceny efektów głównych, testowanie ich istotności, badanie interakcji i próba jej wyjaśnienia za pomocą regresji efektów interakcyjnych względem środowiska odnoszą się do poszczególnych odmian czy rodów. Celem niniejszej pracy jest analiza interakcji $G \times E$ wyróżnionych grup genotypów, a także różnic między nimi. Badano rody jęczmienia jarego pastewnego oraz odmiany wzorcowe pod względem plonu ziarna w doświadczeniach wstępnych. W wyniku analizy oceniono efekty główne poszczególnych grup rodów oraz ich stabilność. Zbadano

również zróżnicowanie tych grup pod względem wysokości plonu i wrażliwości na zmieniające się warunki środowiska. W wyniku tak przeprowadzonej analizy można uzyskać pełniejszą charakterystykę grup obiektów badanych w serii doświadczeń.

Słowa kluczowe: jęczmień jary, doświadczenia wstępne, plon ziarna, stabilność

Analysis of genotype x environment interaction ($G \times E$) is usually performed for individual genotypes (cultivars, breeding lines). Information obtained from the analysis, such as estimates of main effects and their interaction with environments, regression of interaction effects on environments, also refers to individual genotypes. The presented studies were aimed to analyze the $G \times E$ interaction for distinguished groups of genotypes and to assess the differences between them. The experimental data for grain yield from pre-registration experiments with advanced barley breeding lines, carried out in 2004–2007, were analyzed. The main effects of studied groups were estimated and tested. Differentiation within these groups in yielding, stability and susceptibility to various environmental conditions was compared to that in standard cultivars.

Key words: spring barley, pre-registration trials, grain yield, stability

WSTĘP

Jednym z etapów hodowli jęczmienia jarego w Polsce jest ocena rodów w doświadczeniach wstępnych. Doświadczenia te zakładane są na terenie sześciu spółek, zlokalizowanych w różnych regionach kraju, zajmujących się hodowlą twórczą tego gatunku. W serii doświadczeń wstępnych bierze udział 6 grup rodów pochodzących z różnych hodowli, reprezentowanych przez zmieniającą się corocznie liczbę obiektów, oraz odmiany wzorcowe. Tak przyjęta metodyka badań pozwala na dokonanie oceny rodów poprzez porównanie ich z odmianami wzorcowymi, jak również na przeprowadzenie analizy ich interakcji ze środowiskiem. Wykorzystując odpowiednie metody i oparte na nich programy komputerowe możliwe jest przeprowadzenie wszechstronnej analizy poszczególnych obiektów pod względem ich efektów głównych i interakcyjnych, oszacowanie kontrastów między genotypami lub grupami genotypów poprzez ocenę i testowanie średnich efektów dla tych kontrastów z uwzględnieniem ich zależności od warunków środowiska. Można także przeprowadzić analizę środowisk z punktu widzenia ich wpływu na uwidacznianie się różnic między obiektami (Caliński i in., 1983, 1994; Adamski i in., 2008).

Celem niniejszej pracy było pokazanie możliwości przeprowadzania analizy interakcji genotypowo-środowiskowej dla wyróżnionych rodów jęczmienia jarego, a także różnic między nimi. Jako przykład posłużyły wyniki uzyskane z serii doświadczeń wstępnych z jęczmieniem jarym.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono na danych uzyskanych z doświadczeń wstępnych z rodami jęczmienia jarego pastewnego, przeprowadzonych w latach 2004–2007. W każdym roku badano około 40 rodów, pochodzących z sześciu spółek hodowlanych oraz 3 odmiany wzorcowe. Rody pochodzące z danej spółki tworzyły jedną grupę, tym samym w każdym roku doświadczeń występowało 6 grup rodów o różnej liczebności oraz 1 grupa utworzona z odmian wzorcowych. Specyfiką tych doświadczeń jest brak powtarzalności testowanych

w poszczególnych latach rodów. Doświadczenia przeprowadzano w sześciu miejscowościach: Baków, Modzurów, NAGRADOWICE, Polanowice, Radzików i Strzelce. Nasiona wysiewano na poletkach o powierzchni 10 m² w układzie bloków losowanych w 4 powtórzeniach. Analizowano plon ziarna z poletka.

Analizę struktury interakcji genotypowo-środowiskowej grup genotypów przeprowadzono za pomocą programu SERGEN (Caliński i in., 1994). Oceniono efekty główne poszczególnych grup rodów oraz ich stabilność, zróżnicowanie tych grup pod względem wysokości plonu i wrażliwości na zmieniające się warunki środowiska oraz dokonano charakterystyki badanych grup obiektów w serii doświadczeń. W pracy główną uwagę zwrócono na charakterystykę grup rodów w odniesieniu do odmian wzorcowych.

WYNIKI I DYSKUSJA

Średnie plony ziarna uzyskane w latach 2004–2007 dla grup pochodzeniowych były zbliżone i wynosiły od 7,00–7,25 kg z poletka. Uwidoczniły się jednak duże różnice w plonie w poszczególnych latach badań. Najwyższe plony uzyskano w roku 2004 — średnio 8,3 kg z poletka, podczas gdy w roku 2007 tylko 6,1 kg (tab. 1).

Tabela 1

Średni plon dla grup rodów jęczmienia w poszczególnych latach (kg/poletko)
Mean yield for the analyzed barley breeding lines in particular years (kg/plot)

Grupy rodów Group of breeding lines	2004	2005	2006	2007	Średnia Mean
BKH	8,30	7,16	6,75	6,09	7,08
NAD	8,33	7,23	6,64	5,81	7,00
MOB	8,28	7,12	6,77	5,92	7,02
RAH	8,34	7,45	6,95	6,25	7,25
POB	8,09	7,29	6,65	6,19	7,06
STH	8,40	7,40	6,81	6,14	7,19
Wzorce Standard cultivars	8,46	7,40	6,99	6,12	7,24
Średnia Mean	8,31	7,29	6,79	6,07	7,12

Analizowano różnice w plonowaniu między grupami rodów a odmianami wzorcowymi oraz między poszczególnymi grupami a grupą najlepiej plonującą w danym roku. W tabeli 2 przedstawiono wyniki porównania średnich efektów dla rodów stanowiących jedną grupę pochodzeniową z odpowiednimi wartościami oszacowanymi dla odmian wzorcowych. Jak można zauważyć, większość z obserwowanych różnic przyjmowała wartości ujemne, przy czym w około 20% były to wartości statystycznie istotne. Nie odnotowano żadnego przypadku, dla którego pochodzące z danej stacji rody przewyższałyby istotnie odmiany wzorcowe pod względem średniego efektu głównego. Uwagę zwraca rozbieżności w ocenie różnic między grupami rodów a wzorcami w zależności od lokalizacji doświadczeń. Dla przykładu, w przypadku rodów MOB w roku 2004 średni efekt porównań z wzorcami był ujemny i wynosił -0,18, natomiast w poszczególnych lokalizacjach różnice te przybierały wartości od -1,03 do 0,45, co oznacza, że w pewnych

środowiskach ta grupa rodów plonowała lepiej od odmian wzorcowych. Interakcja $G \times E$ dla różnic między grupami rodów a odmianami wzorcowymi była istotna dla przeszło 40% porównań. Najbardziej „niestabilne” okazały się różnice między wzorcami a rodami BKH, ponieważ we wszystkich latach badań interakcja $G \times E$ była istotna. Z kolei korzystnymi właściwościami odznaczały się rody pochodzące z Radzikowa i ze Strzelec, u których istotne efekty interakcyjne obserwowano tylko w jednym roku (tab. 2).

Tabela 2

Średnie oceny porównań grup rodów jęczmienia jarego z odmianami wzorcowymi, zakres wartości ocen kontrastów oraz wartości statystyki F dla interakcji $G \times E$
Mean and range of estimates of contrasts between groups of barley breeding lines and standard cultivars and F-test for $G \times E$ interaction

Grupa rodów Group of breeding lines	Parametr Parameter	2004	2005	2006	2007
BKH	Średnia ocena Mean estimate	-0,15	-0,24*	-0,24*	-0,03
	Zakres Range	(-0,55; 0,30)	(-0,80; 0,19)	(-0,60; 0,26)	(-0,46; 0,39)
	Test F dla $G \times E$ F-test for $G \times E$	5,69*	3,21*	3,99*	2,38*
NAD	Średnia ocena Mean estimate	-0,13	-0,17	-0,35*	-0,30*
	Zakres Range	(-0,63; 0,44)	(-0,95; 0,10)	(-0,67; 0,14)	(-0,93; 0,31)
	Test F dla $G \times E$ F-test for $G \times E$	1,36	3,08*	0,90	4,60*
MOB	Średnia ocena Mean estimate	-0,18	-0,28*	-0,22	-0,20
	Zakres Range	(-1,03; 0,45)	(-0,46; -0,05)	(-0,67; 0,19)	(-0,75; 0,36)
	Test F dla $G \times E$ F-test for $G \times E$	3,76*	0,59	2,11	3,94*
RAH	Średnia ocena Mean estimate	-0,11	0,05	-0,01	0,13
	Zakres Range	(-0,59; 0,52)	(-0,10; 0,25)	(-0,33; 0,33)	(-0,39; 0,44)
	Test F dla $G \times E$ F-test for $G \times E$	1,45	0,39	1,42	3,03*
POB	Średnia ocena Mean estimate	-0,36*	-0,11	-0,34*	0,07
	Zakres Range	(-0,86; 0,07)	(-0,29; 0,14)	(-0,46; 0,01)	(-0,25; 0,66)
	Test F dla $G \times E$ F-test for $G \times E$	3,20*	0,56	0,64	2,17
STH	Średnia ocena Mean estimate	-0,05	0,01	-0,18	0,02
	Zakres Range	(-1,16; 0,35)	(-0,37; 0,24)	(-0,25; 0,12)	(-0,37; 0,30)
	Test F dla $G \times E$ F-test for $G \times E$	3,34*	1,26	0,55	1,78

* $P < 0,05$

Tabela 3

Średnie oceny porównań grup rodów jęczmienia jarego z grupą rodów o najwyższym średnim plonie w danym roku, zakres wartości ocen kontrastów oraz wartości statystyki F dla interakcji G × E

Mean and range of estimates of contrasts between groups of barley breeding lines and group of lines producing the highest yield in particular years, and F-test for G × E interaction

Grupa rodów	Parametry	2004 STH#	2005 RAH#	2006 RAH#	2007 RAH#
BKH	Średnia ocena Mean estimate	-0,20	-0,26	-0,19	-0,16
	Zakres Range	(-0,66; 0,61)	(-0,75; 0,09)	(-0,90; 0,08)	(-0,32; 2,10)
	Test F dla G × E	6,91*	3,87*	8,83*	4,83*
	F-test for G × E				
NAD	Średnia ocena Mean estimate	-0,20	-0,25	-0,31*	-0,43*
	Zakres Range	(-0,75; 1,01)	(-0,90; 0,02)	(-0,58; -0,06)	(-1,34; 0,08)
	Test F dla G × E	6,04*	5,11*	0,51	4,67*
	F-test for G × E				
MOB	Średnia ocena Mean estimate	-0,28	-0,33*	-0,17	-0,33*
	Zakres Range	(-1,11; 0,35)	(-0,56; 0,03)	(-0,42; 0,03)	(-1,19; 0,06)
	Test F dla G × E	4,06*	1,73	1,89	8,39*
	F-test for G × E				
RAH	Średnia ocena Mean estimate	-0,05	—	—	—
	Zakres Range	(-0,67; 0,71)			
	Test F dla G × E	4,91*			
	F-test for G × E				
POB	Średnia ocena Mean estimate	-0,11	-0,16*	-0,30*	-0,05
	Zakres Range	(-0,95; 0,42)	(0,07; 0,39)	(0,08; 0,58)	(-0,27; 0,55)
	Test F dla G × E	4,38*	0,47	1,56	3,00*
	F-test for G × E				
STH	Średnia ocena Mean estimate	—	0,05	-0,13	-0,10
	Zakres Range		(-0,21; 0,62)	(-0,23; 0,36)	(-0,14; 0,61)
	Test F dla G × E		4,91*	2,75*	3,58*
	F-test for G × E				

grupa rodów o najwyższym średnim plonie

* P<0,05 — P<0,05

Interesującym okazało się porównanie średnich efektów dla danej grupy pochodzeniowej z odpowiednimi wartościami oszacowanymi dla grupy rodów o najwyższym w danym roku plonie ziarna (przy wyborze rodów najlepiej plonujących kierowano się tylko wartością średnią). Można zauważyć, że w 3 spośród 4 analizowanych lat badań, to jest 2005–2007, najlepiej plonowały rody wyhodowane w Radzikowie (RAH), (tab. 3). Uwagę zwraca rok 2004, w którym różnice między grupą rodów o najwyższym średnim plonie a pozostałymi były nieistotne. W następnych latach istotne różnice

stwierdzono między rodami RAH a POB w 2005 i 2006 r., RAH a MOB w 2005 i 2007 r. oraz RAH i NAD w 2006 i 2007 r. Dla analizowanych porównań grup rodów statystyka F dla interakcji istotna okazała się w ok. 75% przypadków, a więc znacznie częściej, aniżeli przy porównaniu rodów z odmianami wzorcowymi (20%). Obserwowano również znacznie większą rozpiętość między wartościami uzyskanymi dla poszczególnych środowisk, świadczące o dużym zróżnicowaniu wyników uzyskanych w poszczególnych stacjach (tab. 3).

Analizując plonowanie grup rodów w poszczególnych miejscowościach w stosunku do wzorców stwierdzono, że nie zawsze w doświadczeniach przeprowadzonych na terenie macierzystej stacji rody plonowały najlepiej. W tabeli 4 zamieszczono różnice między grupami rodów a odmianami wzorcowymi w poszczególnych miejscowościach (stacjach), przy czym uwzględniono rody wyhodowane w danej stacji oraz grupę tych rodów, które w danej miejscowości plonowały najlepiej w porównaniu do wzorców.

Tabela 4

Różnice między grupami rodów a odmianami wzorcowymi w poszczególnych miejscowościach i latach badań (w nawiasach – ocena różnic)
Differences between groups of breeding lines and standard cultivars in particular localities and years (in brackets – estimates of contrasts)

Lokalizacja doświadczenia Trial locality	Grupy rodów Groups of breeding lines	2004	2005	2006	2007
Bąków	BKH	BKH (0,30)	BKH (-0,19)	BKH (0,26)	BKH (0,39)
	Rody najwyżej plonujące Highest yielding lines	NAD (0,44)	STH (-0,05)	POB (0,26)	BKH (0,39)
Nagradowice	NAD	NAD (-0,15)	NAD (-0,09)	NAD (-0,42)	NAD (0,13)
	Rody najwyżej plonujące Highest yielding lines	NAD (-0,15)	STH (0,18)	BKH (-0,07)	STH (0,19)
Modzurów	MOB	MOB (-0,02)	MOB (-0,11)	MOB (-0,14)	MOB (-0,75)
	Rody najwyżej plonujące Highest yielding lines	RAH (0,52)	BKH (0,17)	POB (0,20)	RAH (0,44)
Radzików	RAH	RAH (-0,28)	RAH (0,10)	RAH (0,30)	RAH (0,48)
	Rody najwyżej plonujące Highest yielding lines	MOB (0,44)	STH (0,24)	RAH (0,30)	RAH (0,48)
Polanowice	POB	POB (0,03)	POB (-0,21)	POB (-0,41)	POB (-0,12)
	Rody najwyżej plonujące Highest yielding lines	MOB (0,36)	RAH (-0,06)	STH (0,10)	POB (-0,12)
Strzelce	STH	STH (0,09)	STH (-0,37)	STH (0,12)	STH (-0,11)
	Rody najwyżej plonujące Highest yielding lines	STH (0,09)	RAH (0,25)	RAH (0,19)	STH (-0,11)

Tylko w 7 spośród 24 analizowanych doświadczeń najlepszą w danej stacji okazała się grupa „własnych” rodów. Porównując plonowanie poszczególnych grup rodów na tle odmian wzorcowych stwierdzono, że również tylko w 7 przypadkach rody osiągały

relatywnie najwyższy plon w stacji macierzystej (tab. 5). Uwagę zwraca fakt, że analizowane grupy rodów najlepsze efekty wykazywały najczęściej w Radzikowie (w 9 z 24 doświadczeń) i w Bąkowie (w 9 z 24 doświadczeń), rzadziej w Strzelcach (w 4 przypadkach), w Modzurowie i Polanowicach (po 1 przypadku), natomiast w żadnym z doświadczeń przeprowadzonych w Nagradowicach.

Tabela 5

Najwyższe wartości ocen kontrastów grup rodów jęczmienia z odmianami wzorcowymi w poszczególnych latach i miejscowościach
The highest estimates of contrasts between groups of barley breeding lines and standard cultivars in particular years and localities

Grupa rodów Group of breeding lines		2004	2005	2006	2007
BKH	Miejscowość Locality	Bąków	Radzików	Bąków	Bąków
	Ocena kontrastu Contrast estimate	0,30	0,19	0,26	0,39
NAD	Miejscowość Locality	Bąków	Radzików	Bąków	Radzików
	Ocena kontrastu Contrast estimate	0,44	0,10	0,14	0,31
MOB	Miejscowość Locality	Radzików	Bąków	Bąków	Bąków
	Ocena kontrastu Contrast estimate	0,45	-0,05	0,19	0,34
RAH	Miejscowość Locality	Modzurów	Strzelce	Radzików	Radzików
	Ocena kontrastu Contrast estimate	0,52	0,24	0,30	0,48
POB	Miejscowość Locality	Polanowice	Strzelce	Strzelce	Radzików
	Ocena kontrastu Contrast estimate	0,03	0,14	0,01	0,66
STH	Miejscowość Locality	Radzików	Radzików	Strzelce	Bąków
	Ocena kontrastu Contrast estimate	0,35	0,24	0,12	0,30

Analiza doświadczeń przedwstępnych i wstępnych z lat 2003–2006 (Adamski i in., 2008) wykazała, że zarówno Radzików jak i Bąków odznaczały się relatywnie niskim udziałem w interakcji genotypowo-środowiskowej. Środowiska w tych stacjach były bardziej sprzyjające dla rodów niż dla odmian wzorcowych.

WNIOSKI

1. Analiza interakcji $G \times E$ dla różnic między grupami genotypów umożliwia uzyskanie pogłębionej charakterystyki tych grup uwzględniającej ich zintegrowaną reakcję na warunki środowiska. Nieistotna wartość statystyki F dla interakcji $G \times E$ wskazuje, że porównywane grupy genotypów podobnie reagują na zmieniające się warunki środowiskowe.

2. Najmniej zależne od warunków środowiska okazały się różnice w wysokości plonu między wzorcami a grupami rodów wyhodowanych w Radzikowie (RAH), Polanowicach (POB) i Strzelcach (STH).
3. Największe dodatnie różnice w wysokości plonu między grupami rodów a odmianami wzorcowymi najczęściej występowały w doświadczeniach przeprowadzanych w Radzikowie i Bąkowie.

LITERATURA

- Adamski T., Bichński A., Biliński Z., Bystry Z., Jarosz P., Jasińska D., Kaczmarek Z., Krystkowiak K., Kuczyńska A., Mikulski W., Nowak B., Ormowska-Job W., Paszkiewicz Z., Rębarz M., Surma M., Sybilska A. 2008. Wybór miejscowości przydatnych do oceny rodów jęczmienia jarego. Biul. IHAR 247: 31 — 40.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1983. Analiza jednorocznej serii ortogonalnej doświadczeń odmianowych ze szczególnym uwzględnieniem interakcji odmianowo-środowiskowej. Analiza szczegółowa. Biuletyn Oceny Odmian 1 (15): 39 — 60.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1994. SERGEN. Analiza serii doświadczeń odmianowych i genetyczno-hodowlanych. IGR PAN, Poznań.

WOJCIECH RYBIŃSKI¹**KATARZYNA PANKIEWICZ¹****JAN BOCIANOWSKI²****MICHAŁ RĘBARZ¹**¹Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań²Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań

Analiza wybranych cech na poziomie fenotypowym i molekularnym u dwu- i wielorzędowych linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)

Analysis of some traits on phenotypic and molecular level for two- and multi-rowed doubled haploids of spring barley (*Hordeum vulgare* L.)

W wyniku wcześniejszych prac wykonanych w Pracowni Genetyki Ilościowej IGR PAN w Poznaniu uzyskano linie podwojonych haploidów metodą *H. bulbosum*, z wykorzystaniem traktowań mutagennych ziarniaków mieszańców uzyskanych ze skrzyżowania dwóch odmian jęczmienia jarego: dwurzędowej odmiany Maresi i sześciorzędowej odmiany Klimek. Zmienność na poziomie fenotypowym analizowano na podstawie doświadczenia polowego a na poziomie molekularnym poprzez ocenę podobieństwa genetycznego przy zastosowaniu markerów RAPD. Wykorzystując jedenaście wybranych wcześniej starterów PCR-RAPD uzyskano łącznie 87 produktów amplifikacji, z czego 87,4% wykazywało polimorfizm. Stwierdzono znaczny polimorfizm w grupie linii otrzymanych z mieszańców, których ziarniaki poddawano działaniu mutagenu. Wykazano także, że linie w tej grupie w porównaniu z grupą linii kontrolnych charakteryzują się większym zróżnicowaniem na poziomie fenotypowym, pod względem analizowanych cech. Większe zróżnicowanie linii DH w grupie z mutagenem w porównaniu z grupą kontrolną wykazane na poziomie fenotypowym i w mniejszym stopniu na poziomie molekularnym wskazuje, że zmienności rekombinacyjnej utrwalonych mieszańców DH towarzyszy dodatkowa zmienność mogąca wynikać z efektów mutacyjnych wywołanych działaniem mutagenu.

Słowa kluczowe: jęczmień jary, linie podwojonych haploidów, indukowanie mutacji, podobieństwo genetyczne, RAPD, zmienność fenotypowa

Variability of some quantitative morphological traits and RAPD markers was studied in spring barley doubled haploid (DH) lines obtained earlier in the Department of Quantitative Genetics (Institute of Plant Genetics in Poznań) with use of the *Hordeum bulbosum* method. Twenty lines were derived after mutagenic treatment of seed set on F₁ hybrids between the two-rowed cultivar Maresi and the six-rowed one Klimek. Another twenty lines produced from the same F₁ material without mutagens served as the control. Variation of the morphological traits was estimated basing on field trial data. In the

molecular studies eleven PCR-RAPD primers were applied and 87 amplification products were obtained; 87.4% of them were polymorphic. The DH lines obtained with mutagenic treatment showed higher variability of the quantitative traits than the control ones. The same was true, however less distinct, for variability on the molecular level. It indicates, that apart from the variation coming from recombination, an additional variation has been expressed, which may be attributed to the mutation effects.

Key words: genetic similarity, lines of doubled haploids, mutation induction, phenotypic variation, RAPD, spring barley

WSTĘP

We współczesnej uprawie jęczmienia z jednej strony od hodowców oczekuje się wytwarzania nowych wysokoprodukcyjnych odmian o dobrych cechach technologicznych (Czembor, 1989, 1997), a z drugiej strony obserwowane jest niekorzystne zjawisko genetycznego zawężenia i ujednolicenia odmian (Czembor i Czembor, 2003). Stąd poszerzenie zmienności genetycznej, między innymi poprzez korzystanie z prymitywnych odmian miejscowych i dostępnych materiałów kolekcyjnych, jest w pełni uzasadnione.

Jednym z zasadniczych warunków przeprowadzenia efektywnej selekcji roślin uprawnych jest uzyskanie możliwie szerokiej zmienności genetycznej cech. W wielu wypadkach wąska pula genowa stojąca do dyspozycji hodowcy jest głównym czynnikiem limitującym efektywność wyboru nowych wartościowych materiałów wyjściowych. Oprócz coraz powszechniej stosowanych metod inżynierii genetycznej, zarówno rekombinacje, jak i mutacje pozostaną nadal zasadniczymi czynnikami poszerzającymi istniejącą w określonym gatunku zmienność genetyczną cech. Dotyczy to w szczególności indukowania zmienności mutacyjnej, która w przypadku jęczmienia zaowocowała uzyskaniem licznych, wysokoplennych odmian (Małuszyński i in., 2000). Według Campbell i wsp. (1994) indukowane mutacje i hodowla mutacyjna są wartościowym uzupełnieniem konwencjonalnych metod w hodowli roślin i mogą zostać wykorzystane do tworzenia dodatkowej zmienności genetycznej, którą hodowca może wykorzystać w tworzeniu nowych odmian. Niewątpliwym uzupełnieniem klasycznych metod mutagenyzy jest jej wykorzystanie w systemie uzyskiwania linii podwojonych haploidów u różnych gatunków roślin uprawnych. Gametoklonalna zmienność powstająca w kulturach *in vitro* jest istotnym źródłem uzyskiwania pożądanej zmienności lecz częstotliwość genetycznie stabilnych mutantów jest często niezadawalająca. Stąd traktowania mutageniczne z zastosowaniem promieniowania lub chemomutagenów są coraz częściej wykorzystywane do generowania zmienności w pracach wykorzystujących metody kultur *in vitro* (Szarejko i in., 1991). Cytowani autorzy wskazują także na fakt, że recesywne allele indukowane przez mutagen przed lub podczas haploidalnego stadium będą homozygotami w fazie diploidalnej przy jednoczesnej ekspresji fenotypowej. Otwiera to nowe możliwości szybkiej selekcji bez komplikacji wywołanych stanem heterozygotycznym w warunkach *in vitro* czy polowych. Ponadto dla zwiększenia częstotliwości „mutacji punktowych” mutageny mogą być stosowane w różnych stadiach kultur *in vitro* (Chen, 1983).

W badaniach nad generowaniem zmienności genetycznej u jęczmienia w systemie DH, z reguły wykorzystuje się metodę kultur pylnikowych. Podstawową niedogodnością tej

metody jest bardzo duża wrażliwość haploidalnych komórek w reakcji na stosowane mutageny (głównie promienie jonizujące), co drastycznie obniżało rozwój mikrospor i kultur pylnikowych oraz efektywność zastosowanej metodyki (Laib i in., 1996). Traktując kłosa jęczmienia przed kulturą *in vitro* promieniami gamma obserwowano drastyczne zmniejszenie się liczby reagujących pylników a następnie wyraźne zmniejszenie liczby uzyskiwanych zielonych roślin, nawet wtedy kiedy dawki promieniowania były bardzo niskie (5–10 Gy), czyli 15–20 razy niższe niż przy naświetlaniu ziarniaków (Laib i in., 1996). Stosując dawkę 10 Gy nie uzyskano w ogóle zielonych roślin. Wskazuje to na dużą wrażliwość pylników na promieniowanie co znacznie ograniczało efektywność zastosowanej metodyki. Powyżsi autorzy wykazali ponadto, że stosując mutagenne traktowanie ziarniaków zamiast kłosów i wykorzystanie roślin M_1 jako donora mutacji w metodzie kultur pylnikowych, umożliwiło nie tylko zwiększenie dawki promieniowania ale także uzyskanie podobnej liczby zielonych roślin jak w kontroli i wyższą częstotliwość mutantów DH. W prezentowanej pracy jako donora mutacji wykorzystano również rośliny pokolenia M_1 , z tym, że zamiast pylników na pożywkę wykładano niedojrzałe zarodki uzyskane metoda *H. bulbosum*.

Metoda *H. bulbosum* otrzymywania linii DH znalazła szerokie zastosowanie w hodowli jęczmienia głównie z uwagi na możliwość znacznego skrócenia cyklu hodowlanego (o 2–3 lata) oraz ze względu na fakt, że pozwala ona uzyskać w krótkim czasie z dowolnej formy homozygotycznej zestaw form całkowicie homozygotycznych, których wyhodowanie metodami tradycyjnymi jest prawie niemożliwe, gdyż nawet po wielopokoleniowym chowie wsobnym utrzymuje się tzw. resztkowa heterozygotyczność (Adamski i in., 1990; Surma, 1997). W praktyce hodowlanej linii DH wyprowadzane są najczęściej z mieszańców pokolenia F_1 (Pickering i Devaux, 1992), jak i mieszańców dalszych pokoleń (Simpson i Snake, 1981; Adamski, 1993).

Celem pracy była ocena zmienności linii na poziomie fenotypowym i molekularnym w grupie linii DH z wykorzystaniem mutagenu w porównaniu z grupą kontrolną. Ponadto podjęto próbę określenia, czy obok utrwalonej zmienności rekombinacyjnej wystąpiła dodatkowa zmienność mogąca wynikać z efektu indukowania mutacji.

MATERIAŁ I METODY

Linie podwojonych haploidów uzyskane w metodzie *H. bulbosum* (z wykorzystaniem przed kulturą *in vitro* ziarniaków mieszańców traktowanych mutagenami) otrzymano ze skrzyżowania dwóch odmian jęczmienia jarego: dwurzędowej odmiany Maresi i sześciorzędowej odmiany Klimek. Linie DH uzyskane bez uprzedniego traktowania ziarniaków mieszańców mutagenem stanowiły kombinację kontrolną. Do realizacji badań wybrano 40 linii, z których 20 było traktowanych mutagenami (w zakresie numeracji od 61–96), a pozostałe 20 stanowiło kombinację kontrolną bez stosowania mutagenu (w zakresie numeracji od 1–60). W obu grupach znajdowała się ta sama liczba linii dwu- i wielorzędowych. Zmienność na poziomie fenotypowym analizowano na podstawie doświadczenia polowego. Ziarniaki obu grup linii DH wysiewano metodą bloków losowanych w trzech powtórzeniach na poletkach o powierzchni 1 m² w rozstawie 15 × 5

cm. Po zbiorze dla 10 roślin z każdego poletka określano wysokość roślin, długość kłosa, liczbę kłosów z rośliny, liczbę i masę ziaren w kłosie, liczbę i masę ziaren z rośliny oraz masę 1000 ziaren. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie określając wartości minimalne, średnie, maksymalne, wariancję i współczynnik zmienności. Przeprowadzono analizę wariancji dla poszczególnych cech. Współzależność poszczególnych cech określono na podstawie współczynników korelacji dla wartości średnich. Ocenę i wyniki testowania porównań średnich dla cech między grupami linii DH bez mutagenu (linie K) i z mutagenem (linie M) oraz między obydwoma grupami w zależności od rzędowości kłosa przedstawiono w formie kontrastu (Caliński i in., 1976; Ceranka i in., 1997). Podobieństwo między analizowanymi liniami DH pod względem badanych cech fenotypowych łącznie wyrażono odległościami Mahalanobisa. Rozkład średnich dla badanych cech linii DH przedstawiono w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych.

Do analiz molekularnych ziarniaki każdej z zebranych linii w doświadczeniu polowym wysiewano w szklarni do doniczek. DNA ekstrahowano z liści 3–4 tygodniowych siewek przez 15 minut w temperaturze 95°C z wyciętych korkoborem krążków liści o powierzchni 2 mm², umieszczając je w buforze TPS. Reakcje RAPD-PCR odnosiły się dla jedenastu 10 nukleotydowych starterów, wybranych wcześniej spośród 300 o losowej sekwencji. Reakcję prowadzono według protokołu: 5 min w 95°C, 45 cykli — 1 min w 94°C, 2 min w 36°C, 2 min w 72°C; 10 min w 72°C (Kuczyńska i in., 2001). Każdą reakcję przeprowadzono oddzielnie dla czterech losowo wybranych siewek DH. Elektroforezę fragmentów wykonywano przez 2,5 godziny pod napięciem 100 V w 1,5% żelu agarozowym zawierającym bromek etydyny w stężeniu 0,5 mg/L (Kuczyńska i in., 2003). Współczynniki podobieństwa genetycznego analizowanych mutantów określono korzystając ze wzoru zaproponowanego przez Nei i Li, (1979). Wyliczone współczynniki umożliwiły hierarchiczne grupowanie obiektów metodą średnich połączeń. Wyniki przedstawiono w formie dendrogramu.

WYNIKI I DYSKUSJA

Przedstawione w tabeli 1 wartości średniego kwadratu wskazują na istotne zróżnicowanie obiektów (linii DH) pod względem badanych cech, które były przyczynkiem do dalszych wnioskowań statystycznych. Z uwagi, że analizowane linie pochodziły z dwóch grup, a mianowicie z grupy kontrolnej K (bez wykorzystania mutagenu) oraz z grupy z użyciem mutagenu (M), charakterystykę statystyczną przeprowadzono dla każdej z analizowanych cech w każdej z obu grup linii DH (tab. 2). Wartości średnich dla każdej z cech badanych linii łącznie z wyjątkiem cechy wysokości roślin były wyższe dla linii M niż K. Różnice te były szczególnie widoczne dla liczby i masy ziaren z rośliny, a w mniejszym stopniu dla liczby i masy ziaren z kłosa oraz masy 1000 ziaren. Interesujące są również wartości skrajne. Pod względem wysokości roślin wartości minimum i maksimum dla linii K i M wynosiły odpowiednio od 51,4 do 101,2 cm i 38,6 do 82,8 cm.

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla badanych cech linii DH
Mean squares from variance analysis for the investigated traits of DH lines

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Cechy — Traits							
		wysokość roślin plant height	długość kłosa spike length	liczba kłosów z rośliny spikes number per plant	liczba ziaren w kłosie grain number per spike	masa ziaren z kłosa grain weight per spike	liczba ziaren z rośliny grain number per plant	masa ziaren z rośliny grain weight per plant	masa 1000 ziaren weight of 1000 grains
Blok Block	2	25,72	0,1326	1,033*	7,66	0,035	663,2*	0,94	1,23
Obiekt Objects	39	305,89***	3,90***	4,10***	296,77***	0,33***	21414,6***	5,4106***	162,68***
Błąd Error	78	30,83	0,28	0,25	11,11	0,023	135,6	0,24	3,86

*Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0,05$ ***Istotne na poziomie $\alpha = 0,001$; Significant at $\alpha = 0,001$

Tabela 2

Charakterystyka zmienności analizowanych cech w grupach linii DH
Characteristics of traits variation in groups of DH lines

Grupy Groups	cechy traits	min. min.	średnia mean	maks. max.	wariancja variance	współczynnik zmienności coefficient of variation
Kontrola (K) Control (K)	wysokość rośliny plant height (cm)	51,4	68,30	101,2	131,0	16,74
Z mutagenem (M) With mutagen (M)		38,6	65,15	82,8	107,6	15,92
Kontrola Control	długość kłosa spike length (cm)	5,3	7,957	11,4	1,706	16,41
Z mutagenem With mutagen		5,1	7,976	10,2	1,258	14,13
Kontrola Control	liczba kłosów z rośliny spikes number per plant	3,4	6,077	8,6	1,443	19,77
Z mutagenem With mutagen		3,6	6,313	9,6	1,603	10,06
Kontrola Control	liczba ziaren w kłosie grain number per spike	18,0	26,95	60,6	99,91	37,09
Z mutagenem With mutagen		17,6	28,55	57,4	109,9	38,72
Kontrola Control	masa ziaren kłosa grain weight per spike (g)	0,76	1,132	1,50	0,0271	14,54
Z mutagenem With mutagen		0,59	1,334	3,06	0,2063	34,05
Kontrola Control	liczba ziaren z rośliny grain number per plant	68,4	106,2	150,8	467,6	20,36
Z mutagenem With mutagen		57,3	117,4	224,2	1266,0	30,30
Kontrola Control	masa ziaren z rośliny (g) grain weight per plant (g)	1,54	4,215	6,38	1,50	29,06
Z mutagenem With mutagen		1,93	5,017	9,12	2,09	29,88
Kontrola Control	masa 1000 ziaren weight of 1000 grains (g)	24,1	41,83	55,2	60,66	18,65
Z mutagenem With mutagen		29,1	43,13	61,6	50,97	16,55

Uzyskanie form krótkosłomych w grupie M wskazuje na wpływ mutagenu, co jest zgodne z danymi literaturowymi wskazującymi na wysoką efektywność mutagenów w indukowaniu mutantów o skróconej długości źdźbła (Ehrenberg i in., 1961; Kirishnaswami, 1967; Kumar i in., 1967; Rybiński, 1981; Kapała i Rybiński, 1996). Mutant jęczmienia „Diamant” uzyskany promieniami gamma przyczynił się do „rewolucyjnej” zmiany morfotypu roślin w europejskiej hodowli jęczmienia jarego (Bouma i Ohnoutka, 1991). Ważnymi są również wartości maksimum, wyższe niż w kontroli, dla liczby kłosów z rośliny, masy ziaren z kłosa, liczby i masy ziaren z rośliny oraz masy 1000 ziaren. Wyniki te są o tyle interesujące, że w większości prac nad mutagenezą jęczmienia mutanty pod względem cech struktury plonu z reguły ustępowały swym odmianom wyjściowym (Gaul, 1963; Gottschalk i Wolff, 1983; Rybiński i in., 1993). Najwyższe wartości współczynnika zmienności obserwowano dla liczby i masy ziaren z kłosa oraz z rośliny, przy czym dla masy ziaren z kłosa oraz liczby ziaren z rośliny były one wyższe w grupie linii DH uzyskanych działaniem mutagenu. Wynika to w dużej mierze z wysokich wariancji.

Porównanie między grupami linii DH z uwzględnieniem linii dwu- i wielorzędowych w każdej z grup przedstawiono w formie kontrastu (tab. 3).

Tabela 3

Ocena wartości kontrastu dla cech fenotypowych w porównaniach między grupami linii DH
Contrast estimation for the traits in comparisons between the groups of DH lines

Porównania Comparisons	Wysokość roślin Plant height (cm)	Długość kłosa Spike length (cm)	Liczba kłosów z rośliny Spikes number per plant	Liczba ziaren z kłosa Grain number per spike	Masa ziaren z kłosa Grain weight per spike (g)	Liczba ziaren z rośliny Grain number per plant	Masa ziaren z rośliny Grain weight per plant (g)	Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains (g)
Grupa kontrolna K – grupa z mutagenem M Control group K – group with use of mutagen M	64,0**	-0,4	-4,7*	-32,0*	-4,03***	-224,0***	-16,0***	-26,0***
Dwurzędowe grupa K – dwurzędowe grupa M Two-rowed lines from group K - two-rowed lines from group M	90,0***	-2,2	-0,9	-10,0	0,26	42,0	1,7	20,0**
Wielorzędowe grupa K – wielorzędowe grupa M Multi-rowed lines from group K - Multi-rowed lines from group M	-26,0*	-1,8	-3,8***	-21,4**	-4,29***	-267,0***	-17,71***	-46,0***

* Istotne na poziomie $\alpha=0,05$; Significant at $\alpha=0,05$

** Istotne na poziomie $\alpha=0,01$; Significant at $\alpha=0,01$

*** Istotne na poziomie $\alpha=0,001$; Significant at $\alpha=0,001$

W porównaniach grupy linii K z liniami M z wyjątkiem cechy długości kłosa uzyskano istotne wartości kontrastu. Oprócz wysokości roślin dla pozostałych cech wartość kontrastu

była ujemna wskazując na wyższe wartości średnich analizowanych cech dla linii M niż linii K. U form dwurzędowych istotne wartości kontrastu stwierdzono tylko dla wysokości roślin i masy 1000 ziaren. Bardziej niż linie dwurzędowe różniły się linie wielorzędowe. Nieistotne różnice obserwowano jedynie dla długości kłosa a wartości kontrastu dla wszystkich cech przyjmowały wartości ujemne. Może to wskazywać na wyższą efektywność działania mutagenu w obrębie linii wielorzędowych niż dwurzędowych.

Ocenę korelacji między cechami fenotypowymi przeprowadzono dla linii dwu- jak i wielorzędowych (tab. 4) wchodzących w skład obydwu grup.

Tabela 4

Wartości współczynnika korelacji dla cech dwurzędowych (górne wartości) i wielorzędowych linii DH (dolne wartości)
Coefficients of correlation among the analyzed traits for two- rowed (upper data) and multi-rowed DH lines

	Wysokość roślin Plant height	Długość kłosa Spike length	Liczba kłosów z rośliny Spikes number per plant	Liczba ziaren w kłosie Grain number per spike	Masa ziaren z kłosa Grain weight per spike	Liczba ziaren z rośliny Grain number per plant	Masa ziaren rośliny Grain weight per plant
Długość kłosa Spike length	0,553**	-0,449					
Liczba kłosów z rośliny Spikes number per plant	-0,328	-0,430*					
Liczba ziaren w kłosie Grain number per spike	0,602*	-0,285					
Masa ziaren z kłosa Grain weight per spike	0,174	0,637***	-0,171				
Liczba ziaren z rośliny Grain number per plant	-0,110	0,742**	-0,023				
Masa ziaren rośliny Grain weight per plant	0,766***	0,593***	-0,369	0,396*			
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains	0,035	0,516	0,169	0,540			
	-0,098	-0,149	0,816***	0,153	-0,031		
	0,434	0,288	0,578*	0,589*	0,684*		
	0,449*	0,040	0,311	0,060	0,547***	0,511**	
	0,339	0,242	0,565*	0,374	0,859***	0,890***	
	0,697***	0,045	-0,188	-0,159	0,720***	-0,073	0,582**
	0,021	0,116	0,318	-0,113	0,729**	0,321	0,706*

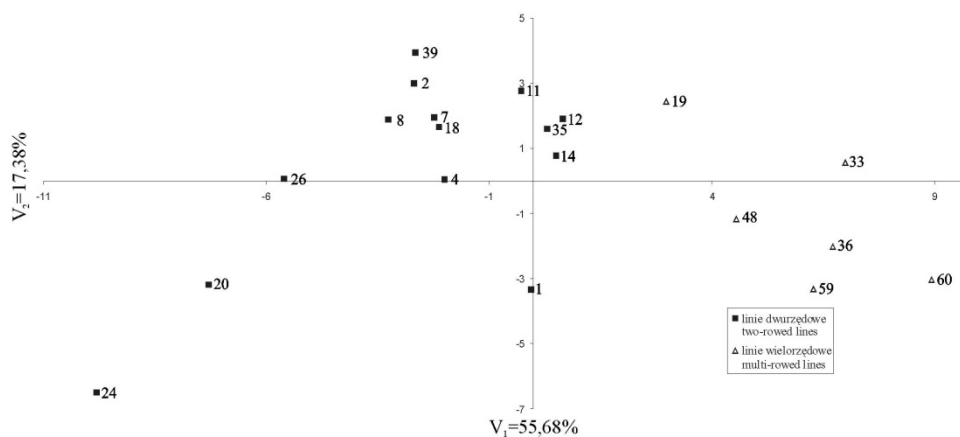
* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

*** Istotne na poziomie $\alpha = 0,001$; Significant at $\alpha = 0.001$

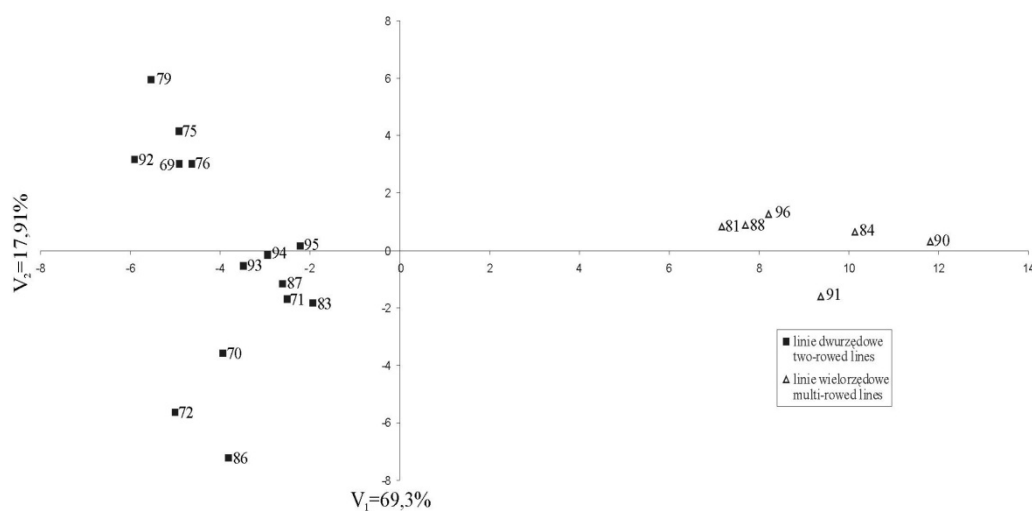
Niezależnie od rzędowości kłosa istotne i dodatnie wartości współczynnika korelacji uzyskano dla liczby ziaren w kłosie i długości kłosa, liczby ziaren w kłosie i liczby ziaren z rośliny, między masą ziaren z kłosa a masą ziaren z rośliny i masą 1000 ziaren, między liczbą a masą ziaren z rośliny oraz masą ziaren z rośliny a masą 1000 ziaren. Ponadto u form wielorzędowych wysokość roślin była istotnie i dodatnio skorelowana z masą ziaren z kłosa i rośliny oraz masą 1000 ziaren. Ujemną korelację zarówno dla linii dwu- jak i wielorzędowych uzyskano dla długości kłosa i liczby kłosów z rośliny. Na uwagę zasługuje istotna korelacja między masą ziaren z kłosa a liczbą ziaren z rośliny u linii wielorzędowych.

Rozkład badanych linii DH ze względu na wszystkie cechy traktowane łącznie przedstawiono na płaszczyźnie w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych, oddzielnie dla linii K (rys. 1) oraz linii M (rys. 2).



Rys. 1. Rozkład badanych linii dwu- i wielorzędowych z grupy kontrolnej (K) w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych

Fig. 1. Distribution of two- and multi-rowed lines of the control group (K) in the two first canonical variables



Rys. 2. Rozkład badanych linii dwu- i wielorzędowych z grupy z mutagenem (M) w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych

Fig. 2. Distribution of two- and multi-rowed lines of the group with mutagen (M) in the two first canonical variables

Dwie pierwsze zmienne kanoniczne wyjaśniają 73,06% i 87,2% całkowitej zmienności, odpowiednio dla linii K i M. Na obydwu rysunkach lewą stronę płaszczyzny zajmują linie dwurzędowe, a prawą wielorzędowe. W porównaniu z liniami K, linie M charakteryzują się zdecydowanie bardziej widocznym rozdziałem między liniami dwu- i wielorzędownymi, a także odmiennym graficznym rozkładem linii na płaszczyźnie w obydwu grupach. Wskazuje to na inny charakter zmienności cech w porównaniach między grupami. W grupie dwurzędowych linii K, najbardziej od pozostałych linii różnią się linie 24, 20 i 1, a w grupie M linie: 79, 72 i 86. W odniesieniu do wielorzędowych linii M charakteryzują się one większym skupieniem przestrzennym aniżeli linie K, a najbardziej od pozostałych linii różnią się linie 19 oraz 33. Znaczne zróżnicowanie roślin jęczmienia uzyskanych po działaniu mutagenów w porównaniu z kontrolą, przedstawione w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych, uzyskali Rybiński i Adamska (2004).

Metodę RAPD-PCR opracowaną przez dwie niezależne grupy badaczy (Williams i in., 1990; Welsh i McClelland, 1990) wykorzystano do oceny zmienności genetycznej mutantów na poziomie molekularnym. Jest to najprostsza w wykonaniu technika pozwalająca na szybkie wykrycie różnic w sekwencji DNA na obszarze całego genomu, wykorzystując polimorfizm losowo amplifikowanych fragmentów DNA (Barua i in., 1993; Hang i in., 2000, Kuczyńska i in., 2001). Stosując jedenaście starterów uzyskano 87 zamplifikowanych fragmentów DNA z których 87,4% wykazywało polimorfizm. Średnia liczba zamplifikowanych fragmentów wynosiła więc 7,9, natomiast średnio 6,9 fragmentów do użytego startera wykazywało polimorfizm (tab. 5).

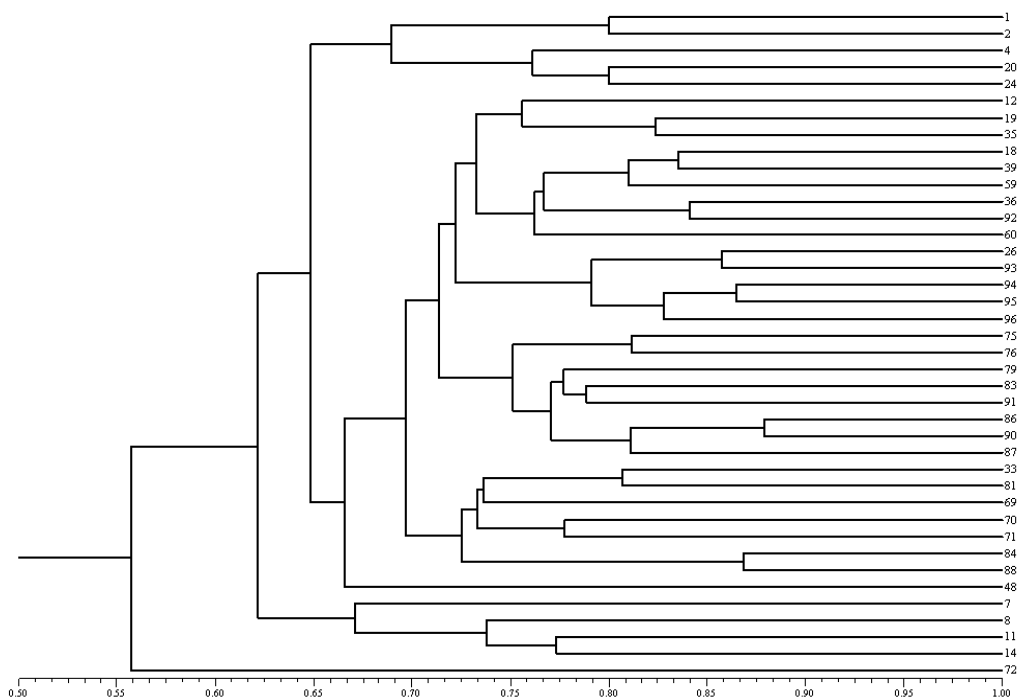
Tabela 5

Wyniki analiz dla wybranych starterów typu RAPD
Results of analysis for the chosen RAPD primers

Numer startera Primer name	Sekwencja 5' – 3' Sequence 5' – 3'	Ogólna liczba fragmentów DNA Total number of DNA fragments	Liczba polimorficznych fragmentów DNA Number of polymorphic DNA fragments
GS 5	ACGGCGTATG	7	6
GS 6	GGTCGGAGAT	11	11
GS 7	CACTCTCCTC	10	9
GS 8	AAAGCTGCGG	4	4
GS 9	TCATCCGAGG	7	6
GS 17	GGTGATCAGG	9	8
GS 22	GTCGCGGTCA	8	8
GS 32	GTAGACCCGT	6	5
GS 33	CCTTGACGCA	8	6
GS 43	CCCGAAGCGA	9	6
GS 52	GCGCATCAGA	8	7

Otrzymana liczba fragmentów polimorficznych była wyższa aniżeli uzyskana u odmian jęczmienia ozimego (66,8%) przy wykorzystaniu 24 starterów (Kuczyńska i in., 2003), a także wyższa niż u łubinu gdzie przy wykorzystaniu 30 starterów liczba fragmentów polimorficznych wynosiła 39,7% (Przyborowski i Weeden, 2001). Analizując paszowe i browarne odmiany jęczmienia jarego także przy zastosowaniu metody RAPD i 24 starterów uzyskano 149 zamplifikowanych produktów, z których 45% było polimorficzne

(Kuczyńska i in., 2001). Uzyskane wyniki reakcji RAPD-PCR dla każdego z czterech powtórzeń danej linii były identyczne jak i dla każdego z użytych starterów. Hierarchiczne grupowanie linii DH na podstawie podobieństwa genetycznego przedstawiono w formie dendrogramu (rys. 3).



Rys. 3. Hierarchiczne grupowanie linii DH na podstawie podobieństwa genetycznego
Fig. 3. Hierarchical grouping of the DH lines on the basis of genetic similarity

Współczynniki podobieństwa genetycznego dla poszczególnych linii określono według Nei'a. Wyliczone współczynniki porównano z dystansem fenotypowym (wyniki doświadczenia polowego) wyrażonym odległościami Mahalanobisa. Porównań dokonano oddzielnie dla linii dwurzędowych (tab. 6) i wielorzędowych (tab. 7) w formie najdłuższych i najkrótszych odległości między parami linii. Dla form dwurzędowych spośród piętnastu porównywanych par o największym zróżnicowaniu cech (najdłuższe odległości) aż jedenaście z nich dotyczyło linii, z których jedna pochodziła z grupy K (nr 1–60) a druga z M (nr 61–96). W odniesieniu do linii wielorzędowych o najdłuższych odległościach, z wyjątkiem pary linii 19–60, wszystkie pozostałe pary dotyczyły linii K i M. Wyniki te wskazują na wystąpienie większych różnic w zmienności cech między liniami K i M niż w obrębie linii K lub M. Może to wynikać z działania zastosowanego mutagenu. Wyniki oceny dystansu fenotypowego nie korespondowały jednoznacznie z wyliczonym współczynnikiem podobieństwa genetycznego.

Tabela 6

Ocena podobieństwa między dwurzędowymi liniami DH pod względem analizowanych cech określona na podstawie odległości Mahalanobisa oraz współczynnika podobieństwa genetycznego
Estimation of similarity between two-rowed DH lines for the analyzed traits calculated on the basis of Mahalanobis distance and coefficient of genetic similarity

Porównywane linie* Compared lines	Najdłuższe odległości Longest distances	Współczynnik podobieństwa genetycznego Coefficient of genetic similarity	Porównywane linie Compared lines	Najkrótsze odległości Shortest distances	Współczynnik podobieństwa genetycznego Coefficient of genetic similarity
1-72	25,19	0,58	7-8	2,45	0,66
24-86	24,53	0,61	14-35	2,57	0,61
24-72	24,20	0,57	75-76	2,67	0,81
1-24	23,27	0,67	2-8	2,79	0,59
1-26	22,67	0,70	35-93	2,85	0,74
1-87	22,18	0,62	70-71	3,01	0,78
1-11	21,70	0,64	71-94	3,04	0,68
1-94	21,52	0,70	11-87	3,11	0,55
1-69	21,46	0,64	14-93	3,16	0,64
1-12	21,41	0,68	7-18	3,32	0,62
24-94	21,37	0,68	87-94	3,37	0,68
1-93	21,31	0,63	2-7	3,49	0,50
1-86	21,29	0,66	11-93	3,50	0,69
24-71	21,18	0,70	7-11	3,69	0,73
1-39	21,06	0,67	71-87	3,71	0,63

*Linie o numerach 1 – 60 – grupa linii kontrolnych K (bez mutagenu); Lines with number 1-60 – control group K
 Linie o numerach 61 – 96 grupa linii z mutagenem (M); Lines with number 61-96 – Group of lines with use of mutagen (M)

Współczynnik korelacji dla linii o najdłuższych odległościach: $r = -0,662$; Coefficient of correlation for lines with longest distances: $r = -0,662$

Współczynnik korelacji dla linii o najkrótszych odległościach: $r = -0,170$; Coefficient of correlation for lines with shortest distances: $r = -0,170$

Mimo uzyskania ujemnej korelacji między nimi wskazującej, że w miarę wzrostu dystansu fenotypowego zmniejszało się podobieństwo genetyczne między porównywanymi liniami, wartości współczynnika korelacji nie były istotne. Mimo słabej korelacji wyróżnić można linie, które na obu poziomach zmienności charakteryzowały się niskim stopniem podobieństwa między sobą jak np. linie 1 i 72 oraz 24 i 72 pośród linii dwurzędowych i linie 48 i 96 w obrębie linii wielorzędowych. Nie można jednak wykluczyć, że szerszy wybór analizowanych cech u linii ocenianych na poziomie fenotypowym i trafniejszy dobór starterów (lub raczej wybór innej metody niż RAPD) mógłby wpłynąć na wzrost wspomnianego wcześniej współczynnika korelacji. W badaniach Kuczyńskiej i wsp. (2004) nad jęczmieniem, również z wykorzystaniem metody RAPD, wykazano niską, lecz statystycznie istotną korelację między dystansem fenotypowym (odległości Mahalanobisa) a dystansem genetycznym.

Przeprowadzona analiza statystyczna linii z grupy kontrolnej K oraz linii M wskazuje na większe zróżnicowanie w grupie linii M. Stosując chemomutageny N-nitroso-N-metylomocznik (MNU), oraz azydek sodu (NaN_3) jak i wzajemne kombinacje obu mutagenów, donorem mutacji w kulturach pylnikowych jęczmienia były rośliny pokolenia M_1 uzyskane po działaniu mutagenem na ziarniaki (Szarejko i in., 1991).

Tabela 7

Ocena podobieństwa między wielorzędkowymi liniami DH pod względem analizowanych cech określona na podstawie odległości Mahalanobisa oraz współczynnika podobieństwa genetycznego
Estimation of similarity between multi-rowed DH lines for the analyzed traits calculated on the basis of Mahalanobis distance and coefficient of genetic similarity

Porównywane linie Compared lines	Najdłuższe odległości Longest distances	Współczynnik podobieństwa genetycznego Coefficient of genetic similarity	Porównywane linie Compared lines	Najkrótsze odległości Shortest distances	Współczynnik podobieństwa genetycznego Coefficient of genetic similarity
60-96	18,85	0,73	81-88	2,24	0,74
59-96	17,60	0,70	59-60	3,33	0,79
60-84	15,41	0,68	81-84	4,58	0,74
60-90	15,39	0,68	36-91	4,68	0,76
59-90	15,00	0,68	84-88	4,71	0,87
60-81	14,76	0,76	84-90	5,34	0,72
48-96	14,66	0,56	19-81	6,13	0,65
60-88	14,55	0,68	48-91	6,39	0,65
59-84	14,50	0,80	90-91	6,59	0,84
19-60	14,46	0,70	19-88	6,78	0,61
33-90	14,38	0,69	84-96	6,91	0,74
59-88	13,25	0,78	48-88	6,97	0,65
59-81	13,24	0,70	36-48	7,13	0,65
33-96	12,94	0,71	33-36	7,20	0,73
19-90	12,92	0,72	33-59	7,24	0,72

Linie o numerach 1 – 60 - grupa roślin kontrolnych (K), Lines with number 1-60 – control group (K)

Linie o numerach 61 – 96 - grupa roślin z mutagenem (M); Lines with number 61-96 – group of lines with use of mutagen (M)

Współczynnik korelacji dla linii o najdłuższych odległościach: $r = -0,219$; Coefficient of correlation for lines with longest distances: $r = -0,219$

Współczynnik korelacji dla linii o najkrótszych odległościach: $r = -0,433$; Coefficient of correlation for lines with shortest distances: $r = -0,433$

Podobnie jak cytowani wyżej autorzy, wysoką częstotliwość uzyskiwania mutantów DH z wykorzystaniem kultury pylnikowej obserwował Umba Di-Umba i wsp. (1991), gdzie donorem mutacji były rośliny pokolenia M_1 . W uzyskanym materiale pojawiały się mutanty karłowe, półkarłowe oraz o pojedynczym źdźble. W badaniach Laib i wsp. (1996), gdzie donorem mutacji w kulturze pylnikowej jęczmienia były również rośliny pokolenia M_1 , częstotliwość uzyskiwanych mutantów wynosiła 25%, a wśród homozygotycznych mutantów występowały siewki typu *viridis*, mutanty *eceriferum*, formy karłowe i półkarłowe. W przytoczonych wyżej pracach materiał wyjściowy do indukowania mutacji stanowiły odmiany jęczmienia jarego. W prezentowanej przez nas pracy materiałem wyjściowym były mieszańce, a zastosowana metoda *H. bulbosum* umożliwiła szybką homozygotację i utrwalenie zmienności rekombinacyjnej. Na podstawie uzyskanych wyników wskazujących na zwiększenie zmienności w liniach DH uzyskanych po działaniu mutagenu (linie M) można wnioskować, że zmienności rekombinacyjnej towarzyszyła dodatkowa zmienność mogąca wynikać z indukowania mutacji. Uzyskane w ten sposób linie DH, prezentujące obydwa rodzaje zmienności, mogą być wartościowym, w pełni homozygotycznym materiałem wyjściowym w pracach hodowlanych nad jęczmieniem jarym.

WNIOSKI

1. Przedstawione wartości średniego kwadratu wskazują na statystycznie istotne zróżnicowanie analizowanych obiektów (linii DH). Wartości średnich dla poszczególnych cech z wyjątkiem wysokości roślin były wyższe dla linii z grupy z mutagenem, a zakres wartości skrajnych (minimum-maksimum) dla niektórych cech był szerszy aniżeli u linii w grupie kontrolnej. Uzyskanie form krótkosłomych w grupie linii z mutagenem wskazuje na efektywne działanie mutagenu w systemie uzyskiwania linii DH, w tym wypadku w kierunku skrócenia długości źdźbła.
2. Graficzny obraz przestrzenny położenia linii DH na płaszczyźnie w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych wskazuje na odmienne położenie linii w zależności nie tylko od rzędowości kłosa, ale także w zależności od tego czy obiekty pochodziły z grupy kontrolnej czy z grupy z zastosowaniem mutagenu. Obserwowane różnice wynikać mogą ze zmian wartości badanych cech wywołanych aktywnością mutagenu w systemie DH.
3. Wykorzystanie techniki RAPD z użyciem jedenastu starterów pozwoliło uzyskać 87 zamplikowanych fragmentów DNA, z których 87,4 % wykazywało polimorfizm przy średnio 7,9 fragmentach w przeliczeniu na starter i 6,9 fragmentach wykazujących polimorfizm w stosunku do użytego startera.
4. Mimo uzyskania ujemnej zależności między dystansem fenotypowym, wyrażonym odległościami Mahalanobisa, a wartością współczynnika podobieństwa genetycznego, uzyskana korelacja była nieistotna. W porównaniach wielu par linii zmienność na poziomie fenotypowym nie korespondowała ze zmiennością analizowaną na poziomie molekularnym. Nie można jednak wykluczyć, że szerszy zakres analizowanych cech jak i trafniejszy dobór starterów a głównie wybór innej metody niż RAPD pozwoliłby uzyskać wyższy i istotny współczynnik korelacji między obydwoma analizowanym poziomami zmienności.
5. Większe zróżnicowanie linii DH uzyskanych z wykorzystaniem mutagenu w porównaniu z liniami kontrolnymi, wykazane na poziomie fenotypowym i w mniejszym stopniu na poziomie molekularnym wskazuje, że zmienności rekombinacyjnej utrwalonych mieszańców DH towarzyszy dodatkowa zmienność mogąca wynikać z efektów mutacyjnych wywołanych działaniem mutagenu.

LITERATURA

- Adamski T. 1993. Wykorzystanie linii podwojonych haploidów w analizie statystyczno-genetycznej cech ilościowych. Instytut Genetyki Roślin, Poznań 1993. Seria: Rozprawy i Monografie 2: 1 — 61.
- Adamski T., Jeżowski S., Majewska T., Surma M. 1990. Efektywność metody bulbosowej w zależności od genotypu *Hordeum vulgare* i *Hordeum bulbosum*. Hodowla Roślin 4–5: 1 — 5.
- Barua U. M., Chalmers K. J., Hackett C. A., Thomas W. T. B., Powell W., Waugh R. 1993. Identification of RAPD markers linked to the *Rhynchosporium secalis* resistance locus in barley using near-isogenic lines and bulked segregant analysis. Heredity 71: 177 — 184.
- Bouma J., Ohnoutka Z. 1991. Importance and application of the mutant "Diamant" in spring barley breeding. In: Plant Mutation Breeding for Crop Improvement. Proc. of a symposium, Vienna, 18-22 June 1990. International Atomic Energy Agency, Vienna 1991, Vol.1: 127 — 133.

- Caliński T., Dyczkowska A., Kaczmarek Z. 1976. Algorytmy Biometrii i Statystyki. Zeszyt 5: 77 — 113.
- Campbell C. G., Mehra R. B., Agrawal S. K., Chen Y. Z., El Moneim B., Khawaja H. I. T., Yadov C. R., Tay J. U., Araya W. A. 1994. Current status and future strategy in breeding grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica* 37, 167 — 175.
- Ceranka B., Chudzik H., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. Wielozmienna analiza wariancji dla doświadczeń wieloczynnikowych. Algorytmy Biometrii i Statystyki. Zeszyt 6: 51 — 60.
- Chen Y. 1983. Anther and pollen culture of rice in China, Cell and Tissue Culture Techniques for Cereal Crops Improvement, Science Press, Beijing and Manila: 11 — 26.
- Czembor H. J. 1989. Stan i perspektywy hodowli w Polsce. *Biul. IHAR* 171/172: 5 — 14.
- Czembor H. J. 1997. Hodowla jęczmienia w Polsce i Europie. *Agrotechnika i Wykorzystanie Jęczmienia, Seminarium Naukowe, Puławy, 23-24 października 1997*: 41 — 48.
- Czembor J. H., Czembor H. J., Jestin L. 2003. Określenie odporności na mączniaka w liniach wyselekcjonowanych z odmian miejscowych jęczmienia pochodzących z Nepalu. II Ogólnopolska Konferencja „Zasoby Genowe Roślin w Ochronie Różnorodności Biologicznej”, Skierniewice, 22–23 październik, Streszczenia: 128.
- Czembor H. J., Czembor J. H. 2003. Linie odmian miejscowych jęczmienia z Afryki Północnej jako źródło odporności na rdzę karłową. Ogólnopolska Konferencja „Zasoby Genowe Roślin w Ochronie Różnorodności Biologicznej”, Skierniewice, 22-23 październik, Streszczenia: 131.
- Ehrenberg L., Gustafsson A., Lundqvist U. 1961. Viable mutants induced in barley by ionizing radiations and chemical mutagens. *Hereditas* 47: 243 — 282.
- Gaul H. 1963. Mutationen in der Pflanzenzüchtung. *Z. Pflanzenzüchtung* 50: 194 — 307.
- Gottschlak W., Wolff G. 1983. Induced Mutations in Plant Breeding. Monographs on Theoretical and Applied Genetics 7. Springer Verlag, Berlin, Heidelberg, New York, Tokyo, 1983: 1 — 238.
- Hang A., Burton C. S., Hoffman D. L., Jones B. L. 2000. Random amplified polymorphic primer-generated embryo DNA polymorphism among 16 North American malting barley cultivars. *J. Am. Soc. Brew. Chem.* 58 (4): 147 — 151.
- Kapała A., Rybiński W. 1996. Zmienność ilości i jakości białka oraz zdolności plonowania u krótkosłomych mutantów jęczmienia jarego. *Biul. IHAR* 200:191 — 195.
- Kirishnaswami R. 1967. Radiation induced dwarf mutants in barley. *Curr. Sci.* 36 (12): 327 — 328.
- Kuczyńska A., Milczarski P., Surma M., Masojć P., Adamski T. 2001. Genetic diversity among cultivars of spring barley revealed by random amplified polymorphic DNA (RAPD). *J. Appl. Genet.* 42(1): 43 — 48.
- Kuczyńska A., Bocianowski J., Masojć P., Surma M., Adamski T. 2003. Zastosowanie markerów RAPD do określenia podobieństwa genetycznego odmian jęczmienia ozimego (*Hordeum vulgare* L.). *Biul. IHAR* 226/227 (1): 81 — 85.
- Kuczyńska A., Bocianowski J., Surma M., Kaczmarek Z., Adamski T. 2004. Relationship between phenotypic and genetic distances in a set of barley breeding lines. In: 9th International Barley Genetics Symposium, Proceedings, J. Spunar; J. Janikowa (eds.) Brno, Czech Republic, 20–26 June 2004: 88 — 92.
- Kumar S., Bansal H.C., Singh D., Swaminathan M.S. 1967. Pathways of height reduction in induced dwarf mutation in barley. *Z. Pflanzenzüchtung* 57: 317 — 324.
- Laib Y., Szarejko I., Polok K., Małuszyński M. 1996. Barley anther culture for doubled haploid mutant production. *Mutation Breeding Newsletter* 42: 13 — 15.
- Małuszyński M., Nichterlein K., Van Zanten L., Ahloovaila S. 2000. Officially released mutant varieties – the FAO/IAEA database. *Mutation Breeding* 12: 1 — 84.
- Nei M., Li W.H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the Academy of Sciences of the USA* 76: 5269 — 5273.
- Pickering R.A., Devaux P. 1992. Haploid production: Approaches and use in plant breeding. In: Barley Genetics, Biochemistry, Molecular Biology and Biotechnology (P.R. Shewry ed.). C.A.B. Int. Wallingford, UK: 519 — 547.
- Przyborowski J. A., Weeden N. F. 2001. RAPD-based assessment of genetic similarity and distance between *Lupinus* in section *Albus*. *J. Appl. Genet.* 42(4): 55 — 61.
- Rybiński W. 1981. Short-straw forms of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) obtained as a result of MNUA-induced mutations. *Genetica Polonica* 22 (3): 271 — 287.

- Rybiński W., Adamska E. 2004. Analiza zmienności genetycznej cech ilościowych u mutantów nagoziarnistych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.). Biul. IHAR 231: 297 — 305.
- Rybiński W., Patyna H., Przewoźny T. 1993. Mutagenic effect of laser and chemical mutagens in barley (*Hordeum vulgare* L.). Genetica Polonica 34 (3): 337 — 343.
- Simpson E., Snake J. W. 1981. The use of doubled haploids in a winter barley programmer. Barley Genetics IV (Proc. 4th Int. Barley Genet. Symp.). Edinburgh University Press, Edinburgh UK: 716 — 720.
- Surma M. 1997. Wykorzystanie zjawiska eliminacji chromosomów w hodowli jęczmienia. Akademia Rolnicza w Poznaniu. Seminaria Wydziału Rolniczego, Zeszyt 3: 157 — 174.
- Szarejko I., Małuszyński M., Polok K., Kilian A. 1991. Doubled haploids in the mutation breeding of selected crops. Plant Mutation Breeding for Crop Improvement. Proceedings of a Symposium, Vienna, 18-22 June 1990: 355 — 378.
- Umba Di-Umba, Małuszyński M., Szarejko I., Zbieszczek J. 1991. High frequency of DH-mutants from M₁ after mutagenic treatment with MNH and sodium aside. Mutation Breeding Newsletter 38: 8 — 9.
- Welsh J., McClelland M. 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. Nucleic Acids Res. 18: 7213 — 7218.
- 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: 6531 — 6535.

HENRYK BUJAK¹**JAROSŁAW NADZIAK**²¹ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu, Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa² BASF Polska, The Chemical Company

Wpływ różnych substancji aktywnych fungicydów na plonowanie odmian jęczmienia jarego o zróżnicowanej genetycznej odporności na mączniaka prawdziwego

The effects of different active substances in fungicides on yielding of spring barley cultivars expressing diversified genetic base of resistance to powdery mildew

W pracy oceniono działanie substancji aktywnych zawartych w fungicydach na odmiany jęczmienia jarego o zróżnicowanej odporności na mączniaka prawdziwego. W tym celu w latach 2006–2007 założono doświadczenia polowe w dwóch miejscowościach w trzech wariantach stosowania fungicydów i odmiany wysiewane w wariantcie kontrolnym. W doświadczeniu użyto fungicydów z następującymi substancjami aktywnymi: fenpropimorf, spirosamina i proquinazid. Odmiany jęczmienia jarego reprezentowały cztery źródła odporności (Mlo, Ly, Ar i We). W pracy przedstawiono plonowanie, porażenie mączniakiem prawdziwym oraz redukcję występowania objawów choroby. Do oceny plonowania użyto miar: procentowe porównanie do kontroli i nieparametryczne metody statystyki oparte na kolejności (rangach) zwwyżki plonowania w porównaniu do kontroli w poszczególnych wariantach. Do oceny występowania i redukcji mączniaka prawdziwego użyto miary AUDPC. Na podstawie analizy wariancji wykazano istotną interakcję pomiędzy odmianami a stosowanymi substancjami aktywnymi. Stwierdzono istotny wpływ zastosowanych zabiegów ochrony fungicydami na plon badanych odmian jęczmienia jarego. Stosowane fungicydy w różnym stopniu wpływały na zmniejszenie porażenia odmian przez mączniak prawdziwy.

Słowa kluczowe: fungicydy, geny odporności, jęczmień jary, odmiany, substancje aktywne

The effects of active substances contained in fungicides on spring barley cultivars of diversified genetic base of resistance to barley powdery mildew were evaluated. In the years 2006–2007, field experiments were set up at two locations in three variants of fungicide usage, and the same cultivars were sown in a control variant. The fungicides applied in the experiment contained the following active substances: fenpropimorph, spiroxamine and proquinazid. The cultivars represented four sources of resistance: Mlo, Ly, Ar and We. The paper describes yielding, infection by barley powder mildew and reduction of spread of the disease symptoms. Yielding was measured by percentage comparison to a control variant and by non-parametric statistical methods based on the ranks of yield increase as related to the control in particular variants. The infection intensity and reduction of barley powdery mildew

were evaluated by the AUDPC measure. The variance analysis revealed significant interaction between the cultivars and the active substances used. The fungicide protection measures used in the experiments were found to significantly influence the cultivars yielding. The fungicides applied reduced the rate of infection of barley cultivars by powdery mildew.

Key words: active substances, fungicides, cultivars, resistance genes, spring barley

WSTĘP

Jęczmień należy do roślin o dużym znaczeniu gospodarczym, celem jego produkcji jest pasza lub przeznaczenie browarne.

Wśród czynników wpływających na obniżenie plonowania jęczmienia na czołowe miejsce wysuwają się choroby pochodzenia grzybowego. Straty gospodarcze powodowane przez patogeny dotyczą ilości produkowanego ziarna, jak i jego dorodności oraz jakości.

Jedną z najgroźniejszych i najczęściej obserwowanych chorób grzybowych jęczmienia jest mączniak prawdziwy powodowany przez *Blumeria graminis* (DC.) E. O. Speer f. sp. *hordei*. Występowanie tej choroby powoduje zmniejszenie masy tysiąca ziaren i zwiększenie w nich zawartości białka, co istotnie pogarsza jakość ziarna jęczmienia przeznaczonego na cele browarne (Czembor i Czembor, 2001).

Obecne odmiany posiadają różne typy genetycznej odporności na mączniaka. Odporność jęczmienia na *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* uwarunkowana jest wieloma genami. Wśród odmian zarejestrowanych na Liście Odmian Roślin Rolniczych występują następujące źródła odporności: Ar, Al, Mc, Ly, Ru, La, We, Mlo. Największy areał uprawy w Polsce mają odmiany z następującymi źródłami odporności: Mlo, Ly + un, Ar i un, We.

W celu ochrony plantacji jęczmienia przed mączniakiem prawdziwym stosuje się w czasie wegetacji fungicydy z różnych grup chemicznych tj. preparaty triazolowe, dwuskładnikowe preparaty zawierające substancje aktywne z grupy triazoli i morfin, mieszaniny związku triazolowego z benzimidazolami, strobiluryny w czystej formie lub ich mieszaniny (Gacek, 1992).

Celem niniejszych badań było określenie efektu działania różnych substancji aktywnych na odmiany jęczmienia jarego o zróżnicowanej genetycznej odporności na mączniaka.

MATERIAŁ I METODY

I. Materiał badawczy

Materiałem doświadczalnym było 8 odmian jęczmienia jarego (Basza, Bryl, Blask, Sebastian, Antek, Widawa, Scarlett, Orthega). Odmiany te są zarejestrowane w Polsce. Podstawą doboru odmian do badań było ich zróżnicowanie pod względem posiadanych genów odporności na *Blumeria graminis* f. sp. *hordei*.

Wybrane odmiany reprezentują przez cztery źródła odporności (Mlo, Ly, Ar, We) (tab. 1).

Tabela 1

Charakterystyka odmian jęczmienia jarego wykorzystanych w doświadczeniu
Characterization of spring barley cultivars used in the experiment

Odmiana Cultivar	Pochodzenie Origin	Typ odmiany Type of cultivar	Rok rejestracji Year of cultivar registration	Odporność na <i>B.graminis</i> Resistance to <i>B.graminis</i>			Plonowanie ³ Yield
				odporność ¹ resistance	źródło odporności ² source of resistance	geny odporności resistance genes	
Basza	Polska Poland	browarna malting	2006	8,7	Mlo	<i>mlo</i>	99
Bryl		pastewna fodder	1998	8,4	Mlo	<i>mlo</i>	97
Blask		browarna malting	2001	8,1	Ly + un	<i>Mla7</i>	101
Antek	Austria	pastewna fodder	2001	7,0	Ly + un	<i>Mla7</i>	99
Sebastian	Niemcy Germany	browarna malting	2005	8,0	Ar + un	<i>Mla12</i>	101
Widawa		pastewna fodder	2001	7,9	Ar + un	<i>Mla12</i>	102
Scarlett		browarna malting	1999	7,5	We	<i>MI(CP)</i>	97
Orthega		pastewna fodder	1998	7,9	We	<i>MI(CP)</i>	101

¹ Odporność wyrażona jest w skali 9- stopniowej, gdzie 9- pełna odporność, 1- pełna podatność

¹ Resistance in a 9-grade, where 9-extreme resistance, 1-extreme susceptibility

² Nazwy pochodzą od odmiany będącej źródłem odporności (Czembor, 2004)

² Name comes from the cultivar which is the source of resistance (Czembor, 2004)

³ Wysokość plonowania przedstawiono dla poziomu A1 wyników doświadczeń COBORU

³ Height of field for level A1 of the results of COBORU experiments

W Polsce odmiany ze źródłem odporności Mlo stanowią 26,1% plantacji nasiennych, Ly — 12,5%, Ar — 18,8%, We — 16,3%. Wymienione cztery źródła odporności znajdują się w odmianach wysiewanych na 73,7% powierzchni plantacji nasiennych (wg danych z Ministerstwa Rolnictwa i Rozwoju Wsi).

II. Fungicydy

Do ochrony przed chorobami użyto fungicydy z następującymi substancjami aktywnymi: fenpropimorf, spiroksamina, proquinazid. Wymienione substancje znajdują się w preparatach o nazwach handlowych: Corbel 750 EC, Impuls 500 EC i Talius 200 EC. Corbel 750 EC jest z grupy środków morfolin i jest do stosowania zapobiegawczego i interwencyjnego. Substancją czynną jest fenpropimorf. Impuls 500EC jest z grupy ketoamin, a substancją czynną jest spiroksamina. Talius 200 EC jest fungicydem z grupy quinozolin. Substancją czynną jest proquinazid, który należy do nowej grupy chemicznej — quinozolin. Talius 200EC zapobiega rozwojowi mączniaka prawdziwego poprzez zahamowanie zarodnikowania grzyba. Środek indukuje naturalną odporność roślin.

III. Metody

W latach 2006–2008 założono ściśle doświadczenia polowe w dwóch miejscowościach, tj. na terenie Hodowli Roślin Smolice Sp. z o.o. — Grupa IHAR Oddział Baków (woj.

opolskie) i Zakładu Doświadczalnego Hodowli i Aklimatyzacji Roślin w Oleśnicy Małej (woj. dolnośląskie).

Badane odmiany wysiano w następujących kombinacjach ochrony:

- kontrola (wariant I),
- zastosowanie fungicydu z substancją aktywną fenpropimorf (wariant II),
- zastosowanie fungicydu z substancją aktywną spiroksamina (wariant III),
- zastosowanie fungicydu z substancją aktywną proquinazid (wariant IV).

Do wykonania zabiegów fungicydowych używano opryskiwacza poletkowego AP-2/t w wersji taczkowej pracującego przy ciśnieniu w zakresie 0,1–0,4 MPa (1–4 Bar).

W niniejszym opracowaniu przedstawione zostały wyniki dotyczące porażenia przez mączniaka prawdziwego oraz plonowanie.

Obserwacje polowe dla oceny porażenia roślin jęczmienia przez *B. graminis* f. sp. *hordein* przeprowadzono 3–5-krotnie w ciągu sezonu wegetacyjnego. Pierwszą ocenę wykonano tuż przed zastosowaniem fungicydów. Następne były przeprowadzane co 7–10 dni. W celu porównania nasilenia występowania mączniaka prawdziwego na odmianach kontrolnych i z zastosowaniem poszczególnych substancji aktywnych stopnie porażenia przekształcono na wartości procentowe porażonej powierzchni (y) przy zastosowaniu wzoru (Shaner i Finney, 1977; Finckh i Wolfe, 1997; Finckh i in., 1999). Niższa wartość AUDPC oznacza mniejsze porażenie przez mączniaka prawdziwego.

Do oceny plonowania użyto następujących miar:

- procentowe porównanie do badania kontrolnego,
- nieparametryczne metody statystyki oparte na kolejności (rangach) zwyczajki plonowania w porównaniu do kontroli w poszczególnych wariantach stosowania zabiegów fungicydowych.

WYNIKI I DYSKUSJA

W 2006 roku siewy wykonano z opóźnieniem, ponieważ warunki pogodowe były niesprzyjające. W sezonie wegetacji warunki pogodowe były niesprzyjające dla rozwoju roślin zwłaszcza w miesiącu lipcu susza, która powodowała szybkie i wcześniejsze zasychanie kłosów.

W 2007 roku warunki pogodowe na początku były niesprzyjające dla rozwoju roślin zwłaszcza w okresie po wschodach. Susza, która wystąpiła w miesiącu kwietniu wpływała niekorzystnie na wzrost roślin i słabe rozkrzewienie, natomiast intensywne opady w czerwcu i lipcu na silne wyleganie niektórych odmian. W latach 2006–2007, w których prowadzono doświadczenia występowały okresy suszy.

Na podstawie analizy wariancji stwierdzono istotną interakcję pomiędzy odmianami a stosowanymi substancjami aktywnymi.

Plonowanie odmian wyrażone w dt/ha oraz w procentach odmian kontrolnych przedstawiono w tabeli 2.

Stwierdzono, że zastosowanie fungicydu z substancją czynną fenpropimorf dało istotną zwyczajkę plonu w Bąkowie w 2007 roku, z substancją czynną spiroksamina istotna zwyczajka plonu wystąpiła w Bąkowie w 2006 i 2007 roku oraz Oleśnicy Małej w 2007 roku,

z substancją czynną proquinazid istotna zwyżka plonu była w Bąkowie w 2006 roku i w Oleśnicy Małej w 2006 i 2007 roku.

Tabela 2

Plonowanie odmian jęczmienia jarego przy zastosowaniu różnych substancji czynnych
Yields of spring barley cultivars after application of various active substances

Odmiana Cultivar	Źródło odporności Source of resistance	Miejscowość i rok — Location and year							
		Bąków, 2006		Bąków, 2007		Oleśnica Mała,2006		Oleśnica Mała 2007	
		plon [dt/ha] yield	% kontroli % of control	plon [dt/ha] yield	% kontroli % of control	plon [dt/ha] yield	% kontroli % of control	plon [dt/ha] yield	% kontroli % of control
Wariant 1 (kontrola) — Variant 1(control)									
Basza	Mlo	46,3	100	57,2	100	32,1	100	47,8	100
Bryl	Mlo	50,7	100	63,2	100	33,1	100	44,8	100
Antek	Ly	47,5	100	60,2	100	36,7	100	44,4	100
Blask	Ly	44,8	100	58,2	100	33,1	100	46,2	100
Sebastian	Ar	46,1	100	70,8	100	30,9	100	45,2	100
Widawa	Ar	44,8	100	70,6	100	30,4	100	46,4	100
Orthega	We	45,2	100	60,2	100	27,0	100	45,0	100
Scarlett	We	43,0	100	59,6	100	35,0	100	43,8	100
Średnia		46,0	100	62,5	100	32,3	100	45,5	100
Wariant 2 (fungicyd-substncja czynna fenpropimorf) — Variant 2 (active substance fenpropimorph)									
Basza	Mlo	43,3	93,6	62,2	108,6	33,4	104,1	48,6	101,8
Bryl	Mlo	51,3	100,0	63,2	100,0	35,1	106,1	48,6	108,6
Antek	Ly	45,6	96,0	69,4	115,4	40,0	109,1	44,6	100,4
Blask	Ly	47,9	106,9	65,2	112,1	33,3	100,5	49,2	106,6
Sebastian	Ar	45,8	99,5	73,8	104,2	30,4	98,4	47,0	103,9
Widawa	Ar	47,3	105,7	73,2	103,6	34,5	113,5	46,4	99,8
Orthega	We	47,0	104,1	68,6	114,0	28,6	106,0	48,8	108,4
Scarlett	We	45,9	106,9	61,2	102,8	36,6	104,5	52,0	119
Średnia		46,8	101,7	67,1	107,4**	34,0	105,3**	48,2	106**
Wariant 3 (Fungicyd - substancja czynna spioksamina) — Variant 3 (active substance spiroxamine)									
Basza	Mlo	49,1	106,1	64,8	113,4	31,6	98,4	53,2	111,4
Bryl	Mlo	55,7	109,9	68,2	107,9	33,0	99,5	49,2	109,8
Antek	Ly	52,9	111,3	64,4	107,1	36,0	98,3	51,4	115,7
Blask	Ly	47,6	106,4	65,6	112,7	34,0	102,6	49,8	107,9
Sebastian	Ar	52,1	113,1	74,4	105,1	31,7	102,6	47,4	104,5
Widawa	Ar	50,5	112,8	74,8	106,0	32,9	108,3	49,2	105,9
Orthega	We	50,0	110,6	70,6	117,1	29,9	110,8	50,8	112,9
Scarlett	We	46,5	108,1	61,6	103,4	34,8	99,3	48,4	110,8
Średnia		50,5	109,8**	68,1	108,9**	33,0	102,2	49,9	109,9**
Wariant 4 (Fungicyd - substancja czynna proquinazid) — Variant 4 (active substance proquinazid)									
Basza	Mlo	50,0	108	59,4	103,8	31,6	98,5	51,8	108,4
Bryl	Mlo	52,9	104,2	63	99,4	36,6	110,4	44,8	100,0
Antek	Ly	47,1	99,2	58,4	97,0	40,6	110,8	49,2	110,8
Blask	Ly	49,7	111,1	57,4	98,7	34,7	104,7	54,4	117,6
Sebastian	Ar	50,2	108,9	71,2	100,6	32,4	105,0	46,2	101,9
Widawa	Ar	47,2	105,4	72,8	103,0	37,0	121,7	47,0	101,1
Orthega	We	47,0	104,1	67	111,2	31,2	115,8	46,8	103,9
Scarlett	We	46,3	107,8	60,8	102,1	35,9	102,6	48,8	111,6
Średnia — Mean		48,8	106,1**	63,8	102,0	35,0	108,4**	48,6	106,9**
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}		2,28		3,15		1,82		2,95	
NIR _{0,01} — LSD _{0,01}		3,11		4,28		2,48		4,01	
NIRp — LSDp		4,75		4,82		5,42		6,14	

** Istotność przy p = 0,05; Significant at p = 0,05

Tabela 3

Plonowanie odmian jęczmienia jarego w podziale na źródła odporności (geny odporności)
Yields of spring barley cultivars as related to resistance genes

Odmiana Cultivar	Substancja czynna Active substance	Miejscowości i rok								Location and year		Częstotliwość istotnej zwyżki plonu u odmian Frequency of yield increase	% udział istotnej zwyżki % of yield increase
		Bąków, 2006		Bąków, 2007		Oleśnica Mała, 2006		Oleśnica Mała, 2007					
		plon yield (dt/ha)	% kontroli % of control	plon yield (dt/ha)	% kontroli % of control	plon yield (dt/ha)	% kontroli % of control	plon yield (dt/ha)	% kontroli % of control				
Odmiany z genem <i>mlo</i> — Cultivars with gene <i>mlo</i>													
Basza	kontrola	46,3	100,0	57,2	100,0	32,1	100,0	47,8	100,0				
Basza	fenpropimorf	43,3	93,6	62,2	108,6**	33,4	104,1	48,6	101,8				
Basza	spiroksamina	49,1	106,1**	64,8	113,4**	31,6	98,4	53,2	111,4**	6	50,0		
Basza	proquinazid	50,0	108,0**	59,4	103,8	31,6	98,5	51,8	108,4**				
Bryl	kontrola	50,7	100	63,2	100,0	33,1	100,0	44,8	100				
Bryl	fenpropimorf	51,3	101,1	63,2	100,0	35,1	106,1**	48,6	108,6**				
Bryl	spiroksamina	55,7	109,9**	68,2	107,9**	32,9	99,5	49,2	109,8**	6	50,0		
Bryl	proquinazid	52,9	104,2	63,0	99,4	36,6	110,4**	44,8	100,0				
Odmiany z genem <i>Mla7</i> — Cultivars with gene <i>Mla7</i>													
Antek	kontrola	47,5	100,0	60,2	100,0	36,7	100,0	44,4	100,0				
Antek	fenpropimorf	45,6	96,0	69,4	115,4**	40,0	109,1**	44,6	100,4				
Antek	spiroksamina	52,9	111,3**	64,4	107,1**	36,0	98,3	51,4	115,7**	7	58,3		
Antek	proquinazid	47,1	99,2	58,4	97,0	40,6	110,8**	49,2	110,8**				
Blask	kontrola	44,8	100,0	58,2	100,0	33,1	100,0	46,2	100,0				
Blask	fenpropimorf	47,9	106,9**	65,2	112,1**	33,3	100,5	49,2	106,6**				
Blask	spiroksamina	47,6	106,4**	65,6	112,7**	34,0	102,6	49,8	107,9**	8	66,7		
Blask	proquinazid	49,7	111,1**	57,4	98,7	34,7	104,7	54,4	117,6**				
Odmiany z genem <i>Mla12</i> — Cultivars with gene <i>Mla12</i>													
Sebastian	kontrola	46,1	100,0	70,8	100,0	30,9	100,0	45,2	100,0				
Sebastian	fenpropimorf	45,8	99,5	73,8	104,2	30,4	98,4	47,0	103,9				
Sebastian	spiroksamina	52,1	113,1**	74,4	105,1**	31,7	102,6	47,4	104,5	3	25,0		
Sebastian	proquinazid	50,2	108,9**	71,2	100,6	32,4	105,0	46,2	101,9				
Widawa	kontrola	44,8	100,0	70,6	100,0	30,4	100,0	46,4	100,0				
Widawa	fenpropimorf	47,3	105,7**	73,2	103,6	34,5	113,5**	46,4	99,8				
Widawa	spiroksamina	50,5	112,8**	74,8	106,0**	32,9	108,3**	49,2	105,9**	8	66,7		
Widawa	proquinazid	47,2	105,4**	72,8	103,0	37,0	121,7**	47,0	101,1				
Odmiany z genem <i>MI</i> (CP) — Cultivars with gene <i>MI</i> (CP)													
Orthega	kontrola	45,2	100,0	60,2	100,0	27,0	100,0	45,0	100,0				
Orthega	fenpropimorf	47,0	104,1	68,6	114,0**	28,6	106,0**	48,8	108,4**				
Orthega	spiroksamina	50,0	110,6**	70,6	117,1**	29,9	110,8**	50,8	112,9**	9	75,0		
Orthega	proquinazid	47,0	104,1	67,0	111,2**	31,2	115,8**	46,8	103,9				
Scarlett	kontrola	43,0	100,0	59,6	100,0	35,0	100,0	43,8	100,0				
Scarlett	fenpropimorf	45,9	106,9**	61,2	102,8	36,6	104,5	52,0	119,0**				
Scarlett	spiroksamina	46,5	108,1**	61,6	103,4	34,8	99,3	48,4	110,8**	6	50,0		
Scarlett	proquinazid	46,3	107,8**	60,8	102,1	35,9	102,6	48,8	111,6**				
NIR _{0.05} — LSD _{0.05}		2,28		3,15		1,82		2,95					
NIR _{0.01} — LSD _{0.01}		3,11		4,28		2,48		4,01					
NIRp — LSDp			4,75		4,82		5,42		6,14				

** Istotność przy p = 0,05; Significant at p = 0.05

Kontrola — Control

fenpropimorf — fenpropimorph

spiroksamina — spiroxamine

Analizując odmiany z poszczególnymi źródłami odporności na mączniaka prawdziwego należy stwierdzić, że istotna zwyżka plonu występowała dla odmian następująco:
 — z genem *mlo* — z 50% częstotliwością (tj. w 12 wariantach),

- z genem *Mla 7* — z 62,5% częstotliwością (tj. w 15 wariantach),
- z genem *Mla 12* — z 41% częstotliwością (tj. w 10 wariantach),
- z genem *MI(CP)* — z 54,2% częstotliwością (tj. w 13 wariantach; tab. 3).

Stosując nieparametryczne metody statystyczne oparte na kolejności zwyżki plonowania (rangi) w wariantach stosowania substancji czynnych oraz dla poszczególnych grup odmianowych wyniki przedstawiono w tabeli 4 i 5. Jak wynika z tabeli 4 odmiany z genem odporności *MI(CP)* cechowały się najwyższą zwyżką plonu po zastosowaniu fungicydów. Suma rang wynosiła przy zastosowaniu fungicydu z substancją czynną:

- fenpropimorf 28,
- spiroksamina 32,
- proquinazid 32.

Tabela 4

Ocena wpływu poszczególnych substancji czynnych na odmiany z różnymi genami odporności na mączniaka prawdziwego wg metody rang
Influence of active substances upon spring barley cultivars possessing different resistance genes to barley powdery mildew, according to the rank method

Substancja aktywna/źródło odporności Active substance/ source of resistance	Ranking plonowania odmian w latach i miejscowościach Rank of cultivar yields in locations and years				Suma dla odmian Sum for cultivars	Suma dla grup odmian i substancji aktywnej Sum for cultivar groups and active substance
	Baków w latach		Oleśnica w latach			
	2006	2007	2006	2007		
Fenpropimorf Mlo	8	4	6	6	24	42
Fenpropimorf Mlo	5	8	3	2	18	
Fenpropimorf Ly	7	1	2	7	17	32
Fenpropimorf Ly	1	3	7	4	15	
Fenpropimorf Ar	6	5	8	5	24	42
Fenpropimorf Ar	3	6	1	8	18	
Fenpropimorf We	4	2	4	3	13	28
Fenpropimorf We	2	7	5	1	15	
Spiroksamina Mlo	8	2	7	3	20	39
Spiroksamina Mlo	5	4	5	5	19	
Spiroksamina Ly	3	5	8	1	17	37
Spiroksamina Ly	7	3	4	6	20	
Spiroksamina Ar	1	7	3	8	19	36
Spiroksamina Ar	2	6	2	7	17	
Spiroksamina We	4	1	1	2	8	32
Spiroksamina We	6	8	6	4	24	
Proquinazid Mlo	3	2	8	4	17	41
Proquinazid Mlo	6	6	4	8	24	
Proquinazid Ly	8	8	3	3	22	37
Proquinazid Ly	1	7	6	1	15	
Proquinazid Ar	2	5	5	6	18	34
Proquinazid Ar	5	3	1	7	16	
Proquinazid We	7	1	2	5	15	32
Proquinazid We	4	4	7	2	17	

fenpropimorf — fenpropimorph

spiroksamina — spiroxamine

Natomiast w tabeli 5 podano rangi zwyczajki plonowania przy zastosowaniu różnych substancji na odmiany z poszczególnymi źródłami odporności. Wynika z niej, że największy wpływ na zwyczajkę plonowania odmian z genem *mlo*, *Mla 12*, *MI(CP)* miała spiroksamina, ponieważ uzyskano najniższą sumę to znaczy, że odmiany wysoko plonowały.

Tabela 5

Określenie wpływu substancji czynnych na odmiany z poszczególnymi genami odporności na mączniaka prawdziwego wg metody rang
Influence of active substances upon spring barley cultivars with particular resistance genes to the barley powdery mildew according to rank method

Wyszczególnienie Specification	Ranking plonowania odmian w latach i miejscowościach Rank of cultivar yields in locations and years				Suma dla odmian Sum for cultivars	Suma dla grup odmian Sum for cultivar groups
	Baków		Oleśnica			
	2006	2007	2006	2007		
Kontrola mlo	100,0	100,0	100,0	100,0	-	-
Kontrola mlo	100,0	100,0	100,0	100,0	-	
Fenpropimorf mlo	6	2	3	5	16	31
Fenpropimorf mlo	5	5	2	3	15	
Spiroksamina mlo	3	1	6	1	11	21
Spiroksamina mlo	1	3	4	2	10	
Proquinazid mlo	2	4	5	4	15	32
Proquinazid mlo	4	6	1	6	17	
Kontrola Ly	100,0	100,0	100,0	100,0	-	-
Kontrola Ly	100,0	100,0	100,0	100,0	-	
Fenpropimorf Ly	6	1	2	6	15	31
Fenpropimorf Ly	3	3	5	5	16	
Spiroksamina Ly	1	4	6	2	13	27
Spiroksamina Ly	4	2	4	4	14	
Proquinazid Ly	5	6	1	3	15	26
Proquinazid Ly	2	5	3	1	11	
Kontrola Ar	100,0	100,0	100,0	100,0	-	-
Kontrola Ar	100,0	100,0	100,0	100,0	-	
Fenpropimorf Ar	6	3	6	3	18	34
Fenpropimorf Ar	4	4	2	6	16	
Spiroksamina Ar	1	2	5	2	10	17
Spiroksamina Ar	2	1	3	1	7	
Proquinazid Ar	3	6	4	4	17	34
Proquinazid Ar	5	5	1	5	16	
Kontrola We	100,0	100,0	100,0	100,0	-	-
Kontrola We	100,0	100,0	100,0	100,0	-	
Fenpropimorf We	5	2	3	5	15	29
Fenpropimorf We	4	5	4	1	14	
Spiroksamina We	1	1	2	2	6	22
Spiroksamina We	2	4	6	4	16	
Proquinazid We	6	3	1	6	16	33
Proquinazid We	3	6	5	3	17	
Kontrola — Control	fenpropimorf — fenpropimorph				spiroksamina — spiroxamine	

Kontrola — Control fenpropimorf — fenpropimorph spiroksamina — spiroxamine

Na zwyczajkę plonowania duży wpływ ma zmniejszenie porażenia przez mączniaka prawdziwego (tab. 6). Przy zastosowaniu poszczególnych substancji czynnych redukcja mączniaka prawdziwego wynosiła:

- fenpropimorfu — do 67,8%,
 — spiroksaminy — do 63%,
 — proquinazidu — do 55%.

Tabela 6

**Ocena porażenia mączniakiem prawdziwym odmian jęczmienia jarego w poszczególnych wariantach
 wyrażone miarą powierzchni pod krzywą rozwoju choroby (AUDPC)
 Evaluation of barley powdery mildew infection of spring barley cultivars in different variants,
 expressed by area under the curve of disease development (AUDPC)**

Odmiana Cultivar	Źródło odporności Source of resistance	Miejscowość i rok — Location and year								Średnia AUDPC Mean of AUDCP	% redukcji % of reduction
		Bąków 2006		Bąków 2007		Oleśnica Mała 2006		Oleśnica Mała 2007			
		AUDPC	% kontroli % of control	AUDPC	% kontroli % of control	AUDPC	% kontroli % of control	AUDPC	% kontroli % of control		
Wariant 1 (kontrola) — Variant 1 (control)											
Basza	Mlo	68,3	100	43,46	100	68,43	100	35,73	100	53,98	100
Bryl	Mlo	74,9	100	43,46	100	60,05	100	29,67	100	52,03	100
Antek	Ly	1122,5	100	841,9	100	261,11	100	77,79	100	575,83	100
Blask	Ly	450,0	100	373,78	100	224,69	100	65,98	100	278,62	100
Sebastian	Ar	489,2	100	458,77	100	175,17	100	75,48	100	299,65	100
Widawa	Ar	489,6	100	457,79	100	162,70	100	51,98	100	290,53	100
Orthega	We	540,9	100	436,66	100	184,83	100	98,35	100	315,19	100
Scarlett	We	705,4	100	780,07	100	293,10	100	111,32	100	472,47	100
Wariant 2 (Fungicyd-substancja czynna fenpropimorf) — Variant 2 (active substance fenpropimorph)											
Basza	Mlo	68,3	100,0	43,46	100	50,45	73,7	29,67	83	47,97	11,1
Bryl	Mlo	68,3	91,1	43,46	100	50,45	84,0	31,28	105,4	48,37	7,0
Antek	Ly	481,2	42,9	238,75	28,4	179,86	68,9	52,62	67,6	238,12	58,6
Blask	Ly	274,2	60,9	172,74	46,2	68,50	30,5	58,92	89,3	143,59	48,5
Sebastian	Ar	355,4	72,6	151,27	33	72,58	41,4	62,83	83,2	160,51	46,4
Widawa	Ar	346,3	70,7	131,73	28,8	60,05	36,9	39,87	76,7	144,49	50,3
Orthega	We	323,4	59,8	138,08	31,6	91,81	49,7	39,87	40,5	148,29	53,0
Scarlett	We	321,3	45,5	141,16	18,1	115,62	39,5	31,28	28,1	152,33	67,8
Wariant 3 (Fungicyd - substancja czynna spiroksamina — Variant 3 (active substance spiroxamine)											
Basza	Mlo	68,3	100,0	43,46	100	50,45	73,7	29,67	83	47,97	11,1
Bryl	Mlo	68,3	91,1	43,46	100	67,66	112,7	31,28	105,4	52,67	0
Antek	Ly	597,1	53,2	258,39	30,7	112,41	43,1	52,62	67,6	255,14	55,7
Blask	Ly	254,2	56,5	212,88	57	82,79	36,9	37,34	56,6	146,81	47,3
Sebastian	Ar	325,6	66,6	269,04	58,6	104,93	59,9	50,09	66,4	187,41	37,5
Widawa	Ar	339,8	69,4	234,82	51,3	61,74	38,0	37,34	71,8	168,43	42,0
Orthega	We	290,8	53,8	215,23	49,3	119,32	64,6	65,98	67,1	172,84	45,2
Scarlett	We	303,7	43,1	240,86	30,9	119,32	40,7	35,73	32,1	174,91	63,0
Wariant 4 (Fungicyd - substancja czynna proquinazid) — Variant 4 (active substance proquinazid)											
Basza	Mlo	68,3	100,0	43,46	100	50,45	73,7	26,44	74	47,16	12,6
Bryl	Mlo	68,3	91,1	46,28	106,5	50,45	84,0	29,67	100	48,67	6,5
Antek	Ly	499,2	44,5	289,93	34,4	194,45	74,5	88,57	113,9	268,05	53,5
Blask	Ly	218,8	48,6	186,87	50	114,49	51,0	56,39	85,5	144,15	48,3
Sebastian	Ar	297,9	60,9	190,63	41,6	109,70	62,6	58,92	78,1	164,28	45,2
Widawa	Ar	251,0	51,3	201,2	44	131,60	80,9	37,34	71,8	155,29	46,6
Orthega	We	261,3	48,3	175,69	40,2	114,65	62,0	62,07	63,1	153,42	51,3
Scarlett	We	365,6	51,8	221,39	28,4	196,81	67,2	66,1	59,4	212,48	55,0

Najwyższy efekt ochrony genotypów jęczmienia jarego przed porażeniem mączniakiem prawdziwym osiągnięto przez zastosowanie fungicydu z substancją aktywną fenpropimorf (Bąków 2006, 2007, Oleśnica 2007). Ponadto dobre efekty dało również zastosowanie fungicydu z substancją aktywną spirosamina w Bąkowie w 2007 roku oraz proquinazid w Oleśnicy w 2007 roku.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotny wpływ zastosowanych zabiegów ochrony fungicydami na plon badanych odmian jęczmienia jarego. Wystąpiła również istotna interakcja odmian na zastosowane substancje aktywne fungicydów.
2. Analizując interakcję odmian jęczmienia jarego z różnymi genami odporności można wyróżnić odmiany Sebastian i Widawa (z genami *Mla12*), które bardzo dobrze współdziałały z spirosaminą w Bąkowie w 2006 roku.
3. Dobre współdziałanie ze spirosaminą wykazała odmiana Orthega w Bąkowie w 2007 roku. Geny *Mla7* i *Mla12* wykazały dobre współdziałanie chroniąc odmiany Blask i Sebastian przed porażeniem przez mączniaka prawdziwego.
4. Substancja aktywna fenpropimorf najlepiej współdziałała z genami odporności *Mla12* i *MI(CP)*.

LITERATURA

- Czembor H. J., Czembor J. H. 2001. Resistance to powdery mildew in barley cultivars and breeding lines included in 1998 – 2000 Polish registration trials. *Plant Breed. Seed Sci.* 45 (1): 19 — 28.
- Czembor H. J. 2003. Odporność krajowych odmian jęczmienia jarego na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis f.sp.hordei*). *Biul. IHAR* 230: 327 — 334.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003. Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis f.sp.hordei*). Cz. I. Genetyka, fenotyp, mechanizm i badania molekularne. *Biul. IHAR* 230: 335 — 354.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003. Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis f.sp.hordei*). Cz. II. Źródła odporności i ich wykorzystanie w hodowli jęczmienia. *Biul. IHAR* 230: 355 — 374.
- Czembor J. H., Czembor E. 2003. Odporność Mlo jęczmienia na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis f.sp.hordei*). Cz. III. Trwałość odporności. *Biul. IHAR* 230: 375 — 386.
- Finckh M. R., Gacek E. S., Czembor H. J., Wolfe M. S. 1999. Host frequency and density effects on powdery mildew and yield in mixtures of barley cultivar. *Plant Pathology* 48: 807 — 816.
- Gacek E. 1992. Odporność mączniaka prawdziwego (*Erysiphe graminis* D.C.) i innych patogenów zbóż na fungicydy układowe. *Biul. IHAR* 184: 31 — 44.
- Shaner G., Finney R. E. 1977. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. *Phytopathology* 67:1051 — 1056.

MARIA MOŚ
TOMASZ WÓJTOWICZ
ANDRZEJ ZIELIŃSKI
MAGDALENA SIMLAT
ANDRZEJ BINEK

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Uniwersytet Rolniczy im. Hugona Kołłątaja, Kraków

Czynniki modyfikujące kiełkowanie i wigor siewek nagoziarnistych i oplewionych odmian owsa

Factors modifying germination of seeds and vigour of seedlings in naked and hulled oat cultivars

W trzech seriach doświadczeń przeprowadzonych w latach 2004–2006 badano kiełkowanie 3 odmian nagoziarnistych (Akt, Cacko, Polar) oraz 2 oplewionych odmian owsa (Bajka i Skrzat) w temperaturach: 10, 15, 20 i 25°C. Na podstawie obserwacji kiełkowania ziarniaków prowadzonych w odstępach 24 h oznaczono zdolność kiełkowania, średni czas kiełkowania oraz dynamikę kiełkowania. Zdolność kiełkowania przyjmowała najczęściej wartości ponad 95%, a sporadycznie występujące większe wahania były rezultatem zmienności sezonowej, terminu oceny i warunków inkubacji. Wpływ zróżnicowanej temperatury inkubacji na przebieg kiełkowania obserwowano przez dłuższy okres u ziarniaków oplewionych aniżeli nagoziarnistych. Końcowe liczenie zdolności kiełkowania oraz średniego czasu kiełkowania i dynamika kiełkowania dla nagoziarnistych odmian przeprowadzone po 8 oraz po 10 dniach inkubacji ziarniaków nie wpłynęło na zróżnicowanie badanych wskaźników. Wyniki te wskazują na możliwość oceny zdolności kiełkowania ziarniaków odmian nagoziarnistych po 8 dniach. Przebieg kiełkowania ziarniaków oplewionych i nagoziarnistych inkubowanych bezpośrednio po zbiorze w temperaturze 25°C wskazywał na głębszy stan spoczynkowy ziarniaków oplewionych w porównaniu do nagoziarnistych.

Słowa kluczowe: owies nagoziarnisty, owies oplewiony, spoczynek, szybkość kiełkowania, temperatura, zdolność kiełkowania

In three series of experiments conducted in the years 2004–2006 germination of seeds of three naked oat cultivars (Akt, Cacko and Polar) and two hulled oat cultivars (Bajka and Skrzat) was investigated at the following temperatures: 10, 15, 20 and 25°C. On the basis of observations collected at intervals of 24 hours germinability of the seeds, mean germination time and dynamics of germination were estimated. In most cases the germinability of seeds exceeded 95%, sporadic fluctuations in value of this index were caused by seasonal variability, evaluation date and conditions during seeds incubation. The effect of various temperatures during seeds incubation on germination process was

more long-lasting in the hulled oat cultivars as compared to the naked ones. The results of final evaluation of germinability of seeds, mean germination time and dynamics of germination carried out on the 8th day as well as on the 10th day of seeds incubation were similar. This fact points to a possibility of evaluation of germinability in naked oat cultivars in 8-days period. The process of germination of naked and hulled oat cultivars' seeds, which were incubated at 25°C directly after harvest showed deeper dormancy of the hulled cultivars' seeds as compared to the naked ones.

Key words: dormancy, germinability, germination rate, hulled oat, naked oat, temperature

WSTĘP

Odmiany zbóż o ziarniakach oplewionych i nieoplewionych różnią się znacznie przebiegiem kiełkowania spowodowanym różnym tempem pęcznienia. U ziarniaków oplewionych faza pęcznienia trwa dłużej i kiełkowanie w porównaniu do ziarniaków nieoplewionych jest opóźnione. Bezpośrednio po zbiorze nasiona owsa siewnego pęczniące w temperaturze powyżej 25°C nie kiełkują przez kilka tygodni (Gallais i in., 2000; Poljakoff-Mayber i in., 2002). Spoczynek ziarniaków jest efektem interakcji fitohormonów — inhibitorów (ABA) i stymulatorów kiełkowania (GA₃), które zmieniają się w czasie pęcznienia nasion w różnym stopniu u nasion nie będących w spoczynku i spoczynkowych (Poljakoff-Mayber i in., 2002).

Ziarniaki odmian nagoziarnistych charakteryzują się znaczną podatnością na mechaniczne uszkodzenia w czasie omłotu i uszlachetniania materiału siewnego. Częstotliwość i stopień uszkodzeń zależy od budowy i kształtu nasion, ich wilgotności i warunków omłotu (Peltonen-Sainio i in., 2001; Kirkkari i in., 2001; Kirkkari i in., 2004; Zieliński 2006). Obserwowano także odmianowe różnice w podatności na mechaniczne uszkodzenia (Peltonen-Sainio i in., 2001). Rezultatem uszkodzenia nasion jest obniżona zdolność kiełkowania i szybciej postępujące ich starzenie. Dla nagoziarnistych odmian owsa zgodnie z dyrektywą UE obniżono dla nasion czystych minimalne normy zdolności kiełkowania do 75% (Dyrektywa Komisji 93/2/EWG). Natomiast końcowe liczenie zdolności kiełkowania nagoziarnistych odmian przeprowadza się po 10 dniach inkubacji (ISTA, 1999).

Podjęte badania miały na celu określenie modyfikującego wpływu temperatury i terminu oceny odmian owsa, na ujawnienie się stanu spoczynkowego ziarniaków oraz na przebieg kiełkowania decydujący o długości inkubacji zwłaszcza ziarniaków nagoziarnistych oraz liczby dni do końcowego określenia zdolności kiełkowania.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań pochodził z doświadczeń obserwacyjnych zakładanych w SD Prusy w latach 2004–2006. W badaniach uwzględniono odmiany nagoziarniste Akt, Cacko i Polar oraz odmiany oplewione Bajka i Skrzat. W fazie pełnej dojrzałości ziarniaków pobrano z poletek około 50 wiech z każdej odmiany. Wilgotność ziarniaków w dniu zbioru odmian nagoziarnistych w kolejnych latach wynosiła 14,7; 17,1 i 8,6%, natomiast ziarniaków oplewionych 14,5; 19,2 i 9,7%. W celu uniknięcia mechanicznego uszkodzenia ziarniaki omłócono ręcznie. Dla utrzymania spoczynku omłócone ziarniaki

przechowywano w zamrażarce w temperaturze -19°C do momentu wysiewu. Zdolność kiełkowania oceniano na szalkach Petriego w 4 powtórzeniach po 50 ziarniaków. Ocenę kiełkowania przeprowadzono w 2004 roku w temperaturze 15 i 25°C , w 2005 roku w 10 i 25°C , a w 2006 roku zastosowano 4 temperatury 10, 15, 20 i 25°C . W doświadczeniu uwzględniono dwa terminy oceny — termin pierwszy przeprowadzono po zbiorze, natomiast drugi termin po 10 dniach od wyjęcia ziarniaków z zamrażarki. Od drugiego do dziesiątego dnia po wysiewie, w odstępach 24 h z szalek usuwano ziarniaki, których kiełki były dłuższe od długości ziarniaka i wykształciły dwa korzonki. Na podstawie obserwacji przebiegu kiełkowania ziarniaków zgodnie z metodyką ISTA (1999) oznaczono zdolność kiełkowania po upływie 10 dni inkubacji ziarniaków, oraz obliczono średni czas kiełkowania t wg wzoru:

$$t. = \sum n_i t_i / \sum n_i$$

oraz dynamikę kiełkowania W_M według Maguire'a (1962):

$$W_M = \sum n_i / t_i$$

gdzie: n_i — liczba nasion skielkowanych w czasie i -tej obserwacji, t_i — liczba dni od startu doświadczenia.

Wyniki poddano dwu oraz trzyczynnikowej analizie wariancji według modelu stałego. Dane procentowe do analizy wariancji transformowano na wartości kątowe wg Bliss'a. Istotność efektów pojedynczych czynników oraz ich współdziałania oceniono na podstawie wartości krytycznej F , a grupy jednorodne średnich wartości utworzono na podstawie testu Newmana-Keulsa.

WYNIKI I DYSKUSJA

Nagoziarniste i oplewione odmiany owsa charakteryzowały się istotnym zróżnicowaniem wszystkich wskaźników kiełkowania (tab. 1). Znaczne różnice średnich wartości pomiędzy obu grupami odmian wpłynęły na zróżnicowaną interakcję badanych wskaźników i z tych względów oceniono je na podstawie odrębnych analiz wariancji.

Tabela 1

Średnie wskaźniki kiełkowania nagoziarnistych i oplewionych odmian owsa ocenianych w temperaturze 25°C w latach 2004–2006

Mean germination indices for naked and hulled oat cultivars evaluated in temperature of 25°C in the years 2004–2006

Odmiany Cultivars	Zdolność kiełkowania (%) Germinability (%)	Średni czas kiełkowania Mean germination time	Dynamika kiełkowania Dynamics of germination
Nagoziarniste — Naked			
Akt	95,8 c	4,0 a	27,3 c
Cacko	93,5 c	4,3 a	25,9 b
Polar	95,3 c	4,1 a	26,6 bc
Oplewione — Hulled			
Bajka	80,9 b	6,4 b	13,2 a
Skrzat	65,2 a	6,4 b	13,5 a

Wartości średnie w obrębie grup odmian oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie wg testu Newmana-Keulsa przy $p < 0,05$

Values marked with the same letter within the group of cultivars do not differ significantly according to Newman - Keuls test at $p < 0,05$

Analiza wariancji wskaźników wartości siewnej nagoziarnistych i oplewionych odmian owsa wykazała, że spośród badanych czynników największą zmienność wszystkich wskaźników kiełkowania spowodowały lata zbioru (tab. 2). Równie znaczący modyfikujący wpływ miały terminy oceny różnicujące szybkość i dynamikę kiełkowania.

Tabela 2

**Analiza wariancji wskaźników kiełkowania nagoziarnistych i oplewionych odmian owsa
w temperaturze 25°C w latach 2004–2006**
**Analysis of germination indices variance for naked and hulled oat cultivars evaluated in temperature
of 25°C in the years 2004–2006**

Źródła zmienności Sources of variability	Stopnie swobody Degrees of freedom	Zdolność kiełkowania Germinability		Średni czas kiełkowania Mean germination time		Dynamika kiełkowania Dynamics of germination	
		N	O	N	O	N	O
Lata Years (A)	2	926,27**	3232,59**	23,89**	33,91**	647,08**	434,11**
Termin oceny Date of evaluation (B)	1	70,60	667,28**	22,91**	2,37*	514,78**	79,34**
Odmiany Cultivars (C)	2	57,23	1252,65**	0,53	0,01	2,32	1,94
A × B	2	214,23**	91,00**	7,34**	0,36	144,34**	3,25
A × C	4	86,35*	358,99**	0,18	3,47**	4,62	93,20**
B × C	2	281,07**	1,73	0,02	0,08	7,35	0,75
A × B × C	4	52,47	61,73*	0,28	0,03	16,62*	2,32
Błąd Error	54	28,24	13,36	0,17	0,58	4,76	1,32

* Istotne przy $p < 0,05$; ** Istotne przy $p < 0,01$

* Significant at $p < 0,05$; ** Significant at $p < 0,01$

O — Oplewione; Hulled oat cultivars; N — Nagoziarniste; Naked oat cultivars

Zdolność kiełkowania odmian nagoziarnistych wahała się w okresie 3-lecia w zakresie od 66,3 do 99,7%. Wyjątkowo niskie wartości zdolności kiełkowania istotnie różne od pozostałych danych wystąpiły w 2004 roku u oplewionej odmiany Skrzat (tab. 1) oraz nagoziarnistych odmian w pierwszym terminie oceny w temperaturze 25°C (tab. 3).

Tabela 3

Zdolność kiełkowania (%) nagoziarnistych odmian owsa oznaczona po 8 i 10 dniach inkubacji
Germinability of seeds (%) of naked oat cultivars estimated after 8 and 10 days of incubation

Termin oceny Date of evaluation	Temperatura Temperature (°C)	Rok zbioru — Year of harvest					
		2004		2005		2006	
		czas inkubacji (dni) — incubation time (days)					
		8	10	8	10	8	10
1	10	—	—	95,0 a	95,8 a	99,2 b	99,2 b
	15	97,3 c	97,3 c	—	—	99,7 b	99,7 b
	20	—	—	—	—	99,4 b	99,4 b
	25	66,3 a	81,8 b	95,2 a	96,3 a	96,1 a	98,4 ab
2	10	—	—	94,7 a	94,8 a	98,0 a	98,1 a
	15	98,7 b	98,7 b	—	—	98,3 a	98,8 a
	20	—	—	—	—	99,0 a	99,0 a
	25	90,7 a	92,3 a	95,0 a	95,0 a	95,4 a	97,1 a

Wartości średnie w obrębie lat oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie wg testu Newmana — Keuls'a dla $p < 0,05$

Values marked with the same letter within the years do not differ significantly according to Newman – Keuls test at $p < 0,05$

Uzyskane dane były rezultatem sezonowej zmienności warunków środowiskowych, terminu oceny i temperatury inkubacji ziarniaków. Niższe wartości zdolności kiełkowania w podwyższonej temperaturze obserwowane także w 2006 roku były zapewne spowodowane stanem spoczynkowym ziarniaków. W pozostałych przypadkach średnie wartości zdolności kiełkowania ręcznie omłóconych ziarniaków niezależnie od temperatury kiełkowania wynosiły najczęściej ponad 95% (tab. 3).

Weześniejsze określenie zdolności kiełkowania przeprowadzone po 8 dniach zamiast po 10 dniach inkubacji nie miało istotnego wpływu na wyniki oceny. Uzyskane dane wskazują na możliwość skrócenia czasu inkubacji ziarniaków i określenia zdolności kiełkowania nagoziarnistych odmian owsa po 8 dniach, a więc podobnie jak to ma miejsce w przypadku pszenicy oraz nagoziarnistych i oplewionych ziarniaków jęczmienia (ISTA, 1999).

Wyniki zdolności kiełkowania obu grup odmian wykazały istotną interakcję terminów oceny z latami (tab. 2). Interakcja ta spowodowana była przede wszystkim istotnym różnicowaniem zdolności kiełkowania pomiędzy terminami oceny w 2004 roku (tab. 4).

Tabela 4

Wpływ terminu oceny na zdolność kiełkowania nagich i oplewionych ziarniaków inkubowanych w temperaturze 25°C

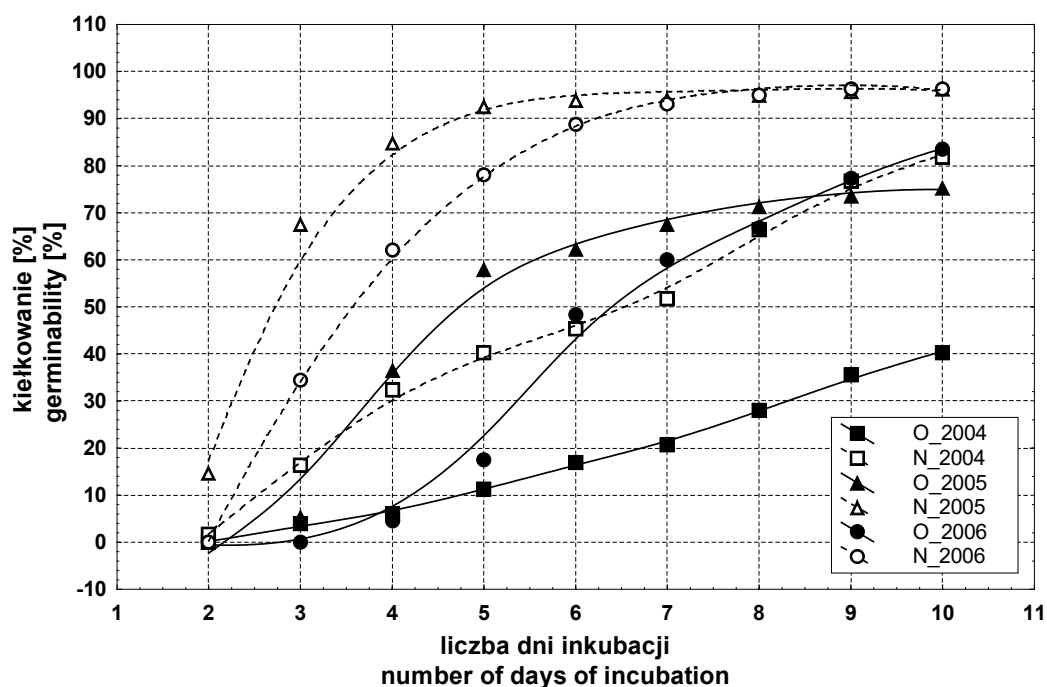
The effect of date of evaluation on germinability of naked and hulled oat cultivars seeds incubated in temperature of 25°C

Termin oceny — Date of evaluation	Rok zbioru — Year of harvest		
	2004	2005	2006
Nagie — Naked			
1	82,8 a	96,8 c	98,4 c
2	92,6 b	96,6 c	97,1 c
Oplewione — Hulled			
1	41,2 a	76,6 c	81,8 c
2	50,4 b	92,4 c	87,1 d

Wartości średnie w obrębie grup odmian oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie wg testu Newmana — Keulsa przy $p < 0,05$

Values marked with the same letter within the group of cultivars do not differ significantly according to Newman — Keuls test at $p < 0,05$

Równocześnie w tym roku w pierwszym terminie oceny przeprowadzonym bezpośrednio po zbiorze w temperaturze 25°C wystąpiły istotne różnice pomiędzy wynikami zdolności kiełkowania odnotowanymi po 8 i 10 dniach. Wpływ roku zbioru ziarna na przebieg kiełkowania owsa w temperaturze 25°C potwierdzają dane z pierwszego terminu oceny (rys. 1). Uzyskane wyniki wskazują, że obniżona zdolność kiełkowania w 2004 roku obserwowana zarówno u odmian nagoziarnistych, jak i oplewionych może wskazywać na spoczynek ziarniaków sygnalizowany w wielu publikacjach (Gallais i in., 2000; Poljakoff-Mayber i in., 2002). Niższe średnie wartości zdolności kiełkowania oplewionych ziarniaków w porównaniu do nagoziarnistych ocenianych w latach 2004-2006 mogą wynikać z ich głębszego stanu spoczynkowego (tab. 4). Można przypuszczać, że w przypadku ziarniaków oplewionych sumował się wpływ inhibitorów kiełkowania zlokalizowanych w plewach i zarodku ziarniaka.



Rys. 1. Przebieg kielkowania nagoziarnistych i oplewionych odmian owsa w temperaturze 25°C w pierwszym terminie oceny w latach 2004–2006 (O — odmiany oplewione, N — odmiany nagoziarniste)
 Fig. 1. Process of naked and hulled oat cultivars seeds germination in temperature of 25°C during the 1st date of evaluation in the years 2004–2006 (O — hulled oat cultivars, N — naked oat cultivars)

Wpływ temperatury na wyniki zdolności kielkowania w obrębie odmian nagoziarnistych i oplewionych był zróżnicowany. Powszechnie owies uważany jest za chłodolubną trawę wymagającą niskich temperatur od momentu kielkowania poprzez wypełnianie ziarniaków aż do osiągnięcia wysokiej jakości nasion (Gąsiorowski, 1999). Wyniki uzyskane w niniejszej pracy wskazują, że wpływ oddziaływania zróżnicowanej temperatury ma istotne znaczenie również na procesy metaboliczne pozwalające na ustąpienie stanu spoczynkowego. Efekt ten ujawnił się szczególnie u odmian oplewionych i niezależnie od terminu wysiewu trwał najczęściej do 8–10 dnia oceny (tab. 5). Niemniej w 2006 roku wpływ działania zróżnicowanej temperatury u odmian tradycyjnych trwał przez cały okres kielkowania. Podobny efekt zaobserwowano przez prawie cały okres kielkowania u odmian nagoziarnistych tylko w 2004 roku, natomiast w pozostałych latach trwał krócej do 5–7 dnia inkubacji. Odmienne reakcja na zróżnicowaną temperaturę (15:25°C), jaka wystąpiła w 2004 roku w próbach ziarniaków oplewionych ocenianych po zbiorze w pierwszym terminie wynikała z głębszego stanu spoczynkowego tych odmian, co wpłynęło na znaczne opóźnienie kielkowania i brak reakcji na zróżnicowaną temperaturę do piątego dnia oceny.

Tabela 5

Wpływ temperatury na zróżnicowanie przebiegu kiełkowania oplewionych i nagoziarnistych odmian owsa ocenianych w dwóch terminach w latach 2004–2006
The effect of temperature on process of germination of naked and hulled oat cultivars seeds evaluated in two dates in the years 2004–2006

Rok zbioru Year of harvest	Termin oceny Date of evaluation	Temperatura Temperature (°C)	Grupa Group	Czas inkubacji (dni) Incubation time (days)						
				4	5	6	7	8	9	10
2004	I	15:25	O			**	**	**	**	**
			N	**	**	**	**	**	**	**
	II	15:25	O	*	**		**	**	**	**
			N	**	**	**	**	*		
2005	I	10:25	O	**	**	**	**	**		
			N	**	**					
	II	10:25	O	**	**	**	**	**		*
			N	**	**					
2006	I	10:15:20:25	O	**	**	**	**	**	**	**
			N	**	**	**	*			
	II	10:15:20:25	O	**	**	**	**	**	**	**
			N	**	**					

* Istotne przy $p < 0,05$; ** Istotne przy $p < 0,01$

* Significant at $p < 0,05$; ** Significant at $p < 0,01$

O — Oplewione; Hulled oat cultivars; N — Nagoziarniste; Naked oat cultivars

Analiza wariancji danych z 2006 roku przeprowadzona dla obu terminów oceny potwierdziła znaczący wpływ czterech kombinacji temperatur na wyniki badanych wskaźników kiełkowania. Wpływ temperatury na wyniki oceny zdolności kiełkowania ujawnił się w większym stopniu w pierwszym terminie oceny (tab. 6). Różnice odmianowe zdolności kiełkowania wystąpiły w obu terminach oceny, natomiast pozostałe wskaźniki były istotnie zróżnicowane tylko w drugim terminie.

Tabela 6

Istotność wariancji parametrów kiełkowania nagoziarnistych odmian owsa w 2006 roku inkubowanych w temperaturze 25°C
The significance of germination indices variation for naked oat cultivars seeds incubated in temperature of 25°C in the year 2006

Źródła zmienności Sources of variability	Stopnie swobody Degrees of freedom	Zdolność kiełkowania Germinability		Średni czas kiełkowania Mean germination time		Dynamika kiełkowania Dynamics of germination	
		T-1	T-2	T-1	T-2	T-1	T-2
Czas inkubacji Incubation time (A))	1	25,05	24,86	0,02	0,02	0,07	0,12
Temperatura Temperature (B)	3	179,92**	126,74*	16,33*	17,29**	452,49**	647,37**
Odmiany Cultivars (C)	2	115,77*	149,50*	0,12	0,47*	0,51	3,68*
A × B	3	25,05	8,24	0,01	0,14	0,07	0,01
A × C	2	8,07	6,56	0,01	0,09	0,52	0,03
B × C	6	26,18	51,33	1,09	0,27	18,26	8,30
A × B × C	6	8,07	5,39	0,01	0,11	0,03	0,01
Błąd — Error	72	30,83	40,80	0,04	0,14	1,58	4,95

* Istotne przy $p < 0,05$; ** Istotne przy $p < 0,01$

* Significant at $p < 0,05$; ** Significant at $p < 0,01$

Wpływ temperatury i czasu inkubacji (8 i 10 dni) na średni czas kiełkowania nagoziarnistych odmian owsa przedstawia tabela 7. Podobnie jak w przypadku zdolności kiełkowania w 2004 roku stwierdzono odmienną reakcję ziarniaków na temperaturę i termin oceny. W pierwszym terminie wartości średnie wahały się w zakresie 4,9 do 6,4 dnia. Spośród czterech temperatur zastosowanych w 2006 roku najkrótszy średni czas kiełkowania w zakresie 3,5–3,7 dnia wystąpił w temperaturze 20°C, natomiast czas inkubacji nie miał istotnego wpływu na uzyskane wyniki (tab. 6 i 7). Niskie wartości średniego czasu kiełkowania (3,1–3,4 dnia) obserwowano także po zastosowaniu wyższej temperatury w 2005 roku. Skrócenie końcowego liczenia zdolności kiełkowania z 10 do 8 dni nie wpłynęło na średni czas kiełkowania, który niezależnie od temperatury wynosił odpowiednio 4,5 i 4,4 dnia. Odmienną reakcję przy wydłużeniu o dwa dni okresu inkubacji zaobserwowano tylko w 2004 roku po zastosowaniu temperatury 25°C. W temperaturze 20° C zalecanej przez ISTA (1999) do oceny zdolności kiełkowania owsa i innych gatunków zbóż, maksymalną szybkość kiełkowania uzyskano po 3,5 do 3,7 dnia. Uzyskane dane wskazują, że wstępne oznaczenie kiełkowania może przypadać po 4 dobach oceny u ziarniaków nagoziarnistych.

Tabela 7

Średni czas kiełkowania (w dniach) nagoziarnistych odmian owsa
Mean germination time (in days) evaluated for naked oat cultivars seeds

Termin oceny Date of evaluation	Temperatura Temperature (°C)	Rok zbioru — Year of harvest					
		2004		2005		2006	
		czas inkubacji (dni) — incubation time (days)					
		8	10	8	10	8	10
1	10	—	—	5,1 b	5,2 b	5,6 d	5,6 d
	15	5,0 a	4,9 a	—	—	4,9 c	4,9 c
	20	—	—	—	—	3,7 a	3,7 a
	25	5,2a	6,4 b	3,3 a	3,4 a	4,3 b	4,4 b
2	10	—	—	4,9 b	4,9 b	5,4 c	5,2 c
	15	5,3 c	5,3 c	—	—	4,6 b	4,6 b
	20	—	—	—	—	3,5 a	3,5 a
	25	3,7 a	4,0 b	3,1 a	3,1 a	3,6 a	3,7 a

Wartości średnie w obrębie lat oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie wg testu Newmana — Keulsa przy $p < 0,05$
 Values marked with the same letter within the years do not differ significantly according to Newman — Keuls test at $p < 0,05$

Dynamika kiełkowania określona na podstawie współczynnika Maguire'a (1962) była w większym stopniu zależna od temperatury kiełkowania w porównaniu do poprzednich wskaźników (tab. 6 i 8). Podobnie jak w przypadku średniego czasu kiełkowania największą dynamikę kiełkowania w 2006 roku obserwowano u ziarniaków inkubowanych w temperaturze 20°C. W 2004 roku w pierwszym terminie oceny bezpośrednio po zbiorze wystąpiło znaczące obniżenie dynamiki kiełkowania spowodowane podwyższeniem temperatury inkubacji do 25°C, a wartości średnie oznaczone po 8 i 10 dniach były istotnie zróżnicowane. W drugim terminie oceny w 2004 roku oraz w następnych latach nie obserwowano takiego hamującego wpływu podwyższonej temperatury.

Tabela 8

Dynamika kiełkowania (wg Maguire'a) nagoziarnistych odmian owsa
Dynamics of germination of naked oat cultivars seeds (according to Maguire)

Termin oceny Date of evaluation	Temperatura (°C) Temperature	Rok zbioru — Year of harvest					
		2004		2005		2006	
		czas inkubacji (dni) — incubation time (days)					
		8	10	8	10	8	10
1	10	—	—	19,2 a	19,3 a	17,7 b	17,7 b
	15	20,0 c	20,0 c	—	—	20,3 c	20,2 c
	20	—	—	—	—	27,5 d	27,5 d
	25	14,9 a	16,6 b	31,2 b	31,3 b	24,4 c	18,3 c
2	10	—	—	18,0 a	19,5 a	18,0 a	18,0 a
	15	19,1 a	19,1 a	—	—	21,0 b	21,1 b
	20	—	—	—	—	29,1 c	29,1 c
	25	26,9 b	27,3 b	32,6 b	32,6 b	27,1 c	27,3 c

Wartości średnie w obrębie lat oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie wg testu Newmana — Keulsa przy $p < 0,05$
 Values marked with the same letter within the years do not differ significantly according to Newman — Keuls test at $p < 0,05$

Uzyskane dane potwierdzają wyniki wcześniejszych badań (Gallais i in., 2000; Poljakoff-Mayber i in., 2002) wskazujące, że u owsa podobnie jak u innych gatunków zbóż występuje po zbiorze spoczynek ujawniający się w wyższej temperaturze inkubacji ziarniaków.

WNIOSKI

1. Nagoziarniste i oplewione odmiany owsa charakteryzowały się istotnym zróżnicowaniem badanych wskaźników kiełkowania.
2. Zdolność kiełkowania odmian nagoziarnistych omłóconych ręcznie wahała się w okresie 3-lecia w zakresie od 66,3 do 99,7% i była rezultatem sezonowej zmienności warunków środowiskowych, terminu oceny i temperatury inkubacji ziarniaków.
3. Wpływ zróżnicowanej temperatury (10, 15, 20, 25°C) na przebieg kiełkowania zaznaczył się przez dłuższy okres inkubacji u ziarniaków oplewionych aniżeli u nagoziarnistych.
4. Określenie zdolności kiełkowania oraz obliczenie średniego czasu kiełkowania i dynamika kiełkowania dla danych po 8 oraz po 10 dniach inkubacji ziarniaków nagoziarnistych nie wpłynęło istotnie na wyniki oceny tych wskaźników. Dane te wskazują na możliwość oceny zdolności kiełkowania odmian nagoziarnistych po 8 dniach inkubacji ziarniaków.
5. Przebieg kiełkowania ziarniaków oplewionych i nagoziarnistych inkubowanych bezpośrednio po zbiorze w temperaturze 25°C wskazuje na głębszy stan spoczynkowy ziarniaków oplewionych w porównaniu do nagoziarnistych.

LITERATURA

Dyrektywa Komisji 93/2/EWG. 1993. Dyrektywa Komisji 93/2/EWG z dnia 28 stycznia 1993 r. zmieniająca załącznik II do Dyrektywy Rady 66/402/EWG w sprawie obrotu materiałem siewnym zbóż. W: Dziennik Urzędowy Unii Europejskiej Nr L 54/20, 1993/03/05.

- Gallais S., Pou de Crescenzo M. A., Laval-Martin D. L. 2000. Evidence of active NADP⁺ phosphatase in dormant seeds of *Avena sativa* L., J. Exp. Bot. 51 (349): 1389 — 1394.
- Gąsiorowski H. 1999. Przyrodniczo rolnicze podstawy uprawy owsa. W: Gąsiorowski H. (red.) Owies - chemia i technologia. PWRiL, Warszawa: 181.
- ISTA, 1999. International rules for seed testing. Seed Sci. Technol. 27, Supplement.
- Kirkkari A-M., Peltonen-Sainio P., Lehtinen P. 2004. Dehulling capacity and storability of naked oat. Agric. Food Sci. 13: 198 — 211.
- Kirkkari A-M., Peltonen-Sainio P., Rita H. 2001. Reducing grain damage in naked oat through gentle harvesting. Agric. Food Sci. 10: 223 — 229.
- Maguire J. D. 1962. Speed of germination – aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigour. Crop Sci. 2: 176 — 177.
- Peltonen-Sainio P. Muurinen S., Vilppu M., Rajala A., Gates F. and Kirkkari A. M. 2001. Germination and grain vigour of naked oat in response to grain moisture at harvest. J. Agric. Sci. 137: 147 — 156.
- Poljakoff-Mayber A.; Popilevski I.; Belausov E.; Ben-Tal Y. 2002. Involvement of phytohormones in germination of dormant and non-dormant oat (*Avena sativa* L.) seeds. Plant Growth Regulation, 37: 7 — 16.
- Zieliński A. 2006. Wpływ oplewiania na wigor i długowieczność ziarniaków owsa. Rozprawa doktorska, Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza Kraków, PL.

ELŻBIETA ADAMSKA¹**ZYGMUNT KACZMAREK**¹**LAURENCJA SZAŁA**²**TERESA CEGIELSKA-TARAS**²¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Poznaniu

Analiza zdolności kombinacyjnych linii DH rzepaku ozimego pod względem zawartości kwasów tłuszczowych

Analysis of combining ability of winter oilseed rape DH lines in regard of the contents of fatty acids

W pracy zaproponowano wielowymiarowe podejście do badania ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej linii podwojonych haploidów (linii DH) rzepaku ozimego na podstawie analizy mieszańców otrzymanych w wyniku krzyżowania typu linia $\times$ tester. Dla kwasów tłuszczowych nasyconych i nienasyconych dokonano oceny wielowymiarowych efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) i specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) par linii rodzicielskich. Oszacowanie tych efektów przeprowadzono na podstawie analiz zawartości 5 kwasów tłuszczowych: nasyconych — palmitynowego (C16:0) i stearynowego (C18:0) oraz nienasyconych — oleinowego (C18:1), linolowego (C18:2) i linolenowego (C18:3) u mieszańców pochodzących z krzyżowania 7 linii DH rzepaku ozimego z 4 testerami.

Słowa kluczowe: kwasy tłuszczowe, linia $\times$ tester schemat, rzepak ozimy, zdolność kombinacyjna

The paper presents a multivariate approach to estimation and testing the significance of combining ability effects of winter oilseed rape doubled haploid lines (DH lines). The statistical methods have been used to evaluate DH lines on the basis of observations of hybrids obtained from the line $\times$ tester crossing scheme. Multivariate effects of general (GCA) and specific (SCA) combining ability were calculated for 7 DH lines and 4 testers in respect of the contents of five saturated and unsaturated fatty acids: palmitic (C16:0), stearic (C18:0), oleic (C18:1), linoleic (C18:2) and linolenic (C18:3).

Key words: fatty acids, line $\times$ tester scheme, winter oilseed rape, combining ability

WSTĘP

Dla optymalnego dostosowania oleju rzepakowego do różnych wymagań rynku pod względem składu kwasów tłuszczowych w nasionach rzepaku ozimego, pożądane jest uzyskanie oleju naturalnie stabilnego nie podlegającego szybkim procesom utleniania. Olej

zawierający dużą ilość wielonienasyconych kwasów charakteryzuje się oksydacyjną niestabilnością. Dlatego jednym z głównych celów hodowców jest uzyskanie odmian o wysokiej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego. Badania genetyczne prowadzone przez Bartkowiak-Brodę (1979) i Brunklaus-Jung, Röbbelen (1987) wykazały z jednej strony istotny wpływ rośliny matecznej na zawartość kwasu oleinowego i linolowego przy znacznie mniejszym wpływie genotypu zarodka, z drugiej zaś strony autorzy zwracają uwagę na modyfikujący wpływ warunków środowiska, a szczególnie wpływ temperatury podczas dojrzewania nasion na syntezę poszczególnych kwasów nienasyconych. Jedną z metod oceny przydatności linii do hodowli jest krzyżowanie typu linia $\times$ tester, polegające na krzyżowaniu wybranych linii rodzicielskich z każdym z testerów.

Do badania ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej linii podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego zaproponowano wielowymiarowe podejście wykorzystujące dane dotyczące mieszańców otrzymanych w wyniku krzyżowania typu linia $\times$ tester. Ocenę wielowymiarowych efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) i specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) dokonano dla zawartości kwasów tłuszczowych nasyconych i nienasyconych w oleju nasion. Oszacowanie tych efektów dla cech struktury plonu przeprowadzone zostało w pracy Adamskiej i wsp. (2007).

W niniejszej pracy dokonano oceny efektów GCA i SCA dla zawartości 5 kwasów tłuszczowych w oleju mieszańców pochodzących z krzyżowania 7 linii podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego z 4 testerami.

MATERIAŁ I METODY

Dla oszacowania wielowymiarowych efektów ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej linii rodzicielskich przeprowadzono doświadczenie w układzie linia $\times$ tester. Materiał do badań stanowiły mieszańce F_1 uzyskane w wyniku krzyżowania 7 linii DH [0-120 (L1), H2-26 (L2), W-15 (L3), MR-5 (L4), H3-2 (L5), H6-55 (L6), B21 (L7)] rzepaku ozimego z czterema testerami (odm. Lisek i 3 linie DH: H5-105, L 59, A1-2). Podwojone haploidy otrzymano metodą kultur izolowanych mikrospor. Testowane linie pochodziły od różnych dawców mikrospor. Jako testery wybrano: wysokopelną odmianę Lisek (T1) oraz trzy linie DH (T2, T3, T4) różniące się co najmniej jedną odrębną cechą.; linia H5-105 (T2) odznaczała się krótkimi łuszczykami, L 59 (T3) była linią częściowo żółto nasienną, natomiast A1-2 (T4) — linią o wysokiej zawartości tłuszczu. Doświadczenie z 39 genotypami (oprócz 28 mieszańców F_1 występowało w nim 7 linii DH oraz 4 testery) przeprowadzono na polu doświadczalnym Instytutu Genetyki Roślin w Cerekwicy k/ Poznania w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach (Adamska i in., 2007). Skład kwasów tłuszczowych w oleju nasion rzepaku oznaczano metodą chromatografii gazowej (Byczyńska, Krzymański, 1969) u trzech roślin w każdym powtórzeniu.

Zastosowano wielozmienną analizę wariancji, która umożliwiła przeprowadzenie testowania hipotez ogólnych o braku różnic między wektorami efektów GCA i SCA linii DH i testerów (Kaczmarek, Krajewski, 1994). Pozwoliła także na oszacowanie i testowanie istotności jedno- i wielowymiarowych efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej

linii podwojonych haploidów i testerów oraz specyficznej zdolności kombinacyjnej par linii DH i testerów. Weryfikację wyżej wymienionych hipotez przeprowadzono za pomocą procedury testowania jednoczesnego (Caliński i in., 1979).

WYNIKI

W tabeli 1 podano średnie wartości zawartości kwasów tłuszczowych mieszańców F₁ kombinacji krzyżówkowych linii DH i testerów.

Tabela 1

**Średnie zawartości kwasów tłuszczowych w oleju mieszańców F₁ rzepaku ozimego
(procent całkowitej zawartości kwasów tłuszczowych)**

Content of fatty acids for winter oilseed rape F₁ hybrids (per cent of total fatty acids content)

Linie DH DH lines	Testery Testers	Kwasy tłuszczowe — Fatty acids				
		C16:0	C18:0	C18:1	C18:2	C18:3
0120 L1	Lisek	4,70	1,37	64,50	19,07	9,07
	H5-105	4,87	1,27	64,93	18,53	9,07
	Z-152	4,33	1,47	63,07	20,93	9,60
	A1-2	4,39	1,60	67,40	17,13	8,37
H2-26 L2	Lisek	4,40	1,70	63,87	19,10	9,50
	H5-105	4,70	1,23	60,47	21,90	10,53
	Z-152	4,50	1,47	57,10	24,10	11,43
	A1-2	4,50	1,80	65,30	19,03	8,47
W-15 L3	Lisek	4,23	1,70	65,53	18,20	9,10
	H5-105	4,60	1,73	64,17	18,93	9,27
	Z-152	4,07	1,57	64,50	19,83	8,80
	A1-2	4,37	1,80	68,20	16,37	8,17
MR-5 L4	Lisek	4,20	1,50	64,43	19,10	9,73
	H5-105	4,60	1,40	59,16	22,03	11,50
	Z-152	3,80	1,50	61,63	23,37	10,53
	A1-2	4,20	1,60	65,37	18,60	9,03
H3-2 L5	Lisek	4,27	1,47	64,63	18,90	9,47
	H5-105	4,50	1,33	60,27	21,47	11,13
	Z-152	4,00	1,37	59,83	23,37	10,10
	A1-2	4,03	1,60	65,20	18,00	9,90
H6-55 L6	Lisek	4,43	1,57	63,83	19,33	9,50
	H5-105	4,47	1,53	63,13	19,93	9,60
	Z-152	4,07	1,30	62,43	21,67	9,23
	A1-2	4,10	1,50	66,40	18,07	8,57
B-21 L7	Lisek	4,77	1,50	64,47	19,20	8,80
	H5-105	4,70	1,47	61,67	21,10	9,67
	Z-152	4,90	1,67	64,63	20,27	7,27
	A1-2	4,40	1,50	66,00	17,93	8,93
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}		0,30	0,32	1,84	1,54	1,02

Oceny i wyniki testowania istotności efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) linii DH i testerów dla poszczególnych kwasów i wszystkich kwasów łącznie przedstawiono w tabeli 2.

Tabela 2

Oceny i wyniki testowania jedno- i wielowymiarowych efektów GCA linii DH i testerów
Estimates and results of testing the significance of uni- and multivariate GCA effects for DH lines and testers

No	Linie DH DH lines	Kwasy tłuszczowe — Fatty acids					Wartość statystyki F dla wielowymiarowego efektu GCA F statistic value for multivariate GCA effect
		C16:0	C18:0	C18:1	C18:2	C18:3	
L1	DH 0-120	0,15	-0,09	1,32*	-0,92*	-0,42	9,31*
L2	DH H2-26	0,13	0,03	-1,96*	1,19*	0,54	8,72*
L3	DH W-15	-0,08	0,18*	1,95*	-1,50*	-0,61*	9,84*
L4	DH MR-5	-0,19*	-0,02	-1,00	0,94*	0,77*	17,80*
L5	DH H3-2	-0,19*	-0,08	-1,16*	0,59	0,71*	10,98*
L6	DH H6-55	-0,12	-0,04	0,30	-0,09	-0,22	2,83
L7	DH B-21	0,30*	0,02	0,54	-0,21	-0,77*	14,90*
Testery — Testers							
T1	Odm. Lisek	0,04	0,02	0,82*	-0,85*	-0,13	5,10*
T2	DH H5-105	0,24	-0,09	-1,68*	0,72*	0,67*	19,43*
T3	DH L-59	-0,15	-0,04	-1,76*	2,09*	0,13	32,35*
T4	DH A1-2	-0,13	0,11	2,62*	-1,96*	-0,67*	30,59*

* Efekt GCA istotny na poziomie 0,05 (zastosowano procedurę testowania jednoczesnego)

* GCA effects significant at the 0.05 level (simultaneous test procedure has been used)

Wielowymiarowe efekty GCA dla 5 kwasów łącznie okazały się wysoce istotne dla wszystkich testerów i linii z wyjątkiem linii DH H6-55. Spośród analizowanych linii DH wyróżnić można linie L1 i L3, wykazujące dodatnie efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej dla zawartości kwasu oleinowego, przy czym linia L3 wykazuje jednocześnie istotne i ujemne efekty GCA dla zawartości kwasu linolenowego. Linia L3 (DH W-15) zasługuje na szczególną uwagę, gdyż we wcześniejszych badaniach wyróżniono ją jako linię charakteryzującą się dodatnimi istotnymi efektami GCA dla cech struktury plonu takich jak liczba nasion w łuszczyńce, liczba rozgałęzień i liczba łuszczyń na roślinie (Adamska i in., 2007). Ponadto linie L2 i L4 wykazywały również dodatnie istotne efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej dla kwasu linolowego. Linią wartą uwagi jest linia L7 odznaczająca się istotną i ujemną oceną GCA dla zawartości kwasu linolenowego. Niska zawartość tego kwasu w oleju jest cechą pożądaną, gdyż kwas C18:3 charakteryzuje się dużą oksydacyjną niestabilnością, a zmniejszona jego zawartość opóźnia proces jełczenia oleju.

Linią o przeciętnej wielowymiarowej ogólnej zdolności kombinacyjnej jest linia L6, u której dla żadnego kwasu nie wystąpiły istotne efekty GCA.

Z czterech testerów najlepszym komponentem do krzyżowań w celu otrzymania form wysokooleinowych okazała się odmiana Lisek, (T1), której efekty GCA dla zawartości kwasu oleinowego były dodatnie i istotne oraz tester T4 (DH A1-2) o dodatnich efektach GCA dla kwasu oleinowego i ujemnych dla kwasu linolenowego i linolowego. Dla otrzymania form o wysokiej zawartości kwasu linolowego, interesujące okazały się testery T2 i T3 o istotnych dodatnich efektach GCA dla tego kwasu.

Tabela 3 przedstawia dla każdej cechy oceny specyficznej zdolności kombinacyjnej dla wybranych par linii i testerów. Dokonano testowania istotności poszczególnych ocen efektów SCA (zaznaczając efekty istotne gwiazdkami) oraz wielowymiarowych efektów SCA poprzez wyliczenie dla nich wartości statystyki F i zaznaczenie także gwiazdkami ich istotności na poziomie 0,05.

Tabela 3

Oceny i wyniki testowania jedno i wielowymiarowych efektów SCA wybranych par linii DH i testerów
Estimates and results of testing the significance of uni- and multivariate SCA effects for chosen pairs of DH lines and testers

Linie DH DH Lines	Testery Testers	Kwas tłuszczowy — Fatty acids					Wartość statystyki F dla wielowymiarowych efektów SCA F statistic value for multivariate SCA effect
		C16:0	C18:0	C18:1	C18:2	C18:3	
0120 L1	Lisek	0,11	-0,08	-1,29*	1,00*	0,17	1,72
	H5-105	0,08	-0,06	1,63*	-1,10*	-0,63*	3,02*
	Z-152	-0,06	0,08	-0,15	-0,08	0,45	1,78
	A1-2	-0,13	0,06	-0,19	0,18	0,01	0,82
H2-26 L2	Lisek	-0,16	0,12	1,36*	-1,08*	-0,35	2,36*
	H5-105	-0,06	-0,22*	0,46	0,15	-0,12	2,05
	Z-152	0,13	-0,04	-2,82*	0,97*	1,32*	9,82*
	A1-2	0,09	0,14	1,00*	-0,04	-0,85*	5,18*
W-15 L3	Lisek	-0,12	-0,02	-0,88	0,72	0,40	1,36
	H5-105	0,04	0,12	0,24	-0,12	-0,24	0,58
	Z-152	-0,09	-0,09	0,66	-0,59	-0,16	2,08
	A1-2	0,17	-0,01	-0,02	-0,01	0,00	1,22
MR-5 L4	Lisek	-0,04	-0,02	0,96	-0,82	-0,34	1,78
	H5-105	0,16	-0,01	-1,81*	0,54	0,63*	5,94*
	Z-152	-0,24*	0,04	0,75	0,49	0,21	23,81*
	A1-2	0,12	-0,01	0,10	-0,21	-0,50	4,40*
H3-2 L5	Lisek	0,03	0,0	1,33*	-0,68	-0,55	1,92
	H5-105	0,05	-0,54	-0,54	0,31	0,31	0,55
	Z-152	-0,04	-0,89	-0,89	0,84	-0,17	2,30
	A1-2	-0,04	0,10	0,10	-0,47	0,41	1,00
H6-55 L6	Lisek	0,12	-0,93	-0,93	0,43	0,41	1,24
	H5-105	-0,04	0,86	0,86	-0,53	-0,29	1,27
	Z-152	-0,04	0,24	0,24	-0,18	-0,12	1,40
	A1-2	-0,04	-0,17	-0,17	0,28	0,00	0,26
B-21 L7	Lisek	0,04	-0,54	-0,54	0,43	0,26	0,53
	H5-105	-0,23*	-0,85	-0,85	0,75	0,33	2,70*
	Z-152	0,36*	0,20	2,20*	-1,45*	-1,52*	12,26*
	A1-2	-0,17	-0,81	-0,81	0,27	0,93*	3,45*
F _{0,05}							2,34

* Efekt SCA istotny na poziomie 0,05; SCA effect significant at 0.05 level

Biorąc pod uwagę wszystkie kwasy łącznie, czyli oceniając wielowymiarowe efekty SCA, można wyróżnić 7 par linii i testerów o istotnym efekcie SCA. Potomstwo pięciu par: L1 × T2, L2 × T1, L2 × 4, L5 × T1 i L7 × T3 charakteryzowało się, istotnymi dodatnimi efektami specyficznej zdolności kombinacyjnej dla zawartości kwasu oleinowego a dla kwasu linolowego potomstwo dwóch par L1 × T1 i L2 × T3. Ujemne istotne efekty

specyficznej zdolności kombinacyjnej dla zawartości kwasu linolenowego obserwowano u trzech par: $L1 \times T2$, $L2 \times T4$ i $L7 \times T3$.

WNIOSEK

Analiza statystyczna doświadczenia linia $\times$ tester z rzepakiem ozimym, przeprowadzona na podstawie obserwacji mieszańców F_1 pozwala wyróżnić pary rodzicielskie, które rokuja otrzymanie potomstwa o szczególnie pożądanym, ze względów technologicznych, składzie kwasów tłuszczowych oleju, głównie o podwyższonej zawartości kwasu oleinowego i obniżonej zawartości kwasu linolenowego. W kolejnych latach planowane są doświadczenia w układzie linia $\times$ tester z mieszańcami F_2 .

LITERATURA

- Adamska E., Cegielska-Taras T., Kaczmarek Z., Szała L. 2007. Multidimensional GCA and SCA effects in doubled haploid lines of winter rape in the analysis of yield structure characters of F_1 line $\times$ tester crosses. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops*, XXVIII: 97 — 108.
- Bartkowiak-Broda I. 1979. Dziedziczenie zawartości tłuszczu oraz kwasów: oleinowego, linolowego i linolowego u bezerukowego rzepaku ozimego (*Brassica napus* L. var. *oleifera*). Praca doktorska wykonana w Zakładzie Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu.
- Brunklaus-Jung E., Röbbelen G. 1987. Genetic and physiological investigations on mutants for polygenic fatty acid in rapeseed (*Brassica napus*/L.). *Plant Breeding*, 98: 9 — 16.
- Byczyńska B., Krzymański J. 1969. Szybki sposób otrzymywania estrów metylowych kwasów tłuszczowych do analizy metodą chromatografii gazowej. *Tłuszcze Jadalne* 13: 108 — 114.
- Caliński T., Dyczkowski A. I., Sitek M. 1979. Procedury testów jednoczesnych w wielozmiennej analizie wariancji. *Matematyka stosowana* XIV: 5 — 31.
- Kaczmarek Z., Krajewski P. 1994. Wielowymiarowa ocena form rodzicielskich na podstawie doświadczenia z mieszańcami linia $\times$ tester. XXIV Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii, PAN: 303 — 320.

JAN BOCIANOWSKI ¹ALINA LIERSCH ²IWONA BARTKOWIAK-BRODA ²WIESŁAWA POPLAWSKA ²¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu² Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych IHAR w Poznaniu

Charakterystyka samosiewów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) za pomocą markerów RAPD*

Characteristics of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.) volunteers with the use of RAPD markers

Celem pracy była ocena podobieństwa genetycznego (GS) pomiędzy samosiewami oraz odmianami rzepaku i rzepiku, a także określenie związku markerów molekularnych z cechami fenotypowymi i genotypem. Badania obejmowały potomstwo 31 samosiewów pobranych z plantacji rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego w sezonie 2005/2006 w trzech województwach Polski północnej. Jako wzorce wybrano odmiany rzepaku uprawiane na plantacjach, z których pobrano samosiewy: Californium, Castille, Lisek i Rasmus oraz odmianę rzepiku ozimego (*B. campestris*) Ludowy. Charakterystykę samosiewów rzepaku wykonano za pomocą 431 markerów molekularnych typu RAPD. Dendrogram utworzony w oparciu o miarę GS Nei i Li (1979) rozdzielił badane genotypy na dwie zasadnicze grupy: samosiewy o morfotypie rzepaku i odmiany wzorcowe rzepaku oraz grupę obejmującą rośliny o morfotypie rzepiku i odmianę rzepiku Ludowy. Stwierdzono także istotny związek pomiędzy grupami markerów RAPD a cechami fenotypowymi i poziomem ploidalności. Otrzymano 21 markerów RAPD występujących wyłącznie w roślinach rzepikopodobnych o podwyższonej zawartości kwasu erukowego oraz 59 markerów charakterystycznych dla roślin w typie rzepaku o niskiej zawartości kwasu erukowego.

Słowa kluczowe: markery molekularne RAPD, polimorfizm DNA, rzepak ozimy (*Brassica napus* L.), samosiewy

This study aimed to estimate genetic similarity (GS) and relationships between molecular markers and phenotypic traits and between molecular markers and genotype. The investigations included progenies of 31 volunteers collected from winter oilseed rape fields in the growing season 2005/2006. The plantations were selected in three Voivodships in northern Poland. Winter oilseed rape cultivars Californium, Castille, Lisek, Rasmus, cultivated in the fields of origin of volunteers, and winter turnip

* 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”.

rape (*B. campestris*) Ludowy were chosen as standards. The volunteers of winter oilseed rape have been investigated through 431 RAPD markers. Dendrogram based on Nei and Li (1979) coefficient grouped genotypes in two clusters. The first one was represented by oilseed rape-like plants and standard oilseed rape cultivars; the second group consisted of turnip rape-like plants and turnip rape cultivar Ludowy. Significant associations between molecular markers, phenotypic traits and genotypes were found. Twenty-one of the molecular markers were specific for the turnip rape-like plants with high erucic acid content, and 59 markers were specific for oilseed rape-like plants with low erucic acid content.

Key words: molecular marker RAPD, polymorphism DNA, winter oilseed rape (*Brassica napus* L.), volunteers

WSTĘP

Markery DNA są szeroko stosowane w programach badawczych i hodowlanych roślin z rodzaju *Brassica*. Do najczęściej stosowanych markerów należą markery typu RFLP (ang. restriction fragment length polymorphism), AFLP (ang. amplified fragments length polymorphisms), RAPD (ang. random amplified polymorphic DNA) czy ostatnio SSR (ang. simple-sequence repeats) i SNPs (ang. single nucleotide polymorphism) (Snowdon i Friedt, 2004). Markery molekularne wykorzystuje się do charakterystyki zmienności genetycznej materiałów kolekcyjnych i identyfikacji odmian (Becker i in., 1995; Hasan i in., 2006; Wu i in., 2007), poszukiwania sprzężeń markerów z cechami jakościowymi i ilościowymi i mapowania: genów cech jakościowych (Uzunowa i in., 1995; Ecke i in., 1995; Javidfar i in., 2006; Friedt i in., 2007; Mikołajczyk i in., 2007; Rahman i in., 2007), odporności na choroby (Delourme i in., 2004; Yu i in., 2007), stresy (Pilet i in., 2001; Kole i in., 2002), cechy morfologiczne (Foisset i in., 1995; Barret i in., 1998; Sommers i in., 2001; Lu i in., 2008), cechy męskiej sterility (Delourme i in., 1998). Stosuje się je także w tworzeniu map genetycznych i fizycznych genów: Song i wsp. (1991), Foisset i wsp. (1996), Lombard i Delourme (2001), Babula i wsp. (2003), do badania zależności efektu heterozji od dystansu genetycznego (Liu i in., 2002; Yu i in., 2005).

Celem pracy była: ocena zróżnicowania genetycznego samosiewów pobranych z plantacji rzepaku ozimego i weryfikacja za pomocą markerów molekularnych typu RAPD wcześniej dokonanego podziału samosiewów na podstawie cech fenotypowych i poziomu ploidalności, a także określenie związku pomiędzy poszczególnymi markerami molekularnymi a cechami fenotypowymi.

MATERIAŁ I METODY

Obiektami badań były nasiona zebrane z roślin pobranych wiosną 2006 roku jako samosiewy na plantacjach rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego w województwach: Zachodniopomorskim, Pomorskim oraz Warmińsko-Mazurskim. Na podstawie cech fenotypowych oraz względnej zawartości jądrowego DNA do badań zmienności za pomocą markerów typu RAPD wybrano potomstwa 31 samosiewów, spośród wcześniej zbadanych 122 (tab. 1). Ponadto do badań włączono odmiany rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego uprawiane na plantacjach, z których pobrano samosiewy: Californium, Castille, Lisek i Rasmus oraz odmianę rzepiku ozimego Ludowy. Samosiewy te zostały

sklasyfikowane do grupy roślin w typie rzepaku bądź w typie rzepiku na podstawie cech morfologicznych, jakościowych (zawartość kwasu erukowego i glukozynolanów) oraz względnej zawartości DNA jądrowego (Liersch i in., 2008).

Tabela 1

Charakterystyka badanych samosiewów rzepaku ozimego na podstawie cech fenotypowych
Characteristics of investigated winter oilseed rape volunteers according to phenotype traits

Samosiew Volunteer	Plantacja pochodzenia samosiewu Plantation of volunteers origin	Typ morfologiczny Morphological type	Względna zawartość jądrowego DNA Relative DNA content of nuclei	Kwas erukowy Erucic acid (%)	Całkowita zawartość glukozynolanów Total glucosinolate content ($\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion)
Z06-2/9	Californium	rzepikopodobna ¹	48,2	41,5	95,4
Z06-3/6	Rasmus	rzepikopodobna	48,3	42,7	107,8
Z06-6/10	Lisek	rzepikopodobna	49,3	38,3	104,5
Z06-8/1	Rasmus	rzepikopodobna	47,3	39,5	101,1
P06-14/3	Carousel	rzepikopodobna	48,1	39,4	111,4
Z06-10/31	Rasmus	typ rzepaku ²	48,3	37,2	79,5
P06-16/15	Lisek	rzepikopodobna	48,1	33,6	94,0
P06-18/1	Lisek	rzepikopodobna	47,3	34,3	103,2
W06-23/9	Lisek	rzepikopodobna	48,0	0,0	135,4
Z06-3/10	Rasmus	rzepikopodobna	119,1	26,6	58,1
Z06-1/2	Rasmus	typ rzepaku	115,9	10,2	92,2
Z06-4/21	Lisek	typ rzepaku	121,3	0,0	90,3
Z06-4/61	Californium	typ rzepaku	117,2	49,8	102,8
Z06-5/46	Rasmus	typ rzepaku	117,1	0,0	86,5
Z06-6/27	Lisek	typ rzepaku	115,6	28,9	75,7
Z06-8/5	Lisek	typ rzepaku	117,3	0,0	68,9
Z06-9/47	Lirajet	typ rzepaku	112,0	0,0	92,5
Z06-10/21	Rasmus	typ rzepaku	117,4	21,5	11,4
Z06-11/8	Rasmus	typ rzepaku	121,3	11,7	47,5
Z06-12/6	Lisek	typ rzepaku	119,1	28,8	85,2
P06-14/16	Carousel	typ rzepaku	118,2	19,7	82,4
P06-14/38	Castille	typ rzepaku	119,7	0,0	73,1
P06-15/4	Kaszub	typ rzepaku	119,7	0,0	100,2
P06-16/46	Lisek	typ rzepaku	116,3	10,4	65,0
P06-17/25	Rafaella	typ rzepaku	112,6	26,1	89,6
P06-18/30	Lisek	typ rzepaku	117,2	0,1	69,0
P06-19/28	Castille	typ rzepaku	113,9	42,0	108,8
P06-19/60	Rasmus	typ rzepaku	115,8	40,9	73,6
W06-23/14	Lisek	typ rzepaku	118,9	0,0	50,1
W06-26/26	Californium	typ rzepaku	120,8	13,0	66,1
W06-26/31	Californium	typ rzepaku	119,6	0,0	75,4
Wzorzec — Standard					
Californium	<i>B. napus</i>	rzepak	118,4	0,0	14,8
Castille	<i>B. napus</i>	rzepak	116,9	0,0	12,4
Lisek	<i>B. napus</i>	rzepak	115,6	0,0	9,9
Rasmus	<i>B. napus</i>	rzepak	114,3	0,0	9,9
Ludowy	<i>B. campestris</i>	rzepik	49,4	39,5	44,3

1 — Roślina rzepikopodobna; Turnip rape like plant

2 — Typ rzepaku; Oilseed rape like plant

Dla określenia podobieństwa genetycznego i związku poszczególnych markerów molekularnych z uprzednio zbadanymi cechami wykonano badania za pomocą markerów RAPD.

DNA do analiz molekularnych izolowano z liścieni sześciodniowych siewek rzepaku ozimego według zmodyfikowanej metody opisanej przez Doyle'a i Doyle'a (1990). Jakość wyizolowanego DNA oceniano na 0,8% żelu agarozowym w buforze TBE, stosując jako wzorzec fag λ (MBI Fermentas).

DNA amplifikowano metodą PCR z zastosowaniem 30 starterów RAPD firmy Operon Technologies (Williams i in., 1990). Każdy genotyp badany był w dwóch powtórzeniach. Zastosowano następujące startery: OPA-07, OPA-08, OPA-14, OPC-02, OPC-09, OPC-18, OPD-08, OPF-01, OPF-04, OPF-14, OPG-03, OPG-04, OPG-05, OPL-12, OPN-18, OPN-20, OPP-03, OPP-05, OPP-07, OPP-11, OPP-14, OPW-05, OPW-09, OPY-01, OPY-02, OPY-04, OPY-05, OPY-10, OPY-13, OPY-15.

Podobieństwo genetyczne (GS) badanych linii rzepaku ozimego oszacowano stosując miarę Nei i Li (1979) wyliczając współczynniki według wzoru: $GS_{AB} = 2N_{AB}/(N_A + N_B)$, gdzie N_{AB} oznacza liczbę alleli obecnych zarówno u linii A , jak i u linii B , N_A — liczbę alleli obecnych u linii A , N_B — liczbę alleli obecnych u linii B . Współczynniki te posłużyły do hierarchicznego grupowania linii metodą średnich połączeń. Wyniki przeprowadzonego grupowania przedstawiono w formie dendrogramu. Wszystkie obliczenia wykonano korzystając z pakietu statystycznego Genstat (Genstat 5 Committee, 1993).

W celu określenia związku obserwacji markerowych z poszczególnymi cechami fenotypowymi zastosowano analizę regresji (Hastie i Tibshirani, 1990). Obserwacje markerów molekularnych były traktowane jako zmienne niezależne i rozpatrywane indywidualnie w modelach. Statystyczną istotność testowano na poziomie $\alpha = 0,001$.

WYNIKI I DYSKUSJA

Wszystkie zastosowane startery RAPD wykazały polimorfizm między badanymi obiektami. Uzyskano łącznie 467 produktów amplifikacji w tym 431 różnicujących. Liczba polimorficznych markerów dla pojedynczego startera wyniosła od 6 do 27. Najwięcej polimorficznych produktów amplifikacji otrzymano w reakcji ze starterami OPL-12 (27), OPF-04 (24), OPG-05 (21), a najmniej ze starterami OPP-05 (6) oraz OPA-08 (7). Jeden starter generował średnio 14,4 polimorficzne markery.

Na podstawie analiz molekularnych RAPD obliczono podobieństwo genetyczne między badanymi genotypami.

Najniższą wartość podobieństwa genetycznego stwierdzono dla pary roślin Z06-6/10 o zawartości DNA charakterystycznej dla rzepiku, wysokiej zawartości kwasu erukowego i glukozynolanów oraz Z06-1/2 o zawartości DNA charakterystycznej dla rzepaku, ale podwyższonej zawartości kwasu erukowego i glukozynolanów (tab. 2). Najwyższą wartość podobieństwa genetycznego otrzymano dla pary: odmiana podwójnie ulepszona Californium oraz roślina Z06-4/21 uznana za samosiew, o zawartości DNA typowej dla rzepaku, bezerukowa ale o podwyższonej zawartości glukozynolanów (tab. 2). Te skrajne wartości pokazują prawidłowe rozróżnienie samosiewów za pomocą markerów RAPD.

Najbardziej oddalone są od siebie rośliny rzepaku i rzepiku, a najbardziej podobne odmiana podwójnie ulepszona i jedyny samosiew podobny fenotypowo — bezerukowy, choć o wysokiej zawartości glukozynolanów.

Tabela 2

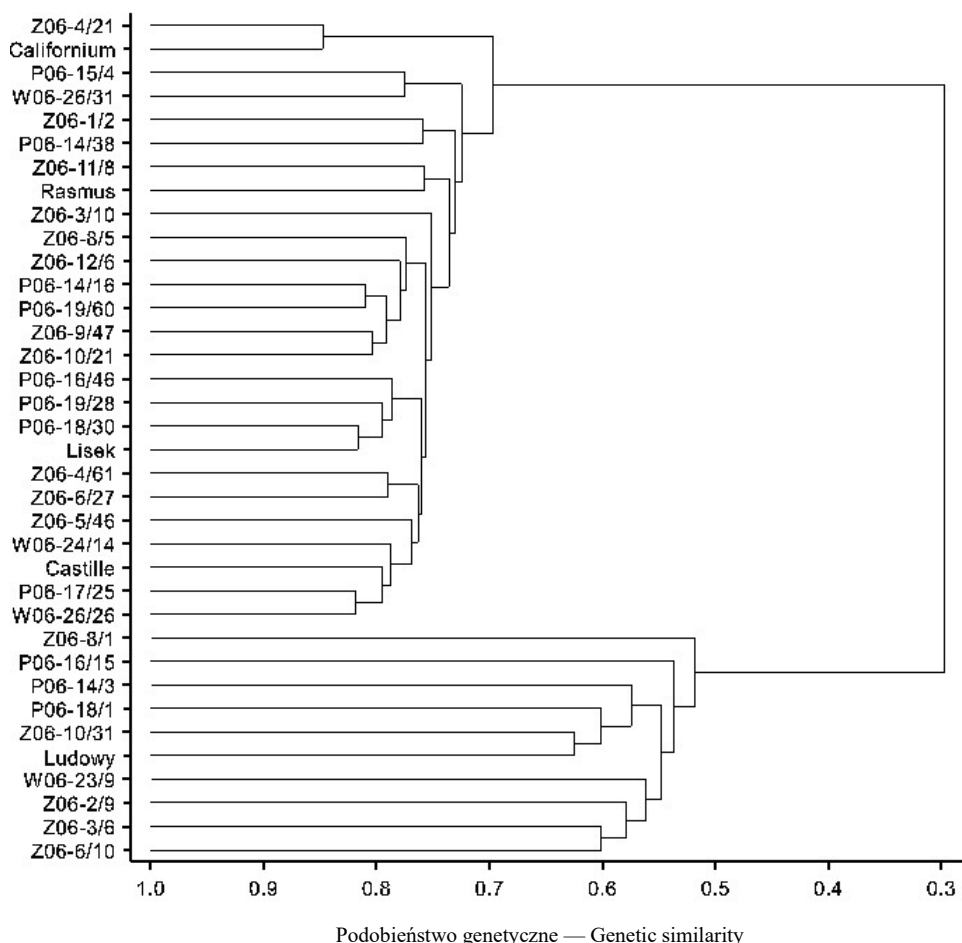
Najmniejsze i największe wartości podobieństwa genetycznego obliczone za pomocą miary podobieństwa genetycznego Nei i Li (1979)
Minimum and maximum genetic similarity values calculated using measure of genetic similarity Nei and Li (1979)

Wartości najmniejszego podobieństwa genetycznego Minimum genetic similarity values		
Z06-6/10	Z06-1/2	0,2119
W06-23/9	Z06-3/10	0,2222
Z06-6/27	Z06-6/10	0,2373
W06-23/9	Z06-11/8	0,2374
Z06-6/10	Z06-5/46	0,2375
W06-23/9	Z06-4/21	0,2376
Wartości największego podobieństwa genetycznego Maximum genetic similarity values		
P06-17/25	Z06-5/46	0,8076
P06-19/60	P06-14/16	0,8099
P06-19/28	P06-18/30	0,8132
LISEK	P06-18/30	0,8161
W06-26/26	P06-17/25	0,8189
Californium	Z06-4/21	0,8474

Dendrogram utworzony w oparciu o współczynniki podobieństwa genetycznego ukazuje przyporządkowanie badanych obiektów do dwóch grup. W grupie pierwszej znajdują się wszystkie odmiany rzepaku ozimego podwójnie ulepszanego — Californium, Castille, Lisek, Rasmus i 22 rośliny o budowie morfologicznej charakterystycznej dla roślin rzepaku oraz poziomie ploidalności odpowiadającym allotetraploidalnemu rzepakowi. Przy czym wśród roślin o morfotypie rzepaku znajdują się samosiewy rzepaku o zróżnicowanej zawartości kwasu erukowego i glukozynolanów. Natomiast w drugiej grupie znajduje się odmiana rzepiku Ludowy oraz 9 obiektów o morfotypie rzepiku (rys. 1). Uzyskany na podstawie badań metodą RAPD podział badanych obiektów potwierdził klasyfikację tych roślin opartą na obserwacjach budowy morfologicznej (z jednym wyjątkiem) oraz analizie względnej zawartości DNA jądrowego (tab. 1). Pomimo, że technika RAPD uważana jest za najmniej powtarzalną, dzięki otrzymaniu wielu — 431 różnicujących produktów amplifikacji metoda ta pozwoliła na prawidłowe określenie podobieństwa genetycznego samosiewów występujących na plantacjach rzepaku, na co wskazuje zbieżność z oceną innymi metodami (Liersch i in., 2008).

Podobny wynik uzyskali Aleksandrak i Broda (2004). Za pomocą 25 starterów typu RAPD zbadali zróżnicowanie genetyczne pomiędzy roślinami określanymi jako rzepakochwasty oraz rzepakiem i rzepikiem. Autorzy wyróżnili dwie podstawowe grupy: pierwszą, w której znajdowały się rzepik i rzepakochwasty o morfotypie zbliżonym do rzepiku oraz drugą grupę, do której zakwalifikowano rzepak i rzepakochwasty o morfotypie rzepaku. Podział rzepakochwastów na podstawie polimorfizmu DNA także

odpowiadał wstępnemu podziałowi wykonanemu na podstawie budowy morfologicznej roślin. Zatem można uznać, że uzyskano dostateczną liczbę markerów dla rozróżnienia obu typów samosiewów.



Rys. 1. Dendrogram 31 samosiewów rzepaku ozimego utworzony na podstawie 431 markerów RAPD
Fig. 1. Dendrogram of 31 winter oilseed rape volunteers based on 431 RAPD markers

Jakkolwiek uważa się, że markery typu RAPD są mało powtarzalne, to jednak ze względu na łatwość wykonania i stosunkowo niski koszt, przy dużej liczbie polimorficznych produktów amplifikacji mogą być przydatne do określenia zróżnicowania genetycznego. Świadczą o tym wyniki uzyskane przez różnych badaczy dla gorczycy (*B. juncea*) (Jain i in., 1994), rzepaku (*B. napus*) (Mailer i in., 1994; Yu i in., 2005), czy kapusty (*B. oleracea*) (Santos i in., 1994).

Ponadto na podstawie wyników uzyskanych za pomocą 30 starterów typu RAPD określono związek poszczególnych grup markerów z cechami fenotypowymi i poziomem ploidalności. Istotny statystycznie (na poziomie istotności $\alpha = 0,001$) związek z budową morfologiczną roślin wykazywało 138 markerów, które uzyskano za pomocą 28 starterów zastosowanych w badaniach. Związku z tą cechą nie wykazywały tylko markery uzyskane za pomocą starterów OPA-14 i OPP-05. 89 markerów wskazywało na rośliny, których budowa morfologiczna była typowa dla roślin rzepaku. Ta grupa markerów wyjaśniała od 26,1 do 73,5% zmienności tej cechy (tab. 3). Natomiast czterdzieści dziewięć markerów wskazywało na budowę morfologiczną typową dla roślin rzepikopodobnych. Procent zmienności cechy fenotypowej wyjaśnianej przez markery RAPD wynosił od 26,1 do 86,3%.

Tabela 3

Liczba markerów istotnie (na poziomie $\alpha = 0,001$) związanych z poszczególnymi cechami
Number of markers significantly (at the level $\alpha = 0.001$) associated with particular traits

	Cecha — Trait			
	typ morfologiczny morphologic type	względna zawartość dna jądrowego relative nuclei DNA content	zawartość kwasu erukowego erucic acid content (%)	zawartość sumy glukozynolanów total glucosinolate content ($\mu\text{mol g}^{-1}$ nasion)
	[1]	[2]	[3]	[4]
Ogólna liczba markerów polimorficznych Total number of polymorphic markers	138	167	86	3
Liczba wspólnych markerów dla cech Number of common markers for traits		[1+2] 133	[1+2+3] 80	[1+2+3+4] 1
Typ rzepaku Oilseed rape like plant	89	101	62	3
Liczba wspólnych markerów Number of common markers	—	[1+2] 85	[1+2+3] 59	[1+2+3+4] 1
Procent zmienności wyjaśnianej przez markery Percentage variation accounted by markers	26,1 — 73,5%	26,1 — 99,5%	25,7 — 48,0%	25,8 — 33,9%
Roślina rzepikopodobna Turnip rape like plant	49	66	24	—
Liczba wspólnych markerów Number of common markers	—	[1+2] 48	[1+2+3] 21	—
Procent zmienności wyjaśnianej przez markery Percentage variation accounted by markers	26,1 — 86,3%	25,6 — 99,5%	24,5 — 48,0%	—

Analizując względną zawartość jądrowego DNA, jedynie dla startera OPA 14 nie otrzymano markerów, które w istotny statystycznie sposób (na poziomie $\alpha = 0,001$) były związane z tą cechą. Za pomocą 29 starterów wygenerowano 167 markerów związanych z poziomem ploidalności badanych roślin w sposób statystycznie istotny (na poziomie $\alpha = 0,001$). Sto jeden markerów wykazywało istotny związek z roślinami o zawartości jądrowego DNA, typowej dla roślin rzepaku, a pozostałe 66 z zawartością DNA charakterystyczną dla roślin rzepikopodobnych oraz odmiany *B. campestris* Ludowy (tab. 3).

Spośród tych markerów wykazujących istotny statystycznie związek z fenotypem roślin rzepikopodobnych oraz z niższą względną zawartością jądrowego DNA, 48 markerów molekularnych typu RAPD jest wspólnych dla obu tych cech. W przypadku roślin rzepakopodobnych i wyższej zawartości DNA w jądrze takich wspólnych markerów było 85.

Wykazano również związek markerów molekularnych ze składem chemicznym nasion badanych genotypów. Na 431 otrzymanych różnicujących produktów amplifikacji, 62 markery związane były z niską zawartością kwasu erukowego w nasionach, a 24 markery z wysoką zawartością tego związku (tab. 3). Na 24 markery ściśle związane z podwyższeniem zawartości kwasu erukowego w nasionach, 21 markerów występowało w roślinach rzepikopodobnych o zawartości jądrowego DNA odpowiadającej odmianie wzorcowej rzepiku Ludowy. Były to markery otrzymane przy użyciu następujących starterów: OPD 08 (2 – liczba markerów generowanych przez starter i związanych z daną cechą), OPF 01 (3), OPG 03 (3), OPG 05 (2), OPL 12 (1), OPN 18 (1), OPP 03 (1), OPP 14 (1), OPY 04 (1), OPY 05 (4), OPY 10 (1), OPY 15 (1). W grupie markerów molekularnych związanych z niższą zawartością kwasu erukowego, 59 markerów stwierdzono w DNA roślin rzepakopodobnych [startery: OPA 07 (1), OPA 08 (2), OPC 02 (1), OPC 09 (1), OPC 18 (2), OPD 08 (5), OPF 01 (3), OPF 04 (1), OPF 14 (2), OPG 03 (4), OPG 04 (3), OPG 05 (3), OPL 12 (4), OPN 18 (1), OPN 20 (2), OPP 03 (1), OPP 07 (2), OPP 11 (1), OPP 14 (4), OPW 09 (2), OPY 01 (3), OPY 02 (1), OPY 04 (1), OPY 05 (3), OPY 10 (1), OPY 13 (2), OPY 15 (3)].

Jedynie trzy markery RAPD (OPF 04~900, OPG 03~1050 oraz OPW 09~2500) wykazywały istotny statystycznie (na poziomie istotności $\alpha = 0,001$) związek z zawartością glukozynolanów w nasionach badanych samosiewów rzepaku (tab. 3). Procenty zmienności tej cechy wyjaśnianej przez powyższe markery wynosiły, odpowiednio: 33,9, 29,3 oraz 25,8%. Na uwagę zasługuje fakt, iż wszystkie trzy markery związane były z niższą zawartością glukozynolanów. Marker OPW 09 ~2500 był związany także ze wszystkimi pozostałymi cechami roślin w typie rzepaku.

PODSUMOWANIE

Analiza molekularna podzieliła samosiewy roślin rzepako- i rzepikopodobnych na dwie grupy, w pełni potwierdzając prawidłowość podziału badanych roślin na podstawie względnej zawartości DNA jądrowego i skorygowała podział roślin na podstawie budowy morfologicznej (1 roślina nieprawidłowo sklasyfikowana).

Stwierdzono istotny związek określonych grup markerów RAPD z budową morfologiczną, składem chemicznym nasion i ploidalnością roślin. Wyodrębniono 21 markerów RAPD występujących wyłącznie w roślinach rzepikopodobnych o podwyższonej zawartości kwasu erukowego oraz 59 markerów związanych wyłącznie z niską zawartością kwasu erukowego, charakterystycznych dla roślin w typie rzepaku.

Markery molekularne wykazujące istotny związek z cechami fenotypowymi i poziomem ploidalności mogą okazać się przydatne w diagnozowaniu samosiewów coraz

liczniej występujących na plantacjach rzepaku. Ponadto markery związane z określonymi cechami mogą zostać wykorzystane do mapowania genów determinujących te cechy.

LITERATURA

- Aleksandrak Ł., Broda Z. 2004. Badanie polimorfizmu „rzepakochwastów” za pomocą markerów RAPD. *Rośliny Oleiste – Oilseed Crops XXV* (1): 61 — 66.
- Babula D., Kaczmarek M., Barakat A., Delseny M., Quiros C.F., Sadowski J. 2003. Chromosomal mapping of *Brassica oleracea* based on ESTs from *Arabidopsis thaliana*: complexity of the comparative map. *Mol. Genet. Genomics* 268: 656 — 665.
- Barret P., Delourme R., Foisset N., Renard M. 1998. Development of a SCAR (sequence characterised amplified region) marker for molecular tagging of the dwarf BREIZH (Bzh) gene in *Brassica napus* L. *Theor. Appl. Genet.* 97: 828 — 833.
- Becker J., Engqvist G.M., Karlsson B. 1995. Comparison of rapeseed cultivars and resynthesized line based on allozyme and RFLP markers. *Theor. Appl. Genet.* 91: 62 — 67.
- Delourme R., Foisset N., Horvais R., Barret P., Champagne G., Cheung W.Y., Landry B.S., Renard M. 1998. Characterisation of the radish introgression carrying the Rfo restorer gene for the Ogu-INRA cytoplasmic male sterility in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Theor. Appl. Genet.* 97: 129 — 134.
- Delourme R., Pilet-Nayel M.L., Archipiano M., Horvais R., Tanguy X., Rouxel T., Brun H., Renard M., Balesdent M.H. 2004. A cluster of major specific resistance genes to *Leptosphaeria maculans* in *Brassica napus*. *Phytopathology* 94: 578 — 583.
- Doyle J. J., Doyle J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13 — 15.
- Ecke W., Uzunova M., Weißleder K. 1995. Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). II. Localization of genes controlling erucic acid synthesis and seed oil content. *Theor. Appl. Genet.* 91: 972 — 977.
- Foisset N., Delourme R., Barret P., Renard M. 1995. Molecular tagging of the dwarf BREIZH (Bzh) gene in *Brassica napus*. *Theor. Appl. Genet.* 91: 756 — 761.
- Foisset N., Delourme R., Barret P., Hubert N., Landry B.S., Renard M. 1996. Molecular-mapping analysis in *Brassica napus* using isozyme, RAPD and RFLP markers on a doubled-haploid progeny. *Theor. Appl. Genet.* 93: 1017 — 1025.
- Friedt W., Stoll C., Raclau M., Zarhloul M.K., Lühs W. 2007. Molecular breeding of oilseed rape (*Brassica napus*) with modified oil quality for nutritional and non-food purposes. *Proceedings 12th International Rapeseed Congress*, 26-30 March 2007, Wuhan, China, vol. II: 237 — 240.
- Genstat 5 Committee 1993. *Genstat 5 Release 3 Reference Manual*. Clarendon Press, Oxford.
- Hasan M., Seyis F., Badani A.G., Pons-Kühnemann J. 2006. Analysis of genetic diversity in the *Brassica napus* L. gene pool using SSR markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53 (4): 793 — 802.
- Hastie T. J., Tibshirani R. J. 1990. *Generalized additive models*. Chapman and Hall, London.
- Jain A., Bhatia S., Banga S.S., Prakash S., Lakshmikumaran M. 1994. Potential use of random amplified polymorphic DNA (RAPD) technique to study the genetic diversity in Indian mustard (*Brassica juncea*) and its relationship to heterosis. *Theor. Appl. Genet.* 88: 116 — 122.
- Javidfar F., Ripley V.L., Roslinsky V., Zeinali H., Abdmishani C. 2006. Identification of molecular markers associated with oleic and linolenic acid in spring oilseed rape (*Brassica napus*). *Plant Breeding* 125: 65 — 71.
- Kole C., Thormann C.E., Karlsson B. H., Palta J. P., Gaffney P., Yandell B., Osborn T. C. 2002. Comparative mapping of loci controlling winter survival and related traits in oilseed *Brassica rapa* and *B. napus*. *Mol. Breeding* 9: 201 — 210.
- Liersch A., Popławska W., Ogródowczyk M., Bartkowiak-Broda I., Bocianowski J. 2008. Charakterystyka fenotypowa samosiewów rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) występujących w północnych regionach Polski. *Biuletyn IHAR*, w druku.
- Liu R., Qian W., Meng J. 2002. Association of RFLP markers and biomass heterosis in trigonomic hybrids of oilseed rape (*Brassica napus* × *B. campestris*). *Theor. Appl. Genet.* 105: 1050 — 1057.

- Lombard V., Delourme R. 2001. A consensus linkage map for rapeseed (*Brassica napus* L.): construction and integration of three individual maps from DH populations. *Theor. Appl. Genet.* 103: 491 — 507.
- Lu G., Cao J., Yu X., Xiang X., Chen H. 2008. Mapping QTLs for root morphological traits in *Brassica rapa* L. based on AFLP and RAPD markers. *J. Appl. Genet.* 49(1): 23 — 31.
- Mailer R. J., Scarth R., Fristensky B. 1994. Discrimination among cultivars of rapeseed (*Brassica napus* L.) using DNA polymorphisms amplified from arbitrary primers. *Theor. Appl. Genet.* 87: 697 — 704.
- Mikolajczyk K., Dabert M., Karlowski W., Spasibionek S., Cegielska-Taras K., Bartkowiak-Broda I. 2007. Development of allele-specific SNP markers for the new low-linolenic mutant of winter oilseed rape. *Proceedings 12th International Rapeseed Congress*, 26–30 March 2007, Wuhan, China, vol. II: 282 — 284.
- Nei M., Li W. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 76: 5269 — 5273.
- Pilet M., Duplan L.G., Archipiano H., Barret P., Baron C., Horvais R., Tanguy X., Lucas M.O., Renard M., Delourme R. 2001. Stability of QTL for field resistance to blackleg across two genetic backgrounds in oilseed rape. *Crop. Sci.* 41: 197 — 205.
- Rahman M., McVetty P. B. E., Li G. 2007. Inheritance of seed coat color genes of *Brassica napus* (L.) and tagging the genes using SRAP molecular markers. *Proceedings 12th International Rapeseed Congress*, 26–30 March 2007, Wuhan, China, vol. II: 310 — 313.
- Santos dos 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.
- Snowdon R. J., Friedt W. 2004. Molecular markers in Brassica oilseed breeding: current status and future possibilities. *Plant Breeding* 123: 1 — 8.
- Sommers D. J., Rakow G., Prabhu V. K., Friesen K. R. D. 2001. Identification of a major gene and RAPD markers for yellow seed coat colour in *Brassica napus*. *Genome* 44: 1077 — 1082.
- Song K.M., Suzuki J.Y., Slocum M.K., Williams P.H., Osborn T.C. 1991. A linkage map of *Brassica rapa* (syn. *campestris*) based on restriction fragment length polymorphisms. *Theor. Appl. Genet.* 82: 296 — 304.
- Uzunova M., Ecke W., Wießleder K. and Röbbelen G. 1995. Mapping the genome of rapeseed (*Brassica napus* L.). I. Construction of an RFLP linkage map and localization of QTLs for seed glucosinolate content. *Theor. Appl. Genet.* 90: 194 — 204.
- Williams J. G. K., Kubelik A. R., Livak K. J., Rafalski J. A., Tingey S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.* 18: 6531 — 6535.
- Wu X., Zhang D., Chen B., Lu G., Liu F. 2007. SSR and AFLP fingerprinting of 89 newly bred winter rapeseed cultivars in China. *Proceedings 12th International Rapeseed Congress*, 26–30 March 2007, Wuhan, China, vol. II: 330 — 332.
- Yu C. Y., Hu S. W., Zhao H. X., Guo A. G., Sun G. L. 2005. Genetic distance revealed by morphological characters, isozymes, proteins and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Theor. Appl. Genet.* 110: 511 — 518.
- Yu F., Lydiate D. J., Hahn K., Kuzmich S., Hammond Ch., Rimmer S. R. 2007. Identification and mapping of a novel blackleg resistance locus LepR4 in the progenies from *Brassica napus* × *Brassica rapa* subsp. *sylvestris*. *Proceedings 12th International Rapeseed Congress*, 26–30 March 2007, Wuhan, China, vol. II: 317 — 32.

LESZEK DOMAŃSKI**EWA ZIMNOCH-GUZOWSKA**

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów

Ocena półrodzeństw i zróżnicowanie rodów ziemniaka pod względem masy kielków formowanej w trakcie sezonu przechowalniczego

Half-sib progeny evaluation and variability of potato breeding lines in respect to the mass of sprouts developed during storage season

Celem tych badań było: (1) scharakteryzowanie zmienności wśród puli rodów ziemniaka pod względem masy kielków formowanej w trakcie sezonu przechowalniczego, (2) określenie czy występuje zróżnicowanie wśród półrodzeństw w populacji hodowlanej IHAR O/Młochów, selekcjonowanej na jakość przetwórczą. Materiał badawczy obejmujący 81 genotypów (72 nowe rody i 9 odmian wzorcowych) oceniono w dwóch powtórzeniach, w układzie całkowicie losowym. Masę kielków oznaczano na czterokilogramowych próbkach bulw, o kalibrze handlowym po czterech miesiącach przechowywania w 5–6°C i wilgotności względnej 75%. Stwierdzono istotne zróżnicowanie zarówno wśród rodów, jak i odmian. Łączna analiza wariancji wykazała, że interakcja genotypy $\times$ lata była istotna. Siedemdziesiąt cztery procent z 72 ocenianych rodów oraz odmiany Baszta i Syrena zostały sklasyfikowane jako formy z małą skłonnością do porastania i jednocześnie stabilne pod względem tej cechy. Jedenaście rodów i sześć odmian zostało sklasyfikowane za pomocą statystyki Shukli (σ^2) jako niestabilne. Wartość współczynnika genetycznego uwarunkowania masy kielków po czteromiesięcznym przechowywaniu bulw w 5–6°C kształtowała się na średnim poziomie ($h^2 = 0,54$). Najniższą masę kielków wśród ośmiu analizowanych półrodzeństw charakteryzowało się półrodzeństwo odmiany Albatros.

Słowa kluczowe: genetyczne uwarunkowanie, masa kielków, rody ziemniaka

The objectives of this research were: (1) to characterize the variation of the pool of potato breeding lines in respect to the mass of sprouts developed during storage season, (2) to determine if variation for the above mentioned trait exists among half-sib progenies in breeding population selected for processing quality. The experimental material consisted of eighty-one genotypes (72 breeding lines and 9 control cultivars) that were tested in two replications in a completely random design. Mass of sprouts on four-kilogram samples of marketable tubers was recorded after four months of storage at 5–6°C and 75% RH. Significant differences were detected both within breeding lines and among cultivars. The combined analysis of variance indicated significant genotype $\times$ year interaction. Seventy-four percent of the 72 tested breeding lines as well as the cultivars Baszta and Syrena were classified as having a low tendency to sprout during storage and they were found stable for this trait. Eleven breeding lines and six cultivars were rated using Shukla's statistic as unstable. Broad-sense heritability for the mass

of sprouts after 4 months of tubers storage at 5–6° was found to be intermediate ($h^2 = 0.54$). Among eight half-sib progenies analyzed, the Albatros half-sib progeny had the lowest mass of sprouts.

Key words: heritability, mass of sprouts, potato breeding lines

WSTĘP

Masę kielków formowaną po długotrwałym (≥ 4 miesiące) okresie przechowywania bulw ziemniaka w temperaturze 5–6°C można traktować jako pośredni wskaźnik zarówno długości bezwzględnego okresu spoczynku bulw, jak i następującej po nim fazy względnego spoczynku, zwanej w przechowalnictwie uśpieniem. Zgodnie z ustaleniami przyjętymi przez Sekcję Fizjologiczną EAPR (European Association for Potato Research) (Reust, 1986) za koniec okresu spoczynku przyjmuje się moment, w którym 80% bulw z badanej próby, umieszczonej w warunkach optymalnych dla procesu kiełkowania (temperatura 18–20°C, ciemność, wilgotność względna powietrza ok. 90%) wytworzy kielki o długości 2 mm. We wstępnym badaniu (Domański, 2005) stwierdzono istotną, jakkolwiek niezbyt ścisłą współzależność ($r_s = -0,56^{**}$) między długością spoczynku bulw określaną według metodyki ustalonej przez Sekcję Fizjologiczną EAPR a masą kielków formowaną po czterech miesiącach przechowywania bulw w temperaturze 5–6°C.

Oznaczanie masy kielków po długotrwałym przechowywaniu bulw w temperaturze 5–6°C jest wygodnym testem (nieniszczącym bulw) do oceny młodych materiałów hodowlanych. Rody intensywnie kiełkujące w trakcie przechowywania, a sklasyfikowane jako średnio wczesne bądź średnio późne, są uważane za mało przydatne do uprawy w strefie klimatu umiarkowanego i są eliminowane już we wczesnej fazie cyklu hodowlanego. Informacja o masie kielków jest pomocna także przy określaniu optymalnej temperatury przechowywania sadzeniaków nowych odmian ziemniaków (Sowa-Niedziałkowska, 2004).

Celem podjętych badań było:

- (1) scharakteryzowanie zmienności wśród puli rodów ziemniaka pod względem masy kielków formowanej w trakcie sezonu przechowalniczego,
- (2) określenie czy występuje zróżnicowanie wśród półrodzeństw w puli hodowlanej IHAR O/Młochów, selekcjonowanej na jakość przetwórczą.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiło 81 genotypów, w skład których wchodziło 72 nowe rody oraz 9 odmian wzorcowych. Rody pochodziły z krzyżowań między formami rodzicielskimi charakteryzującymi się wysoką jakością przetwórczą, przy czym co najmniej jeden z partnerów w tych krzyżówkach dodatkowo wносił odporność na wirus Y ziemniaka i mątwika. Włączone do badań odmiany wzorcowe były zróżnicowane pod względem okresu spoczynku bulw oraz reprezentowały różne kierunki użytkowe ziemniaka (jadalny, przetwórczy, skrobiowy). W obydwu sezonach wegetacyjnych, z których pochodziły bulwy stanowiące materiał doświadczalny, występowały okresy wysokich temperatur (>

25°C) oraz niedobór opadów. W 2005 roku wysokie temperatury odnotowano w I i II dekadzie lipca oraz w II dekadzie sierpnia, natomiast w 2006 roku przypadały one na I i II dekadę czerwca oraz cały miesiąc lipiec.

Na początku sezonów przechowalniczych 2005/2006 i 2006/2007 w połowie października z badanych genotypów zostały pobrane czterokilogramowe próbki bulw w dwóch powtórzeniach. Doświadczenie założono w układzie całkowicie losowym. Po czterech miesiącach przechowywania próbek bulw w temperaturze 5–6°C i wilgotności względnej 75% oznaczono masę kielków.

Statystyczne opracowanie wyników obejmowało:

- (1) analizę wariancji według dwukierunkowej klasyfikacji (efekty środowiskowe i interakcyjne traktowano jako losowe, natomiast efekty genotypowe jako stałe),
- (2) oszacowanie udziału każdego genotypu w interakcji genotypowo-środowiskowej za pomocą wariancji stabilności — σ_i^2 (Shukla, 1972),
- (3) oszacowanie współczynnika odziedziczalności w szerokim sensie w oparciu o wyznaczone uprzednio komponenty wariancyjne,
- (4) test kontrastów Scheffego, który zastosowano do porównań półrodzeństw. Analizę statystyczną otrzymanych wyników wykonano przy użyciu programu MSTAT-C (Michigan University, 1991) oraz arkusza kalkulacyjnego Excel.

WYNIKI I DYSKUSJA

Łączna analiza wariancji (tab. 1) wykazała istotność wpływu lat na masę kielków formowaną w trakcie czteromiesięcznego przechowywania bulw. Dalsza analiza wariancji wykazała, że zarówno zróżnicowanie genotypów, jak i interakcje genotypy $\times$ lata były wysoce istotne.

Tabela 1

Średnie kwadraty dla źródeł zmienności w łącznej analizie wariancji cechy (masa kielków po czterech miesiącach przechowywania nowych rodów ziemniaka w 5–6°C)
Mean squares in the combined analysis of variance for trait (mass of sprouts after four-month storage of tubers of potato breeding lines at 5–6°C)

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square
Genotypy — Genotypes	80	149,176**
Lata — Years	1	316,642*
Genotypy $\times$ lata — Genotypes $\times$ years	80	68,250**
Błąd — Error	162	2,965
Odziedziczalność w szerokim sensie $h^2 = 0,54$		
The broad-sense heritability		

*, ** — Istotne odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$

*, ** — Significant at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Podobną zmienność wyników w odniesieniu do długości okresu spoczynku bulw odnotowały Rykaczewska (1998) i Zarzyńska (1999). Obserwacje zgromadzone z doświadczeń polowych wykazują, że gorące i suche lato przyczynia się do skrócenia okresu spoczynku bulw, a chłodne i wilgotne do jego wydłużenia (Krijthe, 1962; Burton, 1963; Susnoshi, 1981).

Tabela 2

Średnia masa kielków po czterech miesiącach przechowywania bulw w 5–6°C oraz wariancja stabilności Shukli (S_i^2) tej cechy w rodach i odmianach ziemniaka ocenianych w sezonach przechowalniczych 2005/2006 i 2006/2007

Mean mass of sprouts after four-month storage of tubers at 5–6°C and Shukla's stability variance (S_i^2) of this trait for breeding lines and potato cultivars tested during storage seasons 2005/2006 and 2006/2007

Lp. No.	Ród / odmiana Breeding line / cultivar	Masa kielków (g / 4-kg próbka bulw) Mass of sprouts (g / 4-kg sample of tubers)	S_i^2	Lp. No.	Ród / odmiana Breeding line / cultivar	Masa kielków (g / 4-kg próbka bulw) Mass of sprouts (g / 4-kg sample of tubers)	S_i^2
1.	M-29	0,00	A ^{1/}				
2.	M-2	0,00	A	42.	M-116	2,63	A
3.	M-202	0,05	A	43.	M-313	2,88	A
4.	M-90	0,08	A	44.	M-168	3,03	A
5.	M-188	0,10	A	45.	M-128	3,08	A
6.	M-113	0,10	A	46.	M-135	3,70	A
7.	M-242	0,20	A	47.	M-166	3,93	A
8.	M-76	0,20	A	48.	M-98	3,98	A
9.	M-316	0,23	A	49.	M-105	4,25	A
10.	M-146	0,23	A	50.	M-20	4,30	A
11.	M-203	0,25	A	51.	M-114	4,60	A
12.	M-252	0,25	A	52.	M-182	4,83	A
13.	M-224	0,25	A	53.	M-340	4,85	A
14.	M-102	0,28	A	54.	Snowden	4,85	A
15.	M-172	0,30	A	55.	M-400	4,88	A
16.	M-277	0,30	A	56.	M-214	4,95	A
17.	M-99	0,30	A	57.	L. Claire	5,35	A
18.	M-134	0,35	A	58.	Glada	5,58	A
19.	M-398	0,38	A	59.	M-330	5,78	A
20.	M-264	0,40	A	60.	M-108	6,00	A
21.	Baszta	0,40	A	61.	M-444	7,03	AB
22.	M-189	0,53	A	62.	M-315	7,18	AB
23.	M-104	0,63	A	63.	M-206	7,20	AB
24.	M-241	0,65	A	64.	M-442	7,20	AB
25.	M-103	0,75	A	65.	M-117	7,75	AB
26.	M-25	0,75	A	66.	M-212	7,93	AB
27.	M-174	0,75	A	67.	M-270	8,58	AB
28.	M-240	0,78	A	68.	M-432	8,65	AB
29.	M-127	0,80	A	69.	M-427	8,90	AB
30.	M-215	0,85	A	70.	M-170	8,98	AB
31.	M-344	0,95	A	71.	Saturna	9,53	AB
32.	M-37	0,98	A	72.	M-169	10,38	AB
33.	M-130	0,98	A	73.	M-112	11,38	AB
34.	M-415	0,98	A	74.	M-157	11,53	AB
35.	M-403	1,03	A	75.	M-204	12,18	AB
36.	M-199	1,35	A	76.	M-423	12,63	AB
37.	M-107	1,60	A	77.	M-243	15,43	AB
38.	Syrena	1,68	A	78.	Gracja	17,75	AB
39.	M-402	2,03	A	79.	M-96	22,83	AB
40.	M-324	2,38	A	80.	Felka	25,20	AB
41.	M-151	2,38	A	81.	Hinga	34,25	B

^{1/}Grupy jednorodne wg wielokrotnego testu Tukeya – Homogenous groups acc. to Tukey's test

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$ ** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

* Significant at $\alpha = 0.05$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Wartość współczynnika genetycznego uwarunkowania masy kielków po cztero-miesięcznym przechowywaniu bulw w 5-6°C kształtowała się na średnim poziomie ($h^2 = 0,54$), a więc wpływ warunków środowiskowych, które oddziaływały na ekspresję analizowanej cechy był dość duży.

Grupę genotypów o stabilnej reakcji na warunki środowiskowe i jednocześnie o małej skłonności do porastania stanowiło 53 rody, to jest 73,6% ogółu badanych rodów oraz odmiany Baszta i Syrena (tab. 2). Istotność wariancji stabilności (S_i^2) stwierdzono dla 11 rodów i 6 odmian (Felka, Gracja, Saturna, Lady Claire, Głada i Snowden), co świadczy o ich niestabilnej reakcji na warunki środowiskowe (stres wysokich temperatur), występujące w latach trwania eksperymentu. Rykaczewska (2004) prowadząc doświadczenie w klimatyzowanych komorach wegetacyjnych wykazała, że trzytygodniowy stres wysokiej temperatury (30–32°C) i suszy oddziałujący na rośliny ziemniaka w potuberyzacyjnym okresie wegetacji może wywoływać efekt skrócenia okresu spoczynku bulw, dochodzący do 40 dni. Autorka ta wykazała, że znaczenie stresu termicznego jest większe niż stresu suszy, a reakcja odmian zróżnicowana.

Wśród pięciu ocenianych form ojcowskich wyróżniono za pomocą kontrastów Scheffego dwa półrodzeństwa istotnie różniące się między sobą (tab. 3).

Tabela 3

Średnie masa kielków formowana podczas sezonu przechowalniczego w ośmiu półrodzeństwach
Mean mass of sprouts developed during storage season in the eight half-sib progenies

Półrodzeństwo Half-sib	Formy rodzicielskie wewnątrz danego półrodzeństwa Parental forms within half-sib progeny	Liczba rodów Number of breeding lines	Masa kielków (g / 4-kg próbka bulw) Mass of sprouts (g / 4-kg sample of tubers)		Grupy jednorodne wg testu Scheffego Homogenous groups acc. to Scheffe's test
			zakres – range	średnia – mean	
Formy ojcowskie: Paternal forms:					
Albatros	M-62820, M-62826, M-62830	12	0,00 – 4,83	1,64	A
PS-1742	M-62820, PS-1753, Snowden	10	0,20 – 15,43	3,34	AB
Jupiter	M-62820, M-62826	14	0,00 – 11,38	3,87	AB
DG.93-332	M-62775, Snowden	14	0,25 – 12,63	4,84	AB
Courage	M-62820, M-62826	13	0,08 – 22,83	5,80	B
Formy mateczne: Maternal forms:					
Snowden	M-62775, PS-1742, DG.93-332	12	0,20 – 15,43	3,38	
M-62820	Albatros, Courage, Felka, Jupiter, Panda, PS-1742, R-16	27	0,00 – 22,83	3,49	
M-62826	Albatros, Courage, Felka, Jupiter	11	0,00 – 11,53	4,15	

Rody w obrębie półrodzeństwa odmiany Albatros charakteryzowały się najniższą średnią masą kielków, natomiast rody stanowiące półrodzeństwo odmiany Courage wykazywały średnio najwyższą masę kielków. Pozostałe trzy półrodzeństwa stanowiły grupę pośrednią między półrodzeństwami wyżej wspomnianymi. Półrodzeństwa po formach matecznych nie były istotnie zróżnicowane. Próbne wartościowanie form rodzicielskich metodą oceny półrodzeństw okazało się przydatne do zidentyfikowania wyróżniającej się formy rodzicielskiej, jaką okazała się odmiana Albatros. Metodę tę z pozytywnym

wynikiem wykorzystano wcześniej w programach hodowli ziemniaka o podwyższonej odporności na zarazę ziemniaka (Bisognin i in., 2002; Haynes i Christ, 2006).

WNIOSKI

1. Badane rody i odmiany ziemniaka wykazały istotne zróżnicowanie pod względem masy kielków formowanej w trakcie przechowywania. Małą skłonnością do porastania i stabilną reakcją na warunki środowiskowe wyróżniło się 74% ogółu badanych rodów oraz odmiany Baszta i Syrena.
2. Wartość współczynnika genetycznego uwarunkowania masy kielków po cztero-miesięcznym przechowywaniu bulw w 5–6°C kształtowała się na średnim poziomie ($h^2 = 0,54$). Tak więc ocena materiałów hodowlanych pod względem tej cechy musi być rozciągnięta zarówno na początkową, jak i środkową fazę cyklu hodowlanego.
3. Najniższą masę kielków wśród ośmiu analizowanych półrodzeństw charakteryzowało się półrodzeństwo odmiany Albatros.

LITERATURA

- Bisognin D. A., Douches D. S., Jastrzębski K., Kirk W. W. 2002. Half-sib progeny evaluation and selection of potatoes resistant to the US8 genotype of *Phytophthora infestans* from crosses between resistant and susceptible parents. *Euphytica* 125: 129 — 138.
- Burton W. G. 1963. Concepts and mechanism of dormancy. In: The growth of the potato. J. D. Ivins, F.L. Milthorpe (eds). Butterworths, London: 17 — 41.
- Domański L. 2005. Tworzenie materiałów wyjściowych dla hodowli ziemniaka przydatnego do przetwórstwa spożywczego. Sprawozdanie o stanie realizacji tematu 4-3-001-01, IHAR Oddział Młochów 2005 r.: 1 — 19.
- Haynes K. G., Christ B. J. 2006. Recurrent maternal half-sib selection improves resistance to foliar late blight in a diploid hybrid *Solanum phureja*-*Solanum stenotomum* population. *Amer. J. of Potato Res.* 83:181 — 188.
- Krijthe N. 1962. Observation on the sprouting of seed potatoes. *European Potato J.* 5: 316 — 333.
- Michigan University. 1991. User's guide to MSTAT-C. A software program for the design, management and analysis of agronomic research experiments. Michigan State University, USA.
- Reust W. 1986. Physiological age of the potato. EAPR working group. *Potato Research* 29: 268 — 271.
- Rykaczewska K. 1998. Zmienność okresu spoczynku bulw ziemniaka w zależności od warunków pogody w okresie wegetacji. *Zesz. Prob. Post. Nauk Roln.* 463: 269 — 280.
- Rykaczewska K. 2004. Wpływ wysokiej temperatury w okresie wegetacji na plon ziemniaka (*Solanum tuberosum*), okres spoczynku bulw i wartość plonotwórczą sadzeniaków. Część II. Długość okresu spoczynku bulw. *Zesz. Prob. Post. Nauk Roln.* 496: 199 — 206.
- Shukla G.K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 29: 237 — 245.
- Sowa-Niedziałkowska G. 2004. Wskaźniki procesów życiowych zachodzących w sadzeniakach ziemniaka podczas długotrwałego przechowywania. Część I. Okres uśpienia i intensywność wzrostu kielków. *Biul. IHAR* 233: 219 — 236.
- Susnoschi M. 1981. Seed potato quality as influenced by high temperatures during the growth period. 2. Sprouting pattern in several cultivars in response to storage temperature. *Potato Research* 24: 381 — 388.
- Zarzyńska K. 1999. Wartości wskaźników charakteryzujących stan fizjologiczny bulw i rozwój rośliny ziemniaka. Część I. Okres spoczynku bulw. *Biul. IHAR* 209: 111 — 123.

PAWEŁ NOWACZYK**MARTA ORLIŃSKA**

Katedra Genetyki i Hodowli Roślin

Uniwersytet Technologiczno-Przyrodniczy w Bydgoszczy

Zmienność i współzależność wybranych cech kilku odmian karczocha (*Cynara scolymus* L.)

Variability and correlations between some traits of globe artichoke cultivars (*Cynara scolymus* L.)

Karczoch (*Cynara scolymus* L.) to gatunek pochodzenia śródziemnomorskiego, dotychczas mało znany w Polsce, głównie ze względu na niewystarczającą odporność na niskie temperatury. Obecnie istnieje wiele nowych odmian karczocha przystosowanych do uprawy w różnych strefach klimatycznych. Stwarza to większe szanse upowszechnienia tego warzywa w Polsce. Celem pracy było określenie wczesności odmian oraz masy pąków i ich zmienności, a także poznanie współzależności pomiędzy wczesnością i cechami pokroju roślin karczocha. Materiał do badań stanowiły dwie odmiany ustalone (A-106 i A-109 Morada) oraz cztery odmiany mieszańcowe (Concerto F₁, Harmony F₁, Madrigal F₁ i Opal F₁). Doświadczenie przeprowadzono w warunkach polowych w latach 2005–2007 w miejscowości Lucim (północno-zachodnia część Województwa Kujawsko-Pomorskiego). Badano następujące cechy: termin pojawienia się pąka kwiatostanowego w rozecie, wysokość pędu kwiatostanowego do szczytu pąka głównego, długość liści rozety po zbiorze pąka głównego oraz masę pąków: głównych, pachwinowych, I-, II- i III-rzędu. Zbiór pierwszych pąków kwiatostanowych najwcześniej przeprowadzano u odmiany A-109 Morada (średnio po 64 dniach od wysadzenia roślin na miejsce stałe), a najpóźniej u odmiany Concerto F₁ (średnio po 86 dniach). Najwyższą średnią masę pąków wszystkich kategorii na kwiatostanie charakteryzowała się odmiana Concerto F₁ (od 224,8 g pąk główny do 40,2 g pąk III-rzędowy), a najniższą A-109 Morada (od 143,4 g do 28,5 g). Pąki główne wszystkich odmian wykazały najmniejszą zmienność — od 13,2% (odmiana A-109 Morada) do 21,7% (odmiana Harmony F₁), największą z kolei pąki III-rzędowe — od 17,9% (odmiana Concerto F₁) do 42,9% (odmiana Madrigal F₁). Istotne wartości korelacji obserwowano pomiędzy liczbą dni od wysadzenia roślin do pojawienia się pąka kwiatostanowego w rozecie i wysokością pędu kwiatostanowego oraz pomiędzy długością liści i wysokością pędu kwiatostanowego, lecz wyniki te nie powtarzały się we wszystkich latach doświadczenia. Wszystkie badane odmiany karczocha wykazały zadawalające wyniki w uprawie polowej. Pąki główne i większość pąków I-rzędowych przekraczały masę 100 g, która decyduje o dobrej jakości surowca przeznaczonego na rynek świeżych warzyw oraz do przetwórstwa.

Słowa kluczowe: korelacja, pąk kwiatostanowy, wczesność odmian, współczynnik zmienności

Globe artichoke (*Cynara scolymus* L.) is a species native to the Mediterranean basin and up to now not widely known in Poland because of insufficient low temperatures resistance. At present many new cultivars adapted to different climate conditions are accessible. It brings a better chance for this species diffusion in Poland. The aim of the study was to estimate the earliness of some cultivars, weight of buds and its variability, and to analyze a correlation between earliness and shape of plants. The analyzed material consisted of two Spanish cultivars selected by Agriset (A-106 and A-109 Morada) and four hybrid cultivars bred by Nunhems (Concerto F₁, Harmony F₁, Madrigal F₁ and Opal F₁). The experiment was conducted in field conditions in the years 2005–2007, in Lucim (north-west part of Poland). The following traits were evaluated: number of days from planting to appearance of bud in rosette, main inflorescence stem height, leaves length after main bud harvest and weight of main, first, second, third and auxiliary buds. The earliest first buds harvest was typical for A-109 Morada (about 64 days after planting) and the latest for Concerto F₁ (about after 86 days). The highest weight of whole buds at inflorescence stem was noted for Concerto F₁ (from 224.8 g for main bud to 40.2 g for third bud) and the lowest for A-109 Morada (from 143.4 g to 28.5 g, respectively). The lowest variability coefficient showed mass of the main buds from 13.2% (A-109 Morada) to 21.7% (Harmony F₁) and the highest variability — mass of third buds — from 17.9% (Concerto F₁) to 42.9% (Madrigal F₁). Significant correlation was observed between number of days from planting to appearance of bud in rosette and stem inflorescence height as well as between leaves length and stem inflorescence height. Although, these correlations were not constant during the three years of the experiment. All the tested cultivars showed acceptable results in field cultivation. The main buds and most of first buds exceeded 100 g, which is a suitable result for fresh market and for processing.

Key words: correlation, cultivar earliness, inflorescence bud, variability coefficient

WSTĘP

Karczoch (*Cynara scolymus* L.) jest byliną z rodziny Astrowatych (*Asteraceae*), pochodzącą z wysp i wybrzeża Morza Śródziemnego. Gatunek ten posiada wiele cennych i specyficznych właściwości, które sprawiają, że uprawia się go ze względu na różne przeznaczenie. Główne znaczenie tej rośliny wynika z niepowtarzalnych walorów smakowych i nutraceutycznych młodych pąków kwiatostanowych, stanowiących warzywo chętnie spożywane w krajach śródziemnomorskich (Lattanzio i in., 1981; Granado i in., 1996).

W Polsce rośliny z rodzaju *Cynara* pojawiły się po raz pierwszy w XVII wieku, lecz ich uprawa nie upowszechniła się, głównie ze względu na niewystarczającą odporność na niskie temperatury. Charakterystyczna dla tego gatunku jest duża zmienność w potomstwie, powodująca rozszczepienie i uwstecznienie głównych cech jakościowych pąków (Eliia i Miccolis, 1996; Mallica i in., 2003; Mallica i in., 2004). Wynika stąd tradycyjny, w krajach śródziemnomorskich, wegetatywny sposób pozyskiwania sadzonek z wybranych roślin do zakładania plantacji. Trudno tę metodę wykorzystać w Polsce, z uwagi na konieczność posiadania dodatkowych pomieszczeń do przechowywania karp przez okres zimowy. Obecnie istnieje już wiele nowych odmian karczocha, w tym mieszańcowych, przeznaczonych do uprawy z nasion w różnych strefach klimatycznych. Stwarza to większe szanse upowszechnienia uprawy tego gatunku w Polsce.

Wyniki badań Jonesa i Rosa (1928), Harwooda i Markariana (1968), Mauromicalea i wsp. (2000) oraz Grote i wsp. (2001) dowodzą, że w klimacie umiarkowanym, w warunkach niższych temperatur przy utrzymywanej wysokiej wilgotności, uzyskuje się

plon pąków karczocha o wysokiej wartości konsumpcyjnej. Wyniki doświadczeń prowadzonych w Polsce w latach 2002–2003 (Sałata, 2004) wykazały łatwość uprawy karczocha w warunkach klimatycznych regionu puławskiego. Stwierdzono również możliwość otrzymywania zadawalającego plonu o wielkości porównywalnej z rezultatami uzyskiwanymi w innych krajach, leżących poza regionem pochodzenia tego gatunku (Sałata, 2005). Można sądzić, że w naszym kraju zasadnicze znaczenie dla opłacalności uprawy karczocha na cele warzywne ma wybór odpowiedniej odmiany.

Celem podjętych badań było dokonanie oceny zmienności cech botaniczno-użytkowych wybranych odmian karczocha, kształtujących się w warunkach północnego regionu centralnej Polski.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły dwie ustalone odmiany hiszpańskiego pochodzenia (A-106 i A-109 Morada) oraz cztery odmiany mieszańcowe z firmy holenderskiej (Concerto F₁, Harmony F₁, Madrigal F₁ i Opal F₁). Badania polowe przeprowadzono w latach 2005–2007, w miejscowości Lucim, leżącej w północno-wschodniej części Województwa Kujawsko-Pomorskiego. Doświadczenie jednoczynnikowe prowadzono metodą klasyfikacji pojedynczej. Z przyczyn losowych liczba ocenianych roślin była różna dla każdej z odmian (przeciętnie 15).

Plantację doświadczalną zakładano z rozsady, przygotowanej w warunkach szklarniowych. Wysiewu nasion dokonywano w trzeciej dekadzie marca. Od 1 maja prowadzono hartowanie roślin, podczas którego wykonywano jednorazowe zasilanie dogłębne 0,1 % roztworem nawozu mineralnego Kristalon 15:5:30:3. Rozsadę wysadzano na miejsce stałe pod koniec drugiej dekady maja. Plantację założono na stanowisku po pszenicy ozimej o glebie gliniastej z podłożem piaszczystym klasy III a. Jesienią roku 2004 i 2006 zastosowano obornik (60 t/ha). Przed sadzeniem rozsady wykonano nawożenie mineralne w ilości 800 kg/ha Polifoski 5-16-24. Stosowano nawadnianie kropelkowe, standardowe zabiegi pielęgnacyjne i ochronne oraz trzykrotne nawożenie pogłównie saletrą amonową w dawkach po 500 kg/ha. Rośliny uprawiano w rozstawie 1,0 × 1,5 m. Zbioru pąków dokonywano co 10 dni, od połowy lipca do czasu występowania przymrozków jesiennych. Przebieg temperatur w sezonie wegetacji karczocha w latach 2005–2006 przedstawiono na rysunku 1.

Obserwacjom i pomiarom podlegały następujące cechy: termin pojawienia się pąka kwiatostanowego w rozecie, wysokość pędu kwiatostanowego do szczytu pąka głównego, długość liści rozety po zbiorze pąka głównego oraz masa pąków: głównych, pachwinowych, I-, II- i III-rzędu. Obliczono współczynnik zmienności masy pąków głównych, pachwinowych i poszczególnych rzędów. Oceniono korelację pomiędzy terminem pojawienia się pąka kwiatostanowego, wysokością pędu kwiatostanowego oraz długością liści. Analizę istotności różnic masy pąków w latach wykonano testem Tukeya dla różnej liczby zmiennych i poziomu istotności $\alpha = 0,05$.

WYNIKI I DYSKUSJA

Podczas trzyletnich badań najwcześniej obserwowano pojawianie się pąka kwiatostanowego w rozecie u odmiany A-109 Morada, średnio po 51 dniach od wysadzenia roślin na miejsce stałe (tab. 1).

Tabela 1

Sumy temperatur i opadów dla wybranych fenofaz dwóch odmian karczocha w latach 2005–2007
Sums of temperature and rainfall for some phenophases of two globe artichoke cultivars in 2005–2007

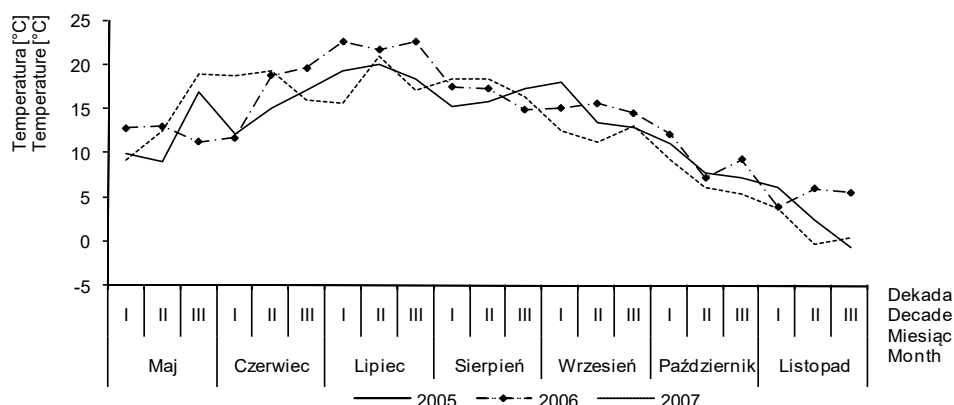
Odmiana Cultivar	Fenofaza Phenophase	2005				2006				2007			
		Data Date	L.d	S.t. (°C)	S.o. (mm)	Data Date	L.d.	S.t. (°C)	So (mm)	Data Date	L.d.	S.t. (°C)	S.o. (mm)
A-109 Morada	Sadzenie – pojawienie się pąka w rozecie	18.05.	–	–	–	20.05.	–	–	–	19.05.	–	–	–
	Planting – appearance of bud in rosette	12.07.	55	890	55	08.07.	49	811	47	07.07.	49	877	168
	Pojawienie pąka w rozecie – początek zbiorów	12.07.	–	–	–	08.07.	–	–	–	07.07.	–	–	–
	Appearance of bud in rosette – beginning of harvest	24.07.	12	236	15	20.07.	12	263	11	22.07.	15	293	30
Concerto F ₁	Sadzenie – pojawienie się pąka w rozecie	18.05.	–	–	–	20.05.	–	–	–	19.05.	–	–	–
	Planting – appearance of bud in rosette	28.07.	71	1004	82	04.08.	76	1395	90	18.07.	60	1062	191
	Pojawienie pąka w rozecie – początek zbiorów	28.07.	–	–	–	04.08.	–	–	–	18.07.	–	–	–
	Appearance of bud in rosette – beginning of harvest	13.08.	16	257	37	19.08.	15	262	75	06.08.	19	337	40

S.t. — Suma temperatur; Temperature sum

S.o. — Suma opadów; Rainfall

L.d. — Liczba dni; Days

Najpóźniej w fazę generatywną wchodziła odmiana Concerto F₁ (średnio 69 dni). W zakresie wartości odpowiadających tym dwóm odmianom, pąki pojawiały się u pozostałych badanych odmian. Wysokie temperatury powietrza w lipcu 2006 roku (rys. 1) spowodowały wcześniejsze osiągnięcie dojrzałości zbiorczej pąków odmiany A-109 Morada oraz opóźnione w stosunku do pozostałych lat ukazywanie się pąka kwiatostanowego w rozecie u odmiany Concerto F₁. Przeprowadzenie pierwszego zbioru u skrajnych pod względem wczesności odmian było możliwe średnio po 64 oraz 86 dniach od wysadzenia roślin na miejsce stałe. Warunkiem, niezbędnym do wejścia w fazę generatywną roślin karczocha, jest odebranie bodźca jarowizacyjnego (Harwood i Markarian, 1968). W Polsce przebieg pogody w ostatniej dekadzie maja najczęściej spełnia ten wymóg. Potwierdzają to doświadczenia Sałaty (2005) oraz wyniki niniejszych badań. Termin zbioru pierwszych pąków jest porównywalny również z wynikami osiąganymi dla wczesnych odmian karczocha w warunkach naturalnej jarowizacji (69–75 dni) (Rangarajan i in., 2000).



Rys. 1. Średnie dekadowe temperatury powietrza w sezonie wegetacyjnym 2005–2007 według danych Stacji Meteorologicznej w Mocheleku

Fig. 1. Decade mean air temperatures in the 2005–2007 growing seasons at Mochelek Meteorological Station

W tabeli 2 przedstawiono masę pąków głównych, I-, II-, III-rzędowych i pachwinowych oraz współczynnik zmienności masy i najniższą istotną różnicę między masą pąków danej kategorii w poszczególnych latach badań dla odmian. Odmiany mieszańcowe wykształcały pąki główne i I-rzędowe o średnio wyższej masie od odmian ustalonych. W zakresie masy pąków głównych, I- i II-rzędowych we wszystkich latach badań najwyższe wartości uzyskano u odmian Concerto F₁ i Opal F₁. Najniższą masą pąków wszystkich kategorii charakteryzowała się natomiast najwcześniejsza odmiana A-109 Morada. Badania López i wsp. (1998) wskazują na taką właśnie korelację cech, to znaczy późne dojrzewanie roślin związane jest w sposób istotny z wysokim plonem i dobrą jakością pąków. Miguel i wsp. (2004) donoszą natomiast o wyższej produktywności odmian mieszańcowych w porównaniu z wczesnymi odmianami ustalonymi, które uprawia się z nasion, jak A-106 czy Lorco.

Średnia masa pąków głównych uzyskana w roku 2006 oraz w 2007, różniła się istotnie u poszczególnych odmian mieszańcowych. Pąki główne odmiany Harmony F₁ miały istotnie różną masę również w roku 2005. Jedynie u tej odmiany masa pąków I-rzędowych w roku 2006 i 2007 także ujawniła istotność różnicy. Pąki II-, III-rzędowe i pachwinowe we wszystkich latach badań u wszystkich odmian nie różniły się istotnie pod względem masy. Najniższą średnią masą charakteryzowały się pąki III-rzędowe wszystkich odmian, wykazując jednocześnie najwyższy współczynnik zmienności w przypadku odmiany A-106, A-109 Morada i Madrigal F₁. Obliczone wartości współczynnika zmienności były przeciętnie najniższe w roku 2007 a najwyższe w roku 2006, co potwierdza zasadnicze znaczenie warunków pogodowych dla rozwoju pąków. Średnie dekadowe temperatury powietrza w miesiącach od lipca do listopada w roku 2006 były średnio o 2,5°C wyższe niż w roku 2007. Zaistniała różnica temperatur wydaje się być przyczyną wykształcania

przez wszystkie odmiany w roku 2006 pąków o mniejszej masie i większej zmienności tej cechy. Dawne już doniesienia Jonesa i Rosa (1928) oraz Harwooda i Markariana (1968) wskazują na korzystny wpływ niższych temperatur i większej wilgotności powietrza na powolny rozwój pąków, osiąganie większych rozmiarów i lepszą jakość konsumpcyjną. Natomiast w wysokich temperaturach, suszy, silnym nasłonecznieniu i długim dniu rozwój następuje szybko, krótko trwa okres dojrzałości użytkowej, a pąki mają mniejszą wartość handlową. Mauromicale i Raccuia (2000) otrzymali pąki karczocha o najlepszej jakości w temperaturach powietrza w zakresie od 8,2 do 20,0°C.

Tabela 2

Zmienność masy pąków kwiatostanowych u odmian karczocha w latach 2005–2007
Variability of inflorescence buds weight of globe artichoke cultivars in 2005–2007

Lata Years	Odmiana Cultivar											
	A-106		A-109 Morada		Concerto F ₁		Harmony F ₁		Madrigal F ₁		Opal F ₁	
	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV
Pąk główny — Main bud												
2005	177,8	17,2	142,9	13,5	228,9	17,4	207,5	8,3	200,7	16,5	229,1	13,4
2006	173,2	18,3	139,8	14,6	210,8	17,7	160,9	16,4	165,6	18,7	207,5	17,1
2007	199,6	13,9	147,2	12,4	276,2	17,8	257,7	7,7	213,0	15,7	253,3	12,6
Średnia Mean	182,2	x	143,4	x	244,8	x	196,1	x	182,8	x	230,9	x
V% ogółem	x	17,0	x	13,2	x	20,9	x	21,7	x	19,5	x	15,9
CV total												
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	37,7	x	22,1	x	47,8	x	28,3	x	37,0	x	40,5	x
Pąk I-rzędowy — First bud												
2005	107,5	13,4	90,2	21,3	127,5	27,2	109,6	17,4	115,3	13,9	123,8	16,3
2006	100,8	21,1	87,1	22,8	124,3	33,1	96,1	18,0	105,3	18,3	124,7	21,4
2007	115,1	17,1	93,1	21,7	135,5	31,2	126,4	17,2	117,6	15,7	137,9	17,1
Średnia Mean	109,0	x	90,3	x	129,8	x	115,7	x	112,5	x	131,3	x
V% ogółem	x	19,0	x	21,7	x	29,9	x	20,1	x	16,4	x	18,1
CV total												
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	21,1	x	17,0	x	37,6	x	29,4	x	16,5	x	24,9	x
Pąk II-rzędowy — Second bud												
2005	57,1	22,2	50,4	36,6	93,9	32,6	48,8	24,8	84,8	23,6	98,1	29,1
2006	59,6	37,7	49,9	35,8	70,6	38,0	48,9	47,7	71,7	36,5	89,1	22,6
2007	65,7	21,5	56,9	30,9	110,4	31,6	58,7	25,4	97,1	11,8	97,2	22,3
Średnia Mean	60,8	x	53,5	x	87,7	x	52,1	x	82,4	x	94,7	x
V% ogółem	x	27,1	x	33,2	x	38,6	x	32,3	x	27,8	x	24,0
CV total												
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	22,5	x	17,7	x	41,3	x	29,5	x	27,7	x	26,3	x

c. d. Tabela 2

Lata Years	A-106		A-109 Morada		Concerto F ₁		Harmony F ₁		Madrigal F ₁		Opal F ₁	
	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV	$\bar{x}$ [g]	V% CV
Pak III-rzędowy — Third bud												
2005	37,2	32,8	28,5	39,9	38,4	14,2	28,3	16,7	31,5	38,4	37,2	21,5
2006	29,9	40,7	27,3	51,3	34,1	16,2	22,2	24,9	23,8	48,8	30,8	42,1
2007	53,6	21,4	30,4	39,8	43,7	16,8	31,9	16,6	42,0	32,5	41,5	18,6
Średnia Mean	38,1	x	28,5	x	40,2	x	27,8	x	33,4	x	36,5	x
V% ogółem CV total	x	37,9	x	42,3	x	17,9	x	22,9	x	42,9	x	28,6
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	20,5	x	18,3	x	11,5	x	8,5	x	18,8	x	12,5	x
Pak pachwinowy — Auxiliary bud												
2005	47,2	30,5	55,6	25,4	58,0	18,5	60,3	31,0	45,0	14,5	48,7	36,7
2006	53,4	37,7	45,7	36,9	58,0	19,2	48,4	46,6	59,3	21,7	41,5	56,2
2007	52,7	23,3	62,5	21,2	65,1	18,5	71,3	39,5	30,1	41,0	51,3	37,8
Średnia Mean	50,7	x	55,1	x	61,8	x	60,0	x	43,9	x	48,0	x
V% ogółem CV total	x	29,5	x	28,1	x	18,8	x	39,6	x	36,9	x	41,1
NIR _{0,05} LSD _{0,05}	20,3	x	20,2	x	18,0	x	39,7	x	18,1	x	22,1	x

Paki główne badanych odmian charakteryzowały się najwyższym wyrównaniem masy we wszystkich latach badań. Współczynnik zmienności masy paków odmiany Opal F₁ przyjmował coraz wyższe wartości w kolejnych kategoriach paków na kwiatostanie w porządku podanym w tabeli 2. Średnia zmienność masy paków odmian A-106, A-109 Morada i Madrigal F₁ rosła tylko do paków III-rzędowych, natomiast większe od nich paki pachwinowe były bardziej wyrównane. W przypadku odmian Concerto F₁ i Harmony F₁ największą zmienność osiągały paki II-rzędowe. Największe spośród badanych odmian paki III-rzędowe i pachwinowe odmiany Concerto F₁, o średniej masie odpowiednio 40,2 g i 61,8 g, charakteryzowały się zmiennością (17,6% i 18,8%) niższą nawet od jej paków głównych (20,9%). Według Mauromicale i wsp. (2000) masa i kształt oraz zmiany morfologiczne decydujące o jakości konsumpcyjnej zależą od czynników klimatyczno-glebowych i terminu zbioru paków kwiatostanowych.

Powszechne w krajach śródziemnomorskich wymogi świeżego rynku warzyw i przetwórstwa określają dwie dobre klasy jakościowe karczocha — paki do 200 g oraz od 100 do 200 g (Calabrese i in., 2005). Większość paków głównych odmiany Concerto F₁ i Opal F₁ zbierano w pierwszej z wymienionych klas. Zakres kolejnej klasy spełniały paki główne pozostałych odmian oraz paki I-rzędowe poza odmianą A-109 Morada.

Analiza korelacji wczesności pojawiania się paka w rozecie, długości liści oraz wysokości pędu kwiatostanowego nie wykazała stałego związku tych cech w czasie trzyletnich badań (tab. 3).

Tabela 3

Współczynnik korelacji między wybranymi cechami odmian karczocha
Correlation coefficients between some traits of globe artichoke cultivars

Lata Years	Cechy Traits	Odmiana Cultivar											
		A-106		A-109 Morada		Concerto F ₁		Harmony F ₁		Madrigal F ₁		Opal F ₁	
		A	B	A	B	A	B	A	B	A	B	A	B
2005	C	0,33	0,71*	0,19	0,07	0,27	0,64*	0,79*	0,74	0,08	0,53*	0,13	0,60*
	B	0,48		0,50		0,46*		0,84*		0,57*		0,30	
2006	C	0,79*	0,44	0,46*	0,78*	0,83*	0,27	0,65	0,80*	0,83*	0,65*	0,75*	0,67*
	B	0,12		0,22		0,09		0,52		0,63*		0,60*	
2007	C	0,01	0,52	0,17	0,30	0,04	0,35	-0,91*	0,63	-0,55*	0,06	-0,51	-0,42
	B	-0,21		0,31		-0,04		-0,24		-0,27		0,66	

A — Liczba dni od wysadzenia roślin do pojawienia się pąka w rozecie; Number of days from planting to appearance of bud in rosette

B — Długość liści; Leaves length

C — Wysokość pędu kwiatostanowego; Inflorescence stem height

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

Późniejsze pojawienie się pąka kwiatostanowego w rozecie może wiązać się z dłuższymi liśćmi i wyższym pędem kwiatostanowym, jak też dłuższe liście mogą towarzyszyć wytwarzaniu wyższego pędu kwiatostanowego, lecz nie we wszystkich latach uprawy. W przypadku odmiany Harmony F₁ w roku 2005 i odmiany Madrigal F₁ w 2006 występowała istotna dodatnia korelacja liczby dni od wysadzenia roślin do pojawienia się pąka w rozecie z wysokością pędu kwiatostanowego, natomiast w roku 2007 powstała istotna odwrotna zależność tych cech. Dodatnia w latach 2005 i 2006 korelacja wczesności i długości liści odmian A-106, Concerto F₁, Harmony F₁ i Madrigal F₁ w roku 2007 również przyjęła wartość ujemną, choć nieistotną. W okresie badań rok 2007 był najbardziej korzystny pod względem warunków pogodowych dla uprawy karczocha, co z uwagi na uzyskane wyniki analizy korelacji skłania do kontynuacji doświadczeń.

WNIOSKI

1. Niskie temperatury powietrza w trzeciej dekadzie maja lat 2005–2007 zapewniały odebranie przez wszystkie odmiany bodźca jarowizacyjnego i wczesne rozpoczęcie okresu plonowania.
2. Pąki główne badanych odmian charakteryzowały się najwyższym wyrównaniem masy we wszystkich latach badań. Najniższą średnią masą charakteryzowały się pąki III-rzędowe, wykazując jednocześnie najwyższy współczynnik zmienności w przypadku odmian A-106, A-109 Morada i Madrigal F₁.
3. Analiza korelacji wczesności pojawiania się pąka w rozecie, długości liści oraz wysokości pędu kwiatostanowego nie wykazała stałego ich związku w latach doświadczeń.

LITERATURA

Calabrese N., De Palma E., Bianco V. V. 2005. Yield and quality of seed propagated artichoke hybrid cultivars grown for four years. *Acta Hort.* 681: 135 — 141.

- Eliia A., Miccolis V. 1996. Relationships among 104 artichoke (*Cynara scolymus* L.) accessions using cluster analysis. HortSci 10/3: 158 — 162.
- Granado F., Olmedilla B., Blanco I., Rojas Hidalgo E. 1996. Major fruit and vegetable contributors to the main serum carotenoides in the Spanish diet. European Journal of Clinical Nutrition 50(4): 246 — 250.
- Grote D., Walter E., Schmidt R. 2001. Anbau von Artischocken in Norddeutschland. Gemüse 37/6: 10 — 12.
- Harwood R. R., Markarian D. 1968. Annual culture of globe artichoke (*Cynara scolymus* L.). HortSci. 92: 400 — 409.
- Jones H. A., Rosa J. T. 1928. Truck crop plants. McGraw-Hill, New York: 124 — 132.
- Lattenzio V. D., Lafiandra D., Morone-Fortunato I. 1981. Composizione chimica e valore nutritivo del carciofo (*Cynara scolymus* L.). Extrait du III Congrès International sur l'Artichaut, Industria Grafica Laterza, Bari, Italie: 117 — 125.
- López A. F. S., Firpo I. T., García S. M., Cointy E. L. 1998. Estimation of genetic parameters for yield traits in globe artichoke (*Cynara scolymus* L.). Euphytica 103: 61 — 66.
- Mallica G. M., Baghino L., Cadinu M., Pisanu A.B. 2003. Caratteristiche produttive di cloni di spinoso sardo. Informatore Agrario 59/22: 53 — 55.
- Mallica G. M., Baghino L., Pisanu A. B. 2004. Nuove indicazioni per il carciofo: cloni, propagazione e trapianto. Informatore Agrario 60/21:49 — 52.
- Mauromicale G., Raccuia S.A., 2000. Influence of maturation time on some head characteristics of globe artichoke (*Cynara scolymus* L.). Acta Hortic. 533: 483 — 488.
- Mauromicale G., Raccuia S. A., Cavallaro V. 2000. Head characteristics of globe artichoke (*Cynara scolymus* L.) as related to growth stage. Acta Hortic. 533: 557 — 575.
- Miguel A., Baixauli C., Aguilar J. M., Giner A., Maroto J. V., López S., Pascual B. 2004. Cultivar trials of seed propagated artichoke. Acta Hortic. 660:111 — 116.
- Rangarajan A., Ingall B. A., Zeppelin V. C. 2000. Vernalization strategies to enhance production of annual globe artichoke. HortTechnology 10: 585 — 588.
- Salata A. 2004. Wpływ wieku rozsady na plonowanie karczocha (*Cynara scolymus* L.). Folia Univ. Agric. Stein., Agricultura 239(95): 367 — 370.
- Salata A. 2005. Ocena cech morfologicznych roślin dwóch odmian karczocha (*Cynara scolymus* L.), w: Monografie: Zmienność genetyczna i jej wykorzystanie w hodowli roślin ogrodnich. Praca zbiorowa pod red. B. Michalik i E. Żurawicza, PTNO, Skierniewice: 195 — 200.

HALINA GÓRAL¹**MACIEJ EJSMOND**^{1, 2}¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie^{1, 2} Instytut Nauk o Środowisku, Uniwersytet Jagielloński w Krakowie

Analiza zdolności kombinacyjnych i odziedziczalność cech plonotwórczych lnu oleistego (*Linum usitatissimum* L.)

Combining ability analysis and heritability of yield components in linseed (*Linum usitatissimum* L.)

Oceniono wariancję ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej, genetyczne i środowiskowe składniki zmienności fenotypowej oraz współczynniki odziedziczalności cech plonotwórczych u lnu oleistego na podstawie mieszańców F₂ otrzymanych z krzyżowań w pełnym układzie diallelicznym kilku zróżnicowanych geograficznie odmian. Wykazano istotne zróżnicowanie GCA odmian pod względem wszystkich badanych cech, SCA dla wysokości roślin i masy 1000 nasion oraz efektów krzyżowań odwrotnych w przypadku liczby torebek z rośliny oraz masy 1000 nasion. Współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie ocenione z analizy wariancji i regresji potomstwa względem średniej rodziców były wysokie dla wysokości roślin i mniejsze dla liczby nasion z torebki, masy 1000 nasion i plonu nasion z poletka. Zmienność liczby torebek i masy nasion z rośliny wynikała głównie ze zmienności środowiskowej. Cechy te nie były odziedziczalne. Współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie miały podobne wartości jak współczynniki w wąskim sensie, co oznacza, że genetyczna zmienność badanych cech warunkowana jest głównie addytywnym działaniem genów i rokuje postęp selekcyjny we wczesnych pokoleniach mieszańcowych.

Słowa kluczowe: cechy plonotwórcze, len oleisty, odziedziczalność, zdolność kombinacyjna

Variance of general (GCA) and specific (SCA) combining ability, genetic and environmental components of phenotypic variation and heritability coefficients of yield components in linseed were estimated using F₂ hybrids obtained from diallelic crosses of several geographically diverse cultivars. The GCA of varieties differed significantly for all the analyzed traits, the SCA — for plant height and 1000 seeds weight, and the reciprocal effects — for the number of capsules per plant and 1000 seed weight. The heritability coefficients in narrow sense, computed from the analysis of variance and regression of progenies to parental means, were large for plant height and smaller for the number of seeds per capsule, 1000 seeds weight and seed yield per plot. The variation in the number of capsules per plant and in seed yield per plant was mainly affected by the environment, and these traits were not heritable. The coefficients of heritability in broad sense were similar to those in narrow sense, which means that genetic variation of these traits is mainly affected by the additive gene effects. This indicates that selection in early hybrid generations may be successful.

Key words: combining ability, heritability, linseed, yield components

WSTĘP

Len oleisty jest gatunkiem samopylnym. Większość odmian otrzymuje się w wyniku krzyżowania w obrębie puli genowej tego gatunku. Postęp hodowlany w zakresie plonowania zależy od doboru komplementarnych kombinacji genotypów do krzyżowania i sposobu dziedziczenia cech związanych z plonem. Większość tych cech to cechy ilościowe kontrolowane przez wiele genów. Określenie ich genetycznego uwarunkowania ułatwia wybór metody selekcji i informuje o terminie jej rozpoczęcia. Przewaga addytywnego działania genów nad nieaddytywnymi formami wskazuje, że selekcja we wczesnych pokoleniach będzie skuteczna, szansa znalezienia korzystnego homozygotycznego segreganta duża, a genetyczne utrwalenie najlepszych fenotypów wyselekcjonowanych we wczesnych pokoleniach dzięki samopłodności gatunku wysoce prawdopodobne.

Len jest jedną z najstarszych roślin uprawnych jednak ilość informacji na temat genetycznych podstaw zmienności cech plonotwórczych jest ograniczona. Ponadto, informacje te nie są jednoznaczne prawdopodobnie z powodu stosowania przez autorów różnych metod i różnych materiałów badawczych. Celem badań była analiza zdolności kombinacyjnych i ocena odziedziczalności plonu nasion i cech plonotwórczych na podstawie mieszańców F_2 otrzymanych z krzyżowań w pełnym układzie diallelicznym kilku zróżnicowanych geograficznie odmian lnu oleistego.

MATERIAŁ I METODY

Badania prowadzono w latach 2004–2006 w Stacji Doświadczalnej Prusy koło Krakowa. Wykorzystano 6 odmian lnu oleistego, zróżnicowanych pod względem pochodzenia i cech morfologicznych: 3 brązowonasienne odmiany, tj. polską Opal, węgierską Barbara i kanadyjską Flanders, kanadyjską odmianę LinolaTM 947 o niskiej zawartości kwasu linolenowego i jasnej barwie nasion, jasnonasienną węgierską odmianę Hungarian Gold o normalnej zawartości kwasu linolenowego i wysoki, biało kwitnący ekotyp z Chin (ekotyp CH). Odmiany skrzyżowano w pełnym układzie diallelicznym. Nasiona mieszańców F_1 otrzymano w wyniku ręcznych krzyżowań poprzedzonych kastracją, a nasiona mieszańców F_2 — w wyniku samozapylenia pojedynczych roślin F_1 . Mieszańce oraz formy rodzicielskie wysiano punktowo na poletkach 5-rzędowych, o długości rzędów 1 m, w rozstawie $30 \times 2,5$ cm. Doświadczenie założono metodą losowanych bloków w 3 powtórzeniach na glebie czarnoziem zdegradowany wytworzony z lessu. Przed zbiorem zmierzono wysokość roślin w trzech miejscach każdego poletka. Policzono wszystkie rośliny, których średnio było 160 na poletku i wszystkie torebki, które następnie wymłócono i oceniono liczbę torebek z rośliny oraz masę nasion z rośliny i plon z poletka. Masę 1000 nasion oceniono na podstawie 4 prób po 100 nasion, a liczbę nasion z torebki z przeliczenia liczby nasion i liczby torebek z rośliny.

Analizy wariancji ogólnej (GCA), swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej i efektów krzyżowań odwrotnych oraz oszacowania statystycznych komponentów wariancyjnych

wykonano według modelu I Griffinga, opisanego przez Ubysz-Borucką i wsp. (1985). Genetyczne i środowiskowe składowe wariancje fenotypowej oraz współczynniki odziedziczalności w wąskim (h^2_{ns}) i szerokim (h^2_{bs}) sensie oszacowano na podstawie wzorów podanych przez Mądrego (2000), przyjmując współczynnik wsobności rodziców $F = 1$. Błędy standardowe współczynników oceniono według Beckera (1985). Współczynnik odziedziczalności w wąskim sensie oszacowano także z regresji potomstwa względem średniej rodziców przyjmując, że współczynnik regresji $b = h^2_{ns}$.

Na podstawie wyników odrębnego doświadczenia porównano komponenty plonu nasion i masę nasion z rośliny u rodziców i mieszańców F_2 otrzymanych z krzyżowania odmian LinolaTM 947 i Barbara. Analizowano po 30 pojedynczych roślin odmian oraz 180 roślin pokolenia F_2 wysianych w siewie punktowym, w rozstawie 10×30 cm.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analizy wariancji wykazały istotne zróżnicowanie badanych odmian i GCA pod względem wszystkich cech z wyjątkiem masy nasion z rośliny, SCA w przypadku wysokości roślin i masy 1000 nasion oraz efektów krzyżowań odwrotnych w przypadku liczby torebek z rośliny i masy jednostkowej nasion (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz krzyżowań odwrotnych (RE) odmian lnu oleistego dla plonu nasion i cech plonotwórczych
Mean squares for general (GCA) and specific (SCA) combining abilities and for reciprocal crosses (RE) in linseed varieties, with respect to seed yield and yield components

Źródło Source	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares					
		wysokość roślin plant height (cm)	liczba torebek z rośliny number of capsules per plant	liczba nasion z torebki number of seeds per capsule	masa 1000 nasion 1000 seeds weight (g)	masa nasion z rośliny seed weight per plant (g)	plon nasion z poletka seed yield per plot (g)
Genotypy — Genotype	35	234,48**	74,11**	2,09**	3,41**	0,11	3078,54**
GCA	5	450,72**	32,00*	3,51**	5,34**	—	4369,81**
SCA	15	23,54**	19,92	0,21	0,36**	—	449,95
RE	15	8,36	27,04*	0,28	0,52**	—	487,60
Błąd — Error	70	5,81	11,48	0,22	0,02	0,02	414,42
Komponenty wariancji — Components of variance							
σ^2_{GCA}		35,64	1,01	0,27	0,42	0,00	326,74
σ^2_{SCA}		10,31	4,91	0,00	0,20	0,00	20,66
σ^2_{RE}		1,28	7,78	0,03	0,25	0,00	36,59
$\bar{x}_R$		82,9	46,6	7,5	7,26	2,45	377,50
$\bar{x}_{F2}$		89,7	43,8	7,6	7,22	2,34	388,60
Regresja — Regression	1	157,01**	11,90	5,80**	8,02**	0,00	5660,23**

$\bar{x}_R$ — Średnia rodziców; Mean for parents

$\bar{x}_{F2}$ — Średnia mieszańców F_2 ; Mean for F_2 hybrids

*, ** Istotne odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significant at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Nie wykazano istotnego zróżnicowania SCA badanych odmian pod względem liczby torebek z rośliny, liczby nasion z torebki i masy nasion z rośliny w przeciwieństwie do wcześniejszych badań, prowadzonych na mieszańcach F_1 (Góral i in., 2006). Otrzymane wyniki są zgodne z oczekiwaniami. W pokoleniu F_2 dominacja powinna być o połowę mniejsza niż w pokoleniu F_1 stąd zmienność SCA w pokoleniu F_2 powinna być mniejsza niż w pokoleniu F_1 . Podobne wyniki otrzymali Kurt i Evans (1998) stwierdzając brak istotnej zmienności SCA cech plonotwórczych lnu na podstawie mieszańców pokolenia F_2 i jej występowanie w przypadku analizy pokolenia F_1 .

Podobnie jak przy analizie ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej opartej na wartościach cech mieszańców F_1 (Góral i in., 2006) średni kwadrat GCA dla wszystkich cech był większy niż SCA wskazując na przewagę genetycznej zmienności addytywnej nad nieaddytywną. Podobne wyniki otrzymali Anand i Murty (1969), Patil i Chopde (1981) i Kurt i Evans (1998), badając genotypy zróżnicowane ekogeograficznie i genetycznie. Foster i wsp. (1998) podkreślają natomiast duży udział dominacji w dziedziczeniu wysokości roślin, liczby torebek i masy nasion oraz jej brak w przypadku masy 100 nasion. Bhateria i wsp. (2006) stwierdzili istotną rolę zarówno addytywnych jak i nieaddytywnych form działania genów w dziedziczeniu wielu cech plonotwórczych lnu oraz zawartości oleju w nasionach przy wyraźnej przewadze nieaddytywnego działania genów. Tyson (1989), badając genetyczne uwarunkowania masy jednostkowej nasion obserwował efekty krzyżowań odwrotnych na podstawie analizy pokolenia mieszańców F_1 , maskujące efekt dominacji, który uwidaczniał się w pokoleniu F_2 .

Współczynniki odziedziczalności w wąskim sensie oszacowane z analizy wariancji były większe dla wysokości roślin, liczby nasion z torebki oraz plonu nasion z poletka i mniejsze dla masy 1000 nasion w porównaniu z współczynnikami oszacowanymi z regresji mieszańców względem średniej rodziców (tab. 2).

Tabela 2

**Współczynniki odziedziczalności w wąskim (h^2_{ns} , b) i szerokim sensie (h^2_{bs})
Narrow (h^2_{ns} , b) and broad (h^2_{bs}) sense heritability coefficients**

Współczynniki odziedziczalności Heritability coefficients	Wysokość roślin Plant height	Liczba torebek z rośliny Number of capsules per plant	Liczba nasion z torebki Number of seeds per capsule	Masa 1000 nasion 1000 seeds weight	Plon nasion z poletka Seed yield per plot
h^2_{ns}	0,82±0,46	0,00±0,08	0,71±0,42	0,45±0,29	0,61±0,37
b	0,65±0,05	0,13±0,12	0,55±0,11	0,51±0,12	0,44±0,09
h^2_{bs}	0,93±0,52	0,00±0,03	0,71±0,42	0,60±0,35	0,61±0,37

Były wysokie dla wysokości roślin oraz mniejsze dla liczby nasion z torebki, masy 1000 nasion i plonu nasion z poletka. Współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie były większe od współczynników odziedziczalności w wąskim sensie tylko w przypadku wysokości roślin i masy 1000 nasion, odzwierciedlając udział dominacji w fenotypowej zmienności tych cech. Fenotypowa zmienność liczby torebek z rośliny i masy nasion z rośliny wynikała ze zmienności środowiskowej. Otrzymane współczynniki odziedziczalności są zgodne z wynikami badań innych autorów, którzy wykazali wysoką odziedziczalność takich cech jak wysokość roślin i wczesność oraz niską masę nasion

i liczby torebek z rośliny (Foster i in., 1998; Abo-Kaied i in., 2006; Adugna i Labuschagne, 2004). Bhateria i wsp. (2006) otrzymali niskie współczynniki odziedziczalności także dla wysokości roślin oraz wczesności, mierzonej liczbą dni do kwitnienia. Podobnie jak w niniejszej pracy Bhateria i wsp. (2006) otrzymali bardzo niską odziedziczalność liczby torebek i masy nasion z rośliny oraz liczby nasion z torebki. Odziedziczalność tej ostatniej cechy w przedstawianych badaniach była wysoka (tab. 2).

Odmiana LinolaTM 947, podobnie jak we wcześniejszych badaniach (Góral i in., 2006) wykazywała dodatnią istotną GCA dla liczby torebek z rośliny, liczby nasion z torebki i ujemną dla masy 1000 nasion, a odmiana Barbara dodatnią istotną GCA dla masy 1000 nasion (tab. 3).

Tabela 3

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej
The effects of general combining abilities

Odmiana Variety	Wysokość roślin Plant height (cm)	Liczba torebek z rośliny Number of capsules per plant	Liczba nasion z torebki Number of seeds per capsule	Masa 1000 nasion 1000 seeds weight (g)	Plon nasion z poletka Seed yield per plot (g)
Opal	-1,75**	-0,15	-0,17	0,18**	10,30
Barbara	-2,35**	-2,55**	-0,37**	0,72**	-8,60
Linola TM 947	2,20**	2,45**	0,68**	-0,70**	21,00**
Flanders	-5,20**	0,60	0,23	-0,31**	8,05
H. Gold	-4,35**	0,10	-0,77**	0,76**	2,65
Ekotyp CH	11,45**	-0,45	0,38**	-0,68**	-33,40**

*, ** Efekty istotnie różne od zera odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Effects differ significantly from zero at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Istotną dodatnią GCA dla wysokości roślin i liczby nasion z torebki charakteryzował się ekotyp CH, a odmiany Opal i Hungarian Gold wykazały dodatnią GCA dla masy 1000 nasion. Średnio pojedynki F₂ otrzymane z krzyżowania odmian LinolaTM 947 i Barbara charakteryzowały się pośrednimi wartościami cech w stosunku do rodziców (tab. 4). Kilkadziesiąt procent roślin pokolenia F₂ miało jednak większe wartości badanych cech (37,2% dla liczby torebek z rośliny, 72,2% dla masy 1000 nasion i 60,0% dla liczby nasion z torebki) w porównaniu do średniej rodziców (tab. 4). Prawie 17% roślin F₂ charakteryzowało się większymi wartościami wszystkich trzech komponentów plonu dając o 50% większą masę nasion z rośliny od średniej rodziców (13,23 g wobec 8,67 g). Uzupełniającą się dodatnią ogólną wartość kombinacyjną tych odmian pod względem głównych komponentów plonu nasion zaowocowała także średnio większym plonem z poletka u mieszańców tych odmian. Średni plon nasion z poletka odmian LinolaTM 947 i Barbara wynosił 385 g/m² wobec średniego plonu wszystkich badanych odmian wynoszącego 377,5 g/m², a średni plon mieszańców F₂ otrzymanych z krzyżowania tych odmian wynosił 428,3 g/m² w porównaniu do średniej dla wszystkich mieszańców wynoszącej 388,6 g/m². Odmiana LinolaTM 947 charakteryzowała się także, jako jedyna, istotną dodatnią GCA dla plonu nasion z poletka (tab. 3). Otrzymane wyniki świadczą o możliwości połączenia w jednym genotypie zdolności wiązania dużej liczby torebek i nasion w torebce o zwiększonej masie jednostkowej.

Tabela 4

Komponenty plonu oraz masa nasion z rośliny u rodziców (LinolaTM 947 i Barbara) oraz mieszańców F₂
Yield components and seed weight per plant in parents (LinolaTM 947 and Barbara) and F₂ hybrids

Pokolenie Generation	Liczba torebek z rośliny Number of capsules per plant	Liczba nasion z torebki Number of seeds per capsule	Masa 1000 nasion 1000 seed weight (g)	Masa nasion z rośliny Seed weight per plant (g)
Linola TM 947 (x., n=30)	191,2	8,50	5,68	9,14
Barbara (x., n=30)	130,8	7,85	8,43	8,20
F ₂ (x., n=180)	147,5	8,21	7,44	8,99
F ₂ > x. _R				
% F ₂	37,2	60,0	72,2	50,0
x. _{F2}	210,0	8,61	7,75	11,85

n — Liczba roślin; Number of plants

x. — Średnia; Mean

x._R — Średnia rodziców; Mean for parents

x._{F2} — Średnia mieszańców F₂; Mean for F₂ hybrids

Z przeprowadzonych badań wynika, że w dziedziczeniu plonu nasion i cech plonotwórczych w obrębie badanej puli odmian brały udział głównie addytywne formy działania genów. Dominacja i efekty maticzne odgrywały relatywnie mniejszą rolę. Standardowe schematy hodowli nowych odmian uwzględniające krzyżowanie i selekcję najlepszych homozygotycznych segregantów w rozszczepiających się pokoleniach (metoda rodowodowa, metoda pojedynczych nasion, technika podwojonych haploidów) powinny być efektywne. Selekcja we wczesnych pokoleniach powinna być skuteczna dla wysokości roślin, liczby nasion z torebki i masy 1000 nasion. Dość wysoka odziedziczalność w wąskim sensie dla plonu nasion z poletka sugeruje możliwość wczesnej wyceny plonu.

WNIOSKI

1. Wykazano istotne zróżnicowanie ogólnej zdolności kombinacyjnej badanych odmian lnu oleistego pod względem plonu nasion i cech plonotwórczych oraz swoistej zdolności kombinacyjnej i efektów krzyżowań odwrotnych w przypadku niektórych z nich. Badane cechy warunkowane są głównie addytywnym działaniem genów.
2. Największą odziedziczalnością charakteryzowała się wysokość roślin, średnią liczbą nasion z torebki, masą 1000 nasion i plon z poletka. Selekcja na te cechy we wczesnych pokoleniach mieszańcowych powinna być skuteczna.
3. Fenotypowa zmienność liczby torebek i masy nasion z rośliny kształtowana była głównie przez środowisko.
4. W pokoleniu F₂ z krzyżowania odmian LinolaTM 947 i Barbara zidentyfikowano kilkanaście procent wysokoplennych pojedynków o zwiększonej w stosunku do średniej rodziców liczbie torebek z rośliny, liczbie nasion z torebki i masie 1000 nasion.

LITERATURA

- Abo-Kaied H. M. H., Abd El-Dayem M. A., Zahana A. E. A. 2006. Variability and covariability of some agronomic and technological flax character. Egypt. J. Agric. Res. 84 (4): 1117 — 1118.
- Adugna W., Labuschagne M. T. 2004. Diversity analysis in Ethiopian and some exotic collections of linseed. South African Journal of Plant and Soil. 21 (1): 53 — 58.
- Anand I. J., Murty B. R. 1969. Serial analysis of combining ability in diallel and fractional diallel crosses in linseed. Theor. Appl. Genet. 39: 88 — 94.
- Becker W. A. 1985. Manual of quantitative genetics. 4th ed. Academic Enterprises. Pullman, Washington.
- Bhateria S., Sood S.P., Pathania A. 2006. Genetic analysis of quantitative traits across environments in linseed (*Linum usitatissimum* L.). Euphytica 150 (1–2): 185 — 194.
- Foster R., Pooni H. S., Mackay I. J. 1998. Quantitative analysis of *Linum usitatissimum* crosses for dual-purpose traits. J. Agron. Sci. 131: 285 — 292.
- Góral H., Jasiński M., Zając T. 2006. Zdolność kombinacyjna odmian lnu oleistego pod względem cech plonotwórczych. Biul. IHAR 240/241: 237 — 242.
- Kurt O., Evans G. M. 1998. Genetic basis of variation in linseed (*Linum usitatissimum* L.) cultivars. Tr. J. of Agriculture and Forestry 22: 373 — 379.
- Mądry W. 2000. Podstawy matematyczne genetyki populacji. W: Genetyka dla rolników. Fundacja Rozwój SGGW, Warszawa.
- Patil V. D., Chopde P. R. 1981. Combining ability analysis over environments in diallel crosses of linseed (*Linum usitatissimum*). Theor. Appl. Genet. 60: 339 — 343.
- Tyson H. 1989. Genetic control of seed weight in flax (*Linum usitatissimum*) and possible implications. Theor. Appl. Genet. 77: 260 — 270.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński S. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych. Wydawnictwo SGGW-AR, Warszawa.

WOJCIECH RYBIŃSKI¹**JAN BOCIANOWSKI²****KATARZYNA PANKIEWICZ¹**¹ Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Zróżnicowanie cech morfologicznych i plonotwórczych u indukowanych mutantów odmian lędzwanu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)

Variability of morphological and yield-contributing traits of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) mutants

Oprócz niewątpliwych zalet lędzwanu siewnego jak jego znaczna tolerancja na stresy abiotyczne, szereg niekorzystnych cech użytkowych limituje jego szerszy udział w krajowym rolnictwie. Stąd konieczne jest genetyczne ulepszenie tego gatunku a mutageneza może być wartościowym uzupełnieniem konwencjonalnych metod hodowlanych i zostać wykorzystana do tworzenia dodatkowej zmienności genetycznej. Materiał do badań stanowiły mutanty lędzwanu siewnego uzyskane z nasion z dwóch krajowych odmian Derek i Krab poddawanych działaniu chemomutagenów. W latach 2004–2006 w doświadczeniach polowych oceniano zmienność wybranych cech morfologicznych i plonotwórczych u dziewiętnastu mutantów pochodzących z odmiany Krab oraz dziewięciu z odmiany Derek. Wyniki opracowano wykorzystując wielocechową analizę statystyczną. Uzyskane wyniki wskazują na zróżnicowanie cech mutantów w porównaniu z ich formami wyjściowymi Krab i Derek, przy czym lata badań (z których dwa charakteryzowały się suszą w okresie wegetacji), istotnie wpływały na zakres analizowanej zmienności. Dla badanych lat łącznie największe wartości współczynnika zmienności uzyskano dla terminu kwitnienia, wysokości roślin, liczby strąków z rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny, a najniższe dla długości i szerokości strąka oraz liczby nasion w strąku. Wartości kontrastu w porównaniach odmian z ich mutantami łącznie dla poszczególnych cech były najczęściej dodatnie, wskazując na niższe wartości badanych cech u mutantów, aczkolwiek dla niektórych mutantów wartości cech struktury plonu były wyższe niż u ich formy wyjściowej, zwłaszcza w latach suchych 2005 i 2006. Na podstawie analizy zmiennych kanonicznych wyróżniono mutanty, które pod względem kompleksu badanych cech wykazywały najmniej podobieństwa w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi oraz w porównaniach mutantów między sobą. Mutanty te, zwłaszcza o szerszej reakcji na stres wodny stanowią mogą interesujący materiał wyjściowy do dalszych prac hodowlanych.

Słowa kluczowe: doświadczenia polowe, lędzwan siewny, mutanty, struktura plonowania, zmienność genetyczna cech

Apart from many advantageous features, such as high tolerance to abiotic stresses, grasspea is characterized by a few undesirable traits that limit its broader use in Polish agriculture. Genetic

improvement of this crop with mutation breeding can be a valuable supplement to conventional plant breeding methods to create additional genetic variability that may be utilized by plant breeders. The present studies deal with grasspea mutants obtained from seeds of two Polish cultivars Derek and Krab treated with different doses of chemomutagens. Nineteen mutants derived from the cultivar Krab and nine mutants from the cultivar Derek were studied in a field trial conducted in 2004-2006 at the Experiment Station of Polish Academy of Sciences in Cerekwica. The variability of morphological and yield-contributing traits of the mutants and the initial cultivars were estimated for each year, and the results obtained were analyzed with multivariate statistics. The results indicate that the mutants' traits differed from their initial cultivars. In 2005 and 2006 drought occurred, which might have influenced the results. Among the traits studied for three years the highest coefficient of variation was observed for time to flowering, plant height, pod number per plant, seed number per plant, seed weight per plant; the lowest for pod length and width and seed number per pod. The values of the contrasts for the comparisons of the cultivars with their mutants for particular traits were generally positive. This indicates that for three years studied together, the cultivars had higher values of the corresponding traits than their mutants. In spite of this negative trend, a few mutants exceeded their initial cultivars for yield-contributing traits, which was particularly visible in both dry years 2005 and 2006. Canonical variety analysis was a useful statistical tool for clear identification of multivariate genetic variation of grasspea mutants. The analyses performed allowed to distinguish these mutants that highly differed from their initial cultivars and the other mutants. Such mutants, particularly those with a broad reaction to water stress, could constitute an interesting initial material for further breeding

Key words: field trials, genetic variation, grasspea, mutants, yield-contributing traits

WSTĘP

Rodzaj *Lathyrus* jest bardzo liczny i obejmuje 187 gatunków i podgatunków rozprzestrzenionych na terenie zarówno Starego, jak i Nowego Świata (Allkin i in., 1983). Pośród nich dla celów żywieniowych w formie nasion najbardziej powszechny jest lędwian siewny (*Lathyrus sativus* L.). Inne gatunki jak *L. cicera*, *L. clymenum* i *L. ochrus* wykorzystuje się zarówno do produkcji nasion jak i na zielonkę (siano). Pozostałe, bardziej znane gatunki jak: *L. tingitanus*, *L. latifolius* i *L. sylvestris*, użytkowane są wyłącznie do produkcji pasz w formie zielonki. Dla celów ozdobnych, również w kraju, uprawia się groszek pachnący — *L. odoratus*. Ogółem w warunkach klimatycznych Polski występuje 15 gatunków (Dziamba, 1997), a znaczenie gospodarcze mają tylko dwa z nich: lędwian afrykański (*Lathyrus tingitanus* L.), a zwłaszcza lędwian siewny (*Lathyrus sativus* L.).

Problem niedoboru pasz białkowych w Polsce dotyczy zarówno ich ilości, jak i jakości. Podstawowymi paszami w tym względzie są nasiona roślin strączkowych, śruty postrakcyjne oraz były nimi dotąd odpadowe produkty pochodzenia zwierzęcego. W związku z chorobą BSE, z dniem 1 listopada 2003 obowiązuje w kraju zakaz produkcji i wykorzystywania w żywieniu zwierząt mączek mięsno-kostnych, które dotąd stanowiły 6–8% pasz. W żywieniu drobiu pasze te zostały zastąpione przez zboża i śrutę sojową, a w efekcie końcowym obserwuje się wzrost ceny pasz. Zwierzęta rosną na nich wolniej i zużywają większą jej ilość, aby osiągnąć wymaganą masę ciała. Efekt eliminacji wysokowartościowych pasz pochodzenia zwierzęcego oraz kontrowersje wokół genetycznie modyfikowanej soi (GMO) mogą jeszcze pogłębić istniejący deficyt białka w żywieniu zwierząt, wskazując jednocześnie na rolę rodzimych źródeł białka z roślin strączkowych. Oprócz tradycyjnych roślin strączkowych (groch, bobik, łubin) paletę tych gatunków w

żywieniu ludzi i zwierząt może uzupełnić wysokobiałkowy lędwian siewny (30% białka i powyżej), który, mimo że jest uprawiany lokalnie od dziesiątków lat na terenie Podlasia, w krajowym rolnictwie ma niesłusznie marginalne znaczenie (Milczak i in., 2001). W ostatnich latach dzięki pracom hodowlanym i wzrostowi zainteresowania uprawą lędzwianu zarejestrowano dwie krajowe odmiany uprawne — Derek i Krab.

W Polsce mamy przewagę gleb lżejszych i piaszczystych, stanowiących 60% wszystkich gruntów ornych. Na glebach tych tradycyjnie uprawia się żyto, ziemniaki, czasem seradelę, łubin żółty czy owies, a nie wysokobiałkowe rośliny strączkowe takie jak: groch czy bobik, wymagające znacznie lepszych stanowisk (Dziamba, 1997). Lędwian siewny ma małe wymagania siedliskowe i dlatego może być alternatywny dla wyżej wymienionych roślin. Lędwian siewny z powodzeniem można uprawiać na glebach lekkich IV, V, a nawet VI klasy przy plonach sięgających 35 dt/ha na lepszych glebach (Grela i Skórnicki, 1997; Cichy i Rybiński, 2007). Możliwość ta wynika między innymi z odporności tej rośliny na suszę, a wg danych literaturowych można ją uprawiać nawet przy 380 mm opadów. Takich właściwości nie ma żadna z krajowych roślin uprawnych. Jest to szczególnie istotne z uwagi na globalne zmiany klimatyczne, a zwłaszcza cykliczne okresy suszy obserwowane w ostatnich latach. Odporności na suszę sprzyja silnie rozwinięty, głęboki system korzeniowy (Campbell i in., 1994), który dodatkowo uruchamia substancje pokarmowe i transportuje je z niższych warstw gleby, przy równoczesnej poprawie jej pojemności wodnej. Nie bez znaczenia jest również wysoka zawartość białka (Rybiński i Starzycki, 2004), często wyższa niż u grochu, bobiku i wyki (Hanbury i in., 2000). Ponadto z uwagi na wiązanie azotu z atmosfery lędwian stanowi cenny element płodozmianu. Ze względu na znaczną odporność lędzwianu na stresy abiotyczne (np. choroby, atak szkodników i suszę) lędwian siewny został uznany za modelową roślinę dla zrównoważonego rolnictwa (Vaz Patto i in., 2006). Elementem niepożądanym jest obecność w nasionach antyżywniowej substancji neurotoksycznej — β -ODAP, aczkolwiek uzyskano już odmiany o śladowej zawartości tego składnika (Siddique i in., 1996; Tiwari i Campbell, 1996; Hanbury i in., 2000; Vaz Patto i in., 2006; Rybiński i Grela, 2007).

Mimo pozytywnych dokonań hodowlanych i niezaprzeczalnych walorów paszowych tej rośliny jej znaczenie w praktyce rolniczej jest nadal marginalne. Jedną z przyczyn tego stanu rzeczy jest nie tylko brak wyczerpujących informacji o zaletach uprawy tej rośliny, ale również fakt, że wymaga ona poprawienia szeregu cech, które mogą limitować szersze wprowadzenie lędzwianu do krajowego rolnictwa. Stąd potrzeba poszerzenia istniejącej puli zmienności genetycznej cech, co warunkuje możliwość wyboru najbardziej pożądaných genotypów. Uzyskać to można między innymi poprzez indukowanie mutacji (Rybiński, 2003; Rybiński i in., 2004; Smulikowska i in., 2008; Kozak i in., 2008), ale także poprzez próby wykorzystania zmienności rekombinacyjnej w krzyżowaniach wewnątrz, jak i międzygatunkowych możliwie zróżnicowanych genetycznie form pochodzących z światowych kolekcyjnych zasobów genowych (Yunus i Jackson, 1991; Tiwari i Campbell, 1996). W celu wzbogacenia puli genowej krajowych form lędzwianu siewnego rozpoczęto prace nad oceną zmienności genetycznej cech lędzwianu siewnego, wykorzystując w tym celu indukowane mutacje. Częścią tych badań jest prezentowana

praca, której celem jest ocena zmienności cech morfologicznych i plonotwórczych uzyskanych mutantów, a w dalszej kolejności wybór najbardziej korzystnych genotypów, które mogą zostać wykorzystane jako materiał wyjściowy w pracach hodowlanych nad ulepszaniem lędźwianu siewnego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał wyjściowy poddawany działaniu mutagenów stanowiły nasiona dwóch krajowych odmian lędźwianu — Derek i Krab. W wyniku naświetlania nasion światłem lasera oraz indukowania mutacji przy zastosowaniu dwóch chemomutagenów — azydku sodu (NaN_3) i N-nitroso-N-metylomocznika (MNU) w pokoleniu M_2 przeprowadzono wybór zmutowanych genotypów. W pokoleniu M_3 potomstwo wybranych form wysiewano wraz z ich odmianami wyjściowymi w celu potwierdzenia obserwowanych zmian w pokoleniu M_2 . Ustalono mutanty rozmnożono. Do doświadczenia polowego przeprowadzonego w latach 2004–2006 na Polu Doświadczalnym IGR PAN w Cerkwicy wybrano dziewiętnaście mutantów z odmiany Krab oraz dziewięć mutantów pochodzących z odmiany Derek, a także obydwie odmiany wyjściowe. Nasiona mutantów oraz ich form wyjściowych wysiewano na poletka w doświadczeniu bloków losowanych w trzech powtórzeniach w rozstawie 70 cm × 25 cm. Oprócz określenia terminu kwitnienia (TK) po zbiorze roślin (na 15 losowo wybranych roślinach z każdego powtórzenia) oceniono wartości następujących cech: wysokość roślin (WS), wysokość osadzenia najniżej na roślinie zawiązanego strąka (WOS), liczbę rozgałęzień (LR), liczbę strąków z rośliny (LSR), długość i szerokość strąka (DS i SZS), liczbę i masę nasion ze strąka pędu głównego (LNS i MNS), liczbę i masę nasion z rośliny (LNR i MNR) oraz masę 100 nasion (MSN).

Uzyskane wyniki analizowano statystycznie. Dwuczynnikowa analiza wariancji została przeprowadzona w celu weryfikacji hipotez ogólnych o braku wpływu obiektów i braku wpływu lat oraz hipotezy o braku współdziałania obiekty × lata na obserwowane cechy fenotypowe. Oszacowano wartości średnie i współczynniki zmienności dla badanych cech. W celu oceny zróżnicowania między odmianami wyjściowymi a ich mutantami pod względem badanych cech, wykonano odpowiednie analizy kontrastów. Analizę kontrastów przeprowadzono poprzez lata ze względu na nie występowanie istotnego statystycznie współdziałania obiekty × lata. Ocena współzależności obserwowanych cech dokonana została w oparciu o odpowiednie współczynniki korelacji, estymowanych na podstawie średnich obiektowych liczonych poprzez lata. Graficzne rozmieszczenie odmian Krab i Derek oraz mutantów lędźwianu na płaszczyźnie ze względu na wszystkie cechy łącznie możliwe było w wyniku zastosowania analizy zmiennych kanonicznych (Camussi i in., 1985; Rencher, 1992). Wszystkie analizy statystyczne wykonano z użyciem pakietu statystycznego GenStat v. 7.1 (Payne i in., 2003).

WYNIKI I DYSKUSJA

Wzrostowi i rozwojowi roślin w okresie wegetacji 2004–2006 towarzyszył zróżnicowany poziom i rozkład opadów (tab. 1). Jedynie w roku 2004, począwszy

od kwietnia (wschody roślin) do końca czerwca, obserwowano systematyczny wzrost opadów z najwyższą wartością w czerwcu (63,8 mm), po okresie kwitnienia i na początku fazy zawiązywania strąków. W analogicznym okresie roku 2005 okresy bardzo niskiego poziomu opadów (14,2 i 11,5 mm w kwietniu i czerwcu) przeplatane były wyższymi opadami w maju (68,0 mm) oraz w ostatniej dekadzie lipca, kiedy rośliny wchodziły w fazę dojrzewania, a dostatek wody nie miał już większego wpływu na poziom plonowania. Poziom opadów w roku 2006 był w każdym miesiącu okresu wegetacji bardzo niski, z minimum (17,4 mm) przypadającym na czerwiec. Susza przerwana została dopiero w pierwszej dekadzie sierpnia (102,4 mm), kiedy rozpoczynano zbiór roślin.

Tabela 1

Poziom opadów i średnie temperatury w okresie doświadczeń polowych w latach 2004–2006
Rainfall level and average temperature during field trials in 2004–2006

Miesiące Months	Opady (mm) Rainfall (mm)						Temperatura (°C) Temperature(°C)		
	2004		2005		2006		2004	2005	2006
	suma sum	dekady decade	suma sum	dekady decade	suma sum	dekady decade			
Marzec March	12,4	1,8 8,6 2,0	24,7	2,1 21,7 0,9	16,6	3,1 0,0 13,5	4,6	1,4	0,7
Kwiecień April	14,9	2,4 0 12,5	14,2	4,4 3,4 6,4	39,8	6,1 13,5 20,2	10,0	9,6	9,2
Maj May	45,9	25,7 15,1 5,1	68,0	27,5 24,2 16,3	33,3	11,3 7,1 14,9	13,2	14,3	14,4
Czerwiec June	63,8	6,3 29,3 28,2	11,5	11,5 0,0 0,0	17,4	5,8 3,0 8,6	16,7	17,4	19,5
Lipiec July	30,4	11,3 27,8 2,6	96,6	25,2 6,9 64,5	23,8	0,8 21,2 1,8	18,7	20,3	22,9
Sierpień August	41,8	0,2 14,1 27,5	56,7	41,5 8,1 7,1	162,0	102,4 16,0 43,6	21,0	17,6	16,7

Przeprowadzona dwuczynnikowa (obiekty, lata) analiza wariancji pozwoliła odrzucić hipotezę ogólną o braku różnic pomiędzy obiektami dla wszystkich badanych cech. Nie było natomiast podstaw do odrzucenia hipotezy o braku wpływu lat oraz hipotezy o braku interakcji obiekty $\times$ lata dla obserwowanych cech.

Wartości średnich dla odmian wyjściowych i pochodzących z nich mutantów dla analizowanych cech w poszczególnych latach przedstawiono w tabeli 2.

Tabela 2

Wartości średnich dla analizowanych cech odmian wyjściowych i mutantów w poszczególnych latach
Means of the analyzed traits for the initial cultivars and their mutants, in the years

Obiekty i lata Objects and years	Wartości średnich dla cech — Means for traits											
	TK*	WS	WOS	LIR	LSR	DS	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MSN
Krab 2004	5,06	99,6	21,4	6,0	118,4	3,7	1,4	3,2	0,59	319,0	52,4	16,4
Mutant	5,06	103,2	22,0	5,1	87,5	3,5	1,38	3,12	0,52	240,2	37,2	14,8
Krab 2005	9,06	58,0	22,2	6,0	24,0	3,4	1,3	3,2	0,61	74,2	13,9	18,7
Mutant	10,06	56,0	23,0	4,8	26,1	3,4	1,34	3,15	0,50	75,3	11,61	14,4
Krab 2006	10,06	63,3	21,0	6,0	44,8	3,7	1,4	2,9	0,42	107,5	15,1	14,3
Mutant	11,06	51,7	23,7	5,4	30,9	3,1	1,20	3,10	0,49	87,1	13,40	15,0
Derek 2004	6,06	93,0	17,0	5,2	100,6	3,6	1,3	3,7	0,47	342,0	41,5	12,0
Mutant	5,06	88,5	15,8	4,2	79,9	3,67	1,25	3,23	0,42	219,0	28,4	12,4
Derek 2005	12,06	57,0	18,4	3,8	24,0	3,5	1,2	3,9	0,41	87,2	9,12	10,5
Mutant	12,06	55,7	18,7	3,9	29,1	3,42	1,27	3,27	0,47	85,4	12,1	13,7
Derek 2006	12,06	56,6	16,1	5,0	54,0	3,8	1,3	3,5	0,36	157,6	12,91	8,8
Mutant	13,06	65,3	22,3	4,1	38,0	3,10	1,13	3,40	0,37	103,5	10,38	10,0

*TK - Okres kwitnienia, Time of flowering; WS - Wysokość roślin, Plant height; WOS - Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LIR - Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR - Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS - Długość strąka, Pod length; SZS - Szerokość strąka, Pod width; LNS - Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS - Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR - Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR - Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MSN - Masa 100 nasion, Weight of 100 seeds

Odmiany i mutanty rozpoczynały kwitnienie w podobnym terminie na początku czerwca, aczkolwiek niektóre mutanty rozpoczynały kwitnienie wcześniej niż ich odmiany wyjściowe. Najwyższe wartości średnich dla wysokości roślin, liczby strąków z rośliny, masy nasion ze strąka oraz liczby i masy nasion z rośliny obserwowano w roku 2004, charakteryzującym się wyższym i korzystniej rozłożonym poziomem opadów w porównaniu z suchymi latami 2005 i 2006. Analizując inną grupę mutantów z odmian Derek i Krab w latach 2002 i 2003 (Rybiński i Bocianowski, 2006), zakres zmienności wysokości roślin oraz liczby strąków z rośliny w wyjątkowo suchym roku 2003 (148,9 mm od marca do września) wynosił odpowiednio od 27,5 do 42,5 cm oraz 33,5 do 64,4 strąków natomiast w mokrym roku 2002 (361,6 mm w analogicznym okresie) wynosił od 67,8 do 94,3 cm oraz 72,5 do 145,6 strąków z rośliny. Mimo znacznego deficytu wody w latach 2005 i 2006 średnia masa 100 nasion mutantów z odmiany Krab we wszystkich trzech latach była prawie identyczna, a dla odmiany Derek wyższa dla mutantów aniżeli ich formy wyjściowej. Wskazuje to, że redukcji liczby strąków z rośliny w suchych latach 2005 i 2006 w porównaniu z rokiem 2004 towarzyszyło dobre wykształcenie nasion, co rzutowało na stosunkowo wysoką masę 100 nasion zarówno mutantów, jak i odmian. Obie krajowe odmiany pod względem wielkości nasion zaliczyć można do średnio nasiennych (głównie odmiana Krab) w granicach od 100 do 190 g, przy czym formy drobnonasiennne o masie 1000 nasion w zakresie od 29,5 do 67,7 g są typowe dla materiałów kolekcyjnych pochodzących z południowej Azji (Sarwar i in., 1995). W materiałach z innych regionów świata zakres masy 1000 wynosił: od 34,5 do 225,9 g (Robertson i Abd El Moneim, 1995), od 56 do 288 g (Campbell, 1997), od 232 do 354 g (Benkova i Žakova, 2001) oraz od 138

do 368 g (De La Rosa i Martin, 2001). Według Hammer i in. (1989) formy grubonasienne są typowe dla krajów europejskich, głównie Włoch i innych krajów Basenu Morza Śródziemnego. Średnia liczba nasion w strąku była wyższa u odmiany Derek aniżeli Krab przy średniej wartości wynoszącej 3,9 nasion u odmiany Derek w roku 2005. O ile średnia liczba nasion w strąku u odmiany Krab i mutantów z tej odmiany była zbliżona, większa redukcja liczby nasion ze strąka była widoczna u mutantów z odmiany Derek. W badaniach Campbell (1997) średnia liczba nasion w strąku w materiałach kolekcyjnych wynosiła od 1,4 do 4,6, a według Yadov (1995) od 2 do 5 nasion. U niektórych grubonasiennych form z Włoch o masie 1000 nasion przekraczającej 400 g średnia liczba nasion w strąku wynosiła 1,5 (badania własne, niepublikowane). Na uwagę zasługują niektóre z mutantów o wyższej masie 100 nasion w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi. Mimo zmiennych warunków klimatycznych w latach badań odmiana Krab wykształcała tę samą liczbę rozgałęzień z rośliny (6,0), przy niższej średniej wartości tej cechy u mutantów, zwłaszcza w roku 2005. Według Mehra i wsp. (1995) linie pochodzące z Francji wykształcały średnio 5,2 rozgałęzienia, a z Niemiec 5,0. Z kolei u 60 linii z Hiszpanii (De La Rosa i Martin, 2001) maksymalna średnia liczba rozgałęzień nie przekraczała 4,5. W porównaniu z odmianą Krab i pochodzącymi z niej mutantami odmiana Derek oraz mutanty uzyskane z tej odmiany charakteryzowały się niższą liczbą rozgałęzień, co było szczególnie widoczne w suchym roku 2005.

Wartości średnich dla wszystkich obiektów w latach oraz wartości współczynnika zmienności przedstawia tabela 3. Największe różnice w wartościach średnich między latami obserwowano dla wysokości roślin, liczby strąków z rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny. W porównaniu z wilgotnym rokiem 2004 średnie wartości wyżej wymienionych cech były wyraźnie niższe w suchych latach 2005 i 2006. Wartości pozostałych cech w tych latach różniły się jednak w mniejszym stopniu w porównaniu z rokiem 2004. Dla niektórych cech, jak przykładowo liczby i masy nasion ze strąka, średnie wartości w poszczególnych latach były prawie identyczne. Podobnie, chociaż przy większych różnicach dotyczyło to liczby rozgałęzień z rośliny, wysokości osadzenia najniższego strąka i masy 100 nasion. Analizując wartości współczynnika zmienności, najwyższe wartości dla poszczególnych cech uzyskano w latach 2004 i 2006, a niższe dla cech w roku 2005. Pośród dwunastu ocenianych cech najwyższe wartości współczynnika zmienności uzyskano dla sześciu cech w roku 2004 i sześciu w roku 2006. Najniższe wartości obserwowano w najbardziej suchym roku 2005. Podobny efekt u mutantów lędźwianu obserwowano w bardzo suchym roku 2002 (Rybiński i Bocianowski, 2006). Najwyższe wartości współczynnika zmienności dla okresu 2004–2006 uzyskano dla liczby strąków z rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny, a najniższe dla długości i szerokości strąka oraz liczby nasion w strąku. Mimo stosunkowo niskiej wartości współczynnika zmienności dla liczby nasion w strąku w latach 2004–2006, wartość współczynnika zmienności dla masy nasion ze strąka była wyraźnie wyższa, wskazując na większą zmienność tej cechy.

Tabela 3

Charakterystyka zmienności cech mutantów lędźwianu siewnego
Characteristics of traits variation of the grasspea mutants

Cechy Traits	2004		2005		2006		2004-2006	
	średnia mean	współczynnik zmienności (%) coefficient of variation (%)	średnia mean	współczynnik zmienności coefficient of variation	średnia mean	współczynnik zmienności coefficient of variation	średnia mean	współczynnik zmienności coefficient of variation
Okres kwitnienia Time of flowering	5,16	18,4	11,03	15,71	12,19	8,45	9,46	35,30
Wysokość roślin (cm) Plant height (cm)	98,37	17,57	58,13	11,21	56,38	14,05	70,96	31,86
Wysokość osadzenia najniższego strąka Height of the lowest pod (cm)	20,0	25,96	21,59	16,93	22,92	15,35	21,50	20,20
Liczba rozgałęzień z rośliny Number of branches per plant	4,84	15,38	4,51	17,76	5,06	18,54	4,80	17,89
Liczba strąków z rośliny Number of pods/plant	86,75	26,1	26,89	24,03	34,42	22,08	49,29	61,38
Długość strąka (cm) Pod length (cm)	3,66	5,33	3,46	4,77	3,16	7,89	3,43	8,63
Szerokość strąka (cm) Pod width (cm)	1,30	5,68	1,32	5,01	1,19	6,89	1,27	7,29
Liczba nasion ze strąka Number of seeds/pod	3,18	10,63	3,22	7,46	3,20	10,94	3,2	9,77
Masa nasion ze strąka (g) Weight of seeds/pod (g)	0,49	17,22	0,49	13,07	0,45	18,75	0,48	16,85
Liczba nasion z rośliny Number of seeds/plant	239,9	29,72	78,77	22,34	95,08	22,34	137,92	61,55
Masa nasion z rośliny (g) Weight of seeds/plant (g)	35,26	29,37	11,75	26,01	12,54	23,33	19,85	63,86
Masa 100 nasion (g) Weight of 100 seeds (g)	14,62	15,39	14,73	14,31	13,23	21,53	14,19	17,68

Tabela 4

Ocena zróżnicowania między odmianami wyjściowymi a mutantami dla badanych cech
The estimation of variability between initial cultivars and mutants for the analyzed traits

Cechy Traits	Wartość kontrastu dla porównywanych obiektów Contrast estimation for compared objects					
	odmiana Krab – mutanty, cv. Krab – mutants			odmiana Derek – mutanty, cv. Derek – mutants		
	2004	2005	2006	2004	2005	2006
^x TK	0,105***	-1,53***	-1,9***	0,56***	0,0	-0,9***
WS	-3,62***	-1,31***	11,55***	4,42***	1,2***	-8,8***
WOS	0,637***	-0,895***	-2,67***	1,11***	0,29***	-6,2***
LIR	0,93***	1,23***	0,54***	1,0***	-0,08	0,9***
LSR	30,82***	-2,12***	13,93***	20,67***	-5,17***	16,0***
DS	0,016	-0,07**	0,57***	-0,08**	0,08**	0,7***
SZS	0,08***	-0,05***	0,19***	0,04***	-0,08***	0,2***
LNS	0,079***	0,09***	-0,2***	0,47***	0,61***	0,1***
MNS	0,068***	0,11***	-0,08***	0,05***	-0,06***	-0,01
LNR	78,37***	-1,19***	-20,37***	123,0***	1,72***	54,0***
MNR	15,1***	2,29***	1,74***	13,13***	-2,99***	2,52***
MSN	0,71***	3,47***	-0,64***	-0,44***	-3,2***	-1,2***

*Istotne na poziomie 0,05, Significant at $\alpha = 0.05$ **Istotne na poziomie 0,01, Significant at $\alpha = 0.01$ ***Istotne na poziomie 0,001, Significant at $\alpha = 0.001$

^xTK - Okres kwitnienia, Time of flowering; WS – Wysokość roślin, Plant height; WOS - Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LIR - Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR - Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS - Długość strąka, Pod length; SZS - Szerokość strąka, Pod width; LNS - Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS - Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR - Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR - Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MSN – Masa 100 nasion, Weight of 100 seeds

Ocenę różnic między odmianami wyjściowymi a mutantami pod względem analizowanych cech w poszczególnych latach wyrażono w wartościach kontrastu (tab. 4). Z nielicznymi wyjątkami mutanty istotnie różniły się od swych odmian wyjściowych. W roku 2004 o normalnych opadach zdecydowanie przeważały dodatnie wartości kontrastu, wskazując na wyższe wartości badanych cech u odmian wyjściowych w porównaniu z mutantami. W obu suchych latach 2005 i 2006, a zwłaszcza w roku 2005 w porównaniach Kraba z mutantami uzyskano liczne ujemne wartości kontrastu, co wskazuje na większe zróżnicowanie mutantów pod względem wartości niektórych cech w reakcji na zaistniały niedobór wody w okresie wegetacji. Szczegółową ocenę porównań odmiany wyjściowej z każdym z mutantów w trzyletnim cyklu badań przedstawiono w tabeli 5. Dla wszystkich ocenianych mutantów nieistotne wartości kontrastu uzyskano dla terminu kwitnienia oraz dla wysokości roślin. W odniesieniu do terminu kwitnienia wartości kontrastu były ujemne, wskazując na wcześniejsze kwitnienie mutantów w porównaniu z odmianami. Wszystkie mutanty, jak i odmiany charakteryzowały się jednolicie białą barwą kwiatów, co jest typowe dla europejskich form lędzwanu siewnego (Smartt, 1984) w przeciwieństwie do barwnie kwitnących form pochodzących z południowo wschodniej Azji (Campbell, 1997). Ze względu na znaczną skłonność lędzwanu do wylegania na uwagę zasługują mutanty o obniżonej wysokości, jak mutant K 31 z odmiany Krab czy D 412 z odmiany Derek.

Tabela 5

Ocena zróżnicowania między odmianami wyjściowymi i poszczególnymi mutantami dla badanych cech (za okres trzech lat)

The estimation of variability between initial cultivars and their mutants for the analyzed traits (for three years period)

Porównywane obiekty Compared objects	Ocena kontrastu dla cech — Contrast estimation for traits											
	TK ^x	WS	WOS	LIR	LSR	DS	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MSN
Krab - K18	-1,7	8,0	-0,7	0,37	12,1	0,37**	0,1**	-0,027	0,003	30,0	4,4	0,23
Krab - K19	-1,0	-6,1	-5,8***	0,33	-1,2	0,33**	0,167***	0,263**	0,077**	9,1	2,6	1,1
Krab - K20	-0,3	0,01	-3,2*	0,8**	6,9	0,3*	0,1**	0,327***	0,05*	28,2	5,2	1,03
Krab - K21	-1,1	-1,1	-3,2*	1,97***	17,7	0,0	0,067	0,03	-0,027	48,1	6,0	-0,63
Krab - K22	0,0	1,9	-2,4	0,8**	6,8	0,03	0,033	0,213**	-0,007	21,8	1,5	-1,2
Krab - K23	0,3	13,3	2,9*	1,4***	11,1	0,0	0,067	-0,213**	0,113***	11,6	8,2	3,93***
Krab - K24	-0,7	-5,4	-5,0***	1,83**	25,6	0,03	0,033	-0,337***	-0,067**	50,6	4,8	0,1
Krab - K25	-0,3	2,3	-0,3	0,73**	12,1	0,07	0,067	-0,493***	-0,08***	-4,4	-1,4	0,07
Krab - K26	-0,3	9,9	1,1	0,67*	19,9	0,27**	0,033	0,13	0,043	53,6	8,9	0,4
Krab - K27	-1,7	12,1	4,2**	1,3***	18,0	0,33**	0,133***	0,12	0,083***	40,3	8,9	2,53***
Krab - K28	-0,3	16,0	3,0*	1,47***	16,3	0,23	0,1**	0,02	0,033	34,2	5,5	0,7
Krab - K29	-2,0	-2,4	-0,4	0,47	5,4	0,2	0,133***	0,03	0,073**	14,4	5,5	2,33***
Krab - K30	-2,7	0,1	-8,7***	1,13***	35,0*	0,13	0,1**	-0,373***	-0,027	93,0*	15,8**	1,13
Krab - K31	-2,0	-10,2	-6,4***	0,47	-1,0	0,33**	0,067	0,263**	0,113***	9,3	5,4	2,87***
Krab - K32	-2,0	-6,8	-2,9*	0,8**	19,7	0,03	0,067	-0,347***	0,03	42,3	9,6	1,43*
Krab - K33	-1,3	-4,0	-0,2	0,97***	7,1	0,1	0,067	-0,183*	0,08***	-7,4	4,4	3,13***
Krab - K34	-1,0	7,0	1,7	0,77**	29,1*	0,1	0,0	0,283***	0,0	76,3	11,8	-0,7
Krab - K35	0,0	4,1	1,9	0,83**	14,4	0,07	0,033	0,023	0,05*	37,2	7,1	1,17
Krab - K36	-3,0	2,3	-2,0	-0,07	15,3	0,33**	0,1**	0,067	0,07*	31,1	7,1	2,8***
Derek - D404	1,0	5,8	1,4	1,03***	18,1	0,27*	0,067	0,073	-0,003	64,3	7,0	-0,5
Derek - D405	-0,7	8,7	-1,9	0,67*	14,9	0,4**	0,067	0,6***	-0,027	75,9	5,0	-2,83***
Derek - D406	0,3	10,1	-0,6	0,63*	13,0	0,0	0,033	0,493***	-0,043	64,7	3,3	-1,37*
Derek - D407	-0,3	0,1	0,3	0,47	0,2	0,27*	0,033	0,16*	0,043	15,1	1,7	-0,07
Derek - D408	-0,3	-4,2	-2,3	0,87**	8,9	0,27*	0,067	0,183*	-0,01	34,1	2,5	-1,23
Derek - D409	-0,7	-4,1	-2,1	0,47	16,8	0,1	0,0	0,2*	-0,093***	66,6	3,8	-3,27***
Derek - D410	-0,3	0,0	-1,9	0,77**	5,4	0,6***	0,133***	0,32***	0,043	44,1	4,4	-0,27
Derek - D411	0,3	-10,7	-5,4***	0,13	12,1	0,13	0,067	0,623***	-0,02	104,0*	5,5	-2,97***
Derek - D412	-1,0	-13,9	-3,7**	0,4	5,3	0,07	-0,067	0,863***	0,047*	67,1	4,8	-2,03**

*Istotne przy $\alpha = 0,05$, Significant at $\alpha = 0,05$

**Istotne przy $\alpha = 0,01$, Significant at $\alpha = 0,01$

*** Istotne przy $\alpha = 0,001$, Significant at $\alpha = 0,001$

^xTK - Okres kwitnienia, Time of flowering; WS – Wysokość roślin, Plant height; WOS - Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LIR - Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR - Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS - Długość strąka, Pod length; SZS - Szerokość strąka, Pod width; LNS - Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS - Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR - Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR - Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MSN – Masa 100 nasion, Weight of 100 seeds

W korzystnych warunkach środowiskowych i dostatecznej ilości opadów w Kanadzie rośliny mogą wyrastać do 172 cm, a w suchych warunkach w Indiach od 15 do 68 cm (Campbell, 1997). Jedną z istotnych cech użytkowych jest wysokość wiązania pierwszego od podstawy rośliny strąka w kontekście zbioru mechanicznego roślin. Dla kilku mutantów uzyskano ujemną i statystycznie istotną wartość kontrastu (przykładowo mutanty K 19, K 24, K 30 i D 411), co wskazuje, że wiązały one najniższy na roślinie strąk wyżej aniżeli odmiany wyjściowe. Odmiany wykształcały większą liczbę rozgałęzień z rośliny (dodatnie

wartości kontrastu) aniżeli mutanty, co wiązało się też z większą liczbą strąków na roślinie u odmian Derek i Krab. Mutanty ustępowały też odmianom pod względem liczby i masy nasion ze strąka. Wyjątek stanowiły mutanty K 24 i K 25 które pod względem obu cech istotnie przewyższały odmianę wyjściową Krab. Ponadto mutant K 25 charakteryzował się większą liczbą i wyższą masą nasion z rośliny, aczkolwiek różnice w porównaniu z odmianą Krab były statystycznie nieistotne. Pośród mutantów odmiany Krab żaden z nich nie przewyższał istotnie odmiany pod względem masy 100 nasion, aczkolwiek dla wielu z nich różnice były statystycznie nieistotne. Z kolei pośród mutantów z odmiany Derek cztery z nich (D 405, D 409, D 411 i D 412) istotnie przewyższały masę 100 nasion swej odmiany wyjściowej.

Termin kwitnienia był istotnie i ujemnie skorelowany z masą nasion ze strąka, masą nasion z rośliny oraz masą 100 nasion (tab. 6).

Tabela 6

Wartości współczynnika korelacji dla analizowanych cech mutantów lędźwianu siewnego (za okres trzech lat)

Correlation coefficients for the measured characteristics of grass pea mutants (for three years)

	TK ^x	WS	WOS	LIR	LSR	DS.	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MSN
TK	1											
WS	0,24	1										
WOS	0,02	0,67***	1									
LIR	-0,21	0,27	0,46**	1								
LSR	-0,09	0,28	-0,06	0,30	1							
DS	-0,24	0,16	-0,003	-0,06	-0,15	1						
SZS	-0,41	0,18	0,24	0,45*	-0,11	0,60***	1					
LNS	0,17	-0,12	-0,29	-0,45*	-0,19	0,22	-0,26	1				
MNS	-0,41*	0,05	0,48**	0,35*	-0,44*	0,34	0,54**	-0,001	1			
LNR	-0,10	0,07	-0,28	0,12	0,83***	-0,02	-0,10	0,27	-0,33	1		
MNR	-0,50**	0,19	0,19	0,51**	0,62***	0,13	0,33	-0,13	0,39*	0,63***	1	
MSN	-0,50**	0,13	0,55**	0,54**	-0,26	0,19	0,62***	-0,45*	0,86***	-0,38*	0,42*	1

* Istotne na poziomie 0,05, Significant at $\alpha = 0.05$

** Istotne na poziomie 0,01, Significant at $\alpha = 0.01$

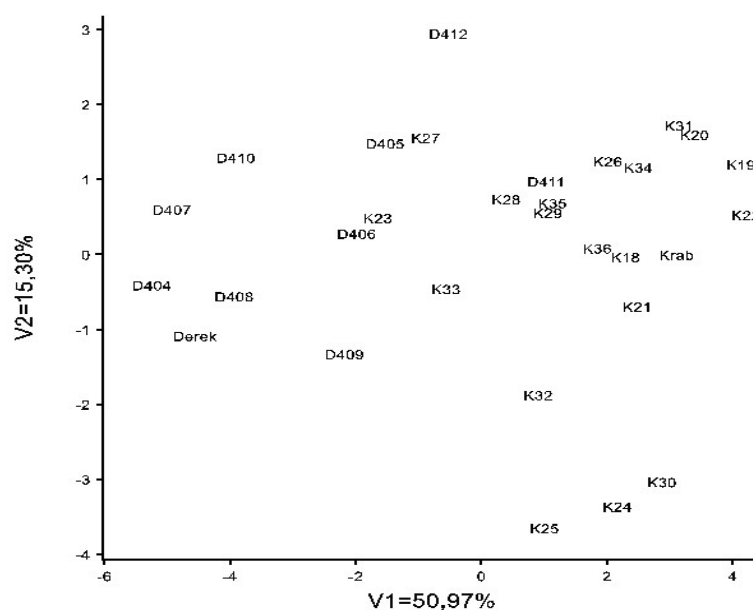
*** Istotne na poziomie 0,001, Significant at $\alpha = 0.001$

^xTK - Okres kwitnienia, Time of flowering; WS - Wysokość roślin, Plant height; WOS - Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LIR - Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR - Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS - Długość strąka, Pod length; SZS - Szerokość strąka, Pod width; LNS - Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS - Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR - Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR - Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MSN - Masa 100 nasion, Weight of 100 seeds

Wysoki i dodatni współczynnik korelacji uzyskano dla wysokości roślin i wysokości osadzenia pierwszego od podstawy rośliny strąka. Wskazuje to na trudności wyselekcjonowania roślin o obniżonej wysokości roślin (o lepszej odporności na wyleganie) i wyższym osadzeniu strąków w kontekście zbioru mechanicznego roślin. Ponadto wysokość osadzenia najniższego na roślinie strąka była dodatnio skorelowana z liczbą rozgałęzień z rośliny, masą nasion ze strąka oraz masą 100 nasion. Z uwagi na niezdeterminowany charakter wzrostu (Mileczak i in., 2001), rośliny lędźwianu na kolejnych rozgałęzieniach zawiązują mniej strąków lub żadnych (Campbell, 1997). Wraz ze wzrostem liczby rozgałęzień zmniejszała się liczba nasion w strąku ($r = -0,445$), lecz

zwiększała się masa nasion z rośliny ($r = 0,510$) i masa 100 nasion ($r = 0,538$). Liczba strąków z rośliny była dodatnio skorelowana z liczbą i masą nasion z rośliny, a ujemnie z długością i szerokością strąka, liczbą nasion w strąku oraz masą 100 nasion. Wysoce istotną i dodatnią korelację uzyskano dla długości i szerokości strąka ($r = 0,599$), między szerokością strąka a masą nasion w strąku ($r = 0,538$) oraz między szerokością strąka a masą nasion ze strąka ($r = 0,538$) i masą 100 nasion ($r = 0,623$). Ta ostatnia cecha była ujemnie skorelowana z liczbą nasion w strąku i z rośliny, dodatnio z masą nasion ze strąka, a na niższym poziomie istotności z masą nasion rośliny.

Rozkład średnich dla badanych cech mutantów za okres 2004-2006 przedstawiono na płaszczyźnie w układzie dwóch zmiennych kanonicznych (rys. 1).



Derek i Krab – odmiany wyjściowe
 Derek and Krab - initial cultivars
 D and K - mutanty z odmiany Derek lub Krab
 D and K - mutants from cultivars Derek or Krab

Rys. 1. Rozmieszczenie mutantów i ich form wyjściowych Derek i Krab w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych pod względem badanych cech.

Fig. 1. Distribution of mutants and their initial cultivars Derek and Krab in the space of two first canonical variables for the analyzed traits

Pierwsza zmienna kanoniczna wyjaśniała 50,97% całkowitej zmienności, natomiast druga 15,30%. Analizując przedstawiony rysunek wyróżnić można dwa skupienia mutantów. Pierwsze (prawa strona rysunku) obejmuje odmianę Krab i pochodzące z niej mutanty a drugie (lewa strona) odmiana Derek i mutanty z tej odmiany. Wskazuje to na znaczną odrębność obydwu odmian pod względem badanych cech, jak i bliższy związek w

tym względzie między odmianą wyjściową a pochodzącymi z niej mutantami. Pod względem badanych cech najbardziej od odmiany wyjściowej Derek różnią się mutanty D 412, D 405 i D 410, a od odmiany Krab mutanty K 25, K 24 i K 30. Pośród mutantów z odmiany Derek najbardziej podobnymi do mutantów z odmiany Krab jest mutant D 411, a z kolei mutanty z odmiany Krab: K 27 i K 23 różnią się najmniej od mutantów odmiany Derek.

Przedstawiony rozkład średnich dla badanych cech wskazuje na znaczny stopień zróżnicowania mutantów w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi. Mimo że z małymi wyjątkami za okres trzech lat pod względem cech struktury plonu mutanty ustępowały swym odmianom wyjściowym, bardziej zróżnicowana reakcja mutantów w okresie suszy w latach 2005 i 2006 wskazuje na możliwość wyboru tolerancyjnych genotypów w reakcji na stres wodny. Stanowią one mogą wartościowy materiał w badaniach podstawowych nad stresami abiotycznymi oraz w pracach hodowlanych nad udoskonalaniem lędzwianu siewnego.

WNIOSKI

1. Zastosowane chemomutageny okazały się efektywnym narzędziem poszerzenia zmienności genetycznej cech u uzyskanych mutantów w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi Derek i Krab.
2. W porównaniu z normalnym w opady rokiem 2004 dwa kolejne lata charakteryzowały się bardzo niskim poziomem opadów i jego niekorzystnym rozkładem w miesiącach wegetacji lędzwianu siewnego. Zaistniały deficyt wody w latach 2005 i 2006 istotnie wpłynął na obniżenie wartości cech struktury plonu w porównaniu z rokiem 2004. W warunkach suszy rośliny reagowały obniżeniem ich wysokości, a główną przyczyną redukcji plonowania było obniżenie liczby strąków rośliny, czego następstwem była redukcja liczby i masy nasion z rośliny.
3. Mimo obniżenia liczby strąków z rośliny w warunkach deficytu wody nie stwierdzono istotnych zmian w liczbie i masie nasion ze strąka w porównaniu z normalnym w opady rokiem 2004. Wartości średnich dla wszystkich obiektów wskazują, że w warunkach suszy przy redukcji liczby strąków z rośliny pozostałe strąki wykształcały zbliżoną do roku wilgotnego liczbę i masę nasion, a masa 100 nasion także nie ulegała wyraźnym zmianom.
4. W wilgotnym roku 2004 wartości kontrastu między odmianami wyjściowymi a pochodzącymi z nich mutantami dla prawie wszystkich cech przyjmowały dodatnie wartości. Wskazuje to, że średnie wartości dla cech u odmian były wyższe aniżeli u mutantów. Odmienne sytuację obserwowano w obu suchych latach, gdzie dla kilku cech uzyskano ujemne wartości kontrastu. Oznacza to bardziej zróżnicowaną reakcję mutantów w porównaniu do odmian w warunkach stresu wodnego i możliwość wyboru genotypów o większej tolerancji na niedobór wody w glebie.
5. Podsumowując trzyletni okres doświadczeń polowych, można stwierdzić, że pod względem cech struktury plonu mutanty ustępowały swym odmianom wyjściowym. Mimo tej ogólnej tendencji wyróżnić można mutanty, które w porównaniu

z odmianami charakteryzowały się poszerzoną zmiennością genetyczną badanych cech. Mutanty te, zwłaszcza w kontekście ich reakcji na stres wodny mogą stanowić materiał do badań podstawowych nad stresami abiotycznymi oraz interesujący materiał wyjściowy do prac hodowlanych nad ulepszaniem cech lędwianu siewnego.

LITERATURA

- Allkin R., Macfarlane T. D., White F. A., Bisby F. A., Adey M. E. 1983. Names and synonyms of species and subspecies in Viciae. Issue 2, *Viciae* Database Project Publication No. 2, Southampton, UK.
- Benkova M., Žakova M. 2001. Evaluation of selected traits in grasspea (*Lathyrus sativus* L.) genetic resources. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 27 — 30.
- Campbell C. G., Mehra R. B., Agrawal S. K., Chen, Y. Z., Abd El Moneim, A. M., Khawaja H. I. T., Yadov, C. R., Tay, J. U., Araya, W. A. 1994. Current status and future strategy in breeding grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica* 73: 167 — 175.
- Campbell C. G. 1997. 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.
- Camussi A., Ottaviano E., Caliński T., Kaczmarek Z. 1985. Genetic distance based on quantitative traits. *Genetics* 111: 945 — 962.
- Cichy H., Rybiński W. 2007. Ocena zdolności plonowania wybranych mutantów lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) w doświadczeniach polowych. *Zeszyty Problemowe Postępu Nauk Rolniczych* 52: 177 — 185.
- De La Rosa L., Martin I. 2001. Morphological characterization of Spanish genetic resources of *Lathyrus sativus* L. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 31 — 34.
- Dziamba S. 1997. Biologia i agrotechnika lędwianu siewnego. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędwian siewny – agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9-10 czerwca 1997: 27 — 33.
- Grela E. R., Skórnicki H. 1997. Skład chemiczny nasion lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) z terenu województwa radomskiego. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędwian siewny – agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, czerwiec 9 — 10, 1997: 59 — 70.
- Hammer K. G., Laghetti G., Perrino, P. 1989. Collection of plant genetic resources in South Italy, 1988. *Kulturpflanzen* 37: 401 — 414.
- 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 an animal feed. *Animal Feed Science and Technology* 87: 1 — 27.
- Kozak M., Bocianowski, J., Rybiński, W. 2008. Selection of promising genotypes based on path and cluster analyses. *Journal of Agricultural Science* 146: 85 — 92.
- 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.
- Milczak M., Pędziński M., Mnichowska H., Szwed-Urbaś K., Rybiński W. 2001. Creative breeding of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) in Poland. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 18 — 23.
- Payne R., Murrey D., Harding S., Baird D., Soutou D., Lane P. 2003. *GenStat for Windows* (7th edition) – Introduction. VSN International, Oxford, England.
- Rencher A. C. 1992. Interpretation of canonical discriminant functions, canonical variates, and principal components. *Am. Stat.* 46: 217–225.
- Robertson L. D., Abd El Moneim A. M. 1995. *Lathyrus* germplasm collection, conservation and utilization. In: *Lathyrus Genetic Resources in Asia. Proceedings of a Regional Workshop*, 27-29 December 1995, Indira Gandhi Agricultural University, Raipur, India, 97 — 111.
- Rybiński W. 2003. Mutagenesis as a tool for improvement of traits in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 3: 27 — 31.

- Rybiński W., Starzycki M. 2004. Ocena zmienności genetycznej cech mutantów lędźwianu siewnego. Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych 497: 539 — 550.
- Rybiński W., Szot B., Pokora L. 2004. Estimation of genetic variation and physical properties of seeds for grass pea mutants (*Lathyrus sativus* L.). Int. Agrophysics 18: 339 — 346.
- Rybiński W., Bocianowski J. 2006. Zmienność cech morfologicznych i struktury plonu nasion mutantów lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). Biuletyn IHAR 240/241: 291 — 297.
- Rybiński W., Grela E. R. 2007. Zróżnicowanie genetyczne cech i składu chemicznego nasion mutantów lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). Zeszyty Problemowe Postępów Nauk Rolniczych 517: 613 — 627.
- Sarwar C. D. M., Sarkar A., Murshed A. N. M. M., Malik M. A. 1995. Variation in natural population of grass pea. pp. 161 — 164 in Yusuf, H.K.M., Lambein, F. (Eds) *Lathyrus sativus* and Human Lathyrism: Progress and Prospects. Proc. 2nd Int. Colloq. Lathyrus/Lathyrism, Dhaka, 10–12 December 1993. University of Dhaka.
- Siddique K. H. M., Loss S. P., Herwig S. P., Wilson J. M. 1996. Growth, yield and neurotoxin (ODAP) concentration of three *Lathyrus* species in Mediterranean-type environments of Western Australia. Australian Journal of Experimental Agriculture 36: 209 — 218.
- Smartt J. 1984. Evolution of grain legumes. I. Mediterranean Pulses. Experimental Agriculture 20: 275 — 296.
- Smulikowska S., Rybiński W., Czerwiński M., Taciak M., Mieczkowska A. 2008. Evaluation of selected mutants of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) cv. Krab as an ingredient in broiler chicken diet. Journal of Animal and Feed Sciences 17: 75 — 87.
- Tiwari K. R., Campbell C. G. 1996. Inheritance of neurotoxin (ODAP) content, flower and seed coat colour in grass pea (*Lathyrus sativus* L.). Euphytica 91: 195 — 203.
- Vaz Patto 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.
- Yadov C. R. 1995. Genetic evaluation and varietal improvement of grasspea in Nepal. In: *Lathyrus* Genetic Resources in Asia. Proceedings of a Regional Workshop, 27-29 December 1995, Indira Gandhi Agricultural University, Raipur, India, 21 — 27.
- Yunus A. G., Jackson M. T. 1991. The gene pools of the grasspea (*Lathyrus sativus* L.) Plant Breeding 106: 319 — 328.

ELŻBIETA KACZMARSKAKatedra Genetyki i Hodowli Roślin Ogrodniczych
Uniwersytet Przyrodniczy, Lublin

Efekty zdolności kombinacyjnej w potomstwie wybranych odmian truskawki (*Fragaria* × *ananassa* Duch.)

**Combining ability effects in the progeny of chosen strawberry cultivars
(*Fragaria* × *ananassa* Duch.)**

Przedmiotem badań było pięć form rodzicielskich truskawki oraz mieszańce pokolenia F₁, uzyskane w wyniku krzyżowania diallelicznego. Analizę wyników przeprowadzono według trzeciej metody Griffinga, uwzględniającej krzyżowania odwrotne. Otrzymane w ten sposób potomstwa (20 kombinacji) oraz formy rodzicielskie wysadzono w układzie bloków losowych (4 powtórzenia, 30 roślin w każdym powtórzeniu). Celem pracy była ocena efektów ogólnej (GCA) i specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) oraz efektów krzyżowań odwrotnych (RE) dla pięciu odmian truskawki. W latach 2005–2006 badano następujące cechy roślin: średni plon owoców z rośliny, średnia liczba owoców z rośliny, średnia masa pojedynczego owocu oraz wigor roślin (wyrażony jako średnia liczba liści na roślinie). Analizę statystyczną przeprowadzono na podstawie średnich wyników uzyskanych z pierwszego i drugiego roku owocowania. Oceniane formy rodzicielskie wykazywały zarówno dodatnie, jak i ujemne efekty ogólnej wartości kombinacyjnej. U odmiany Teresa wystąpiły najwyższe dodatnie efekty GCA dla plonu owoców z rośliny, natomiast w przypadku średniej liczby owoców, wartość GCA była ujemna. Odmiany Chandler, Kent i Senga Sengana wykazywały ujemne wartości GCA w stosunku do średniej liczby liści na roślinie. Stwierdzono również ujemne oddziaływanie odmiany Senga Sengana (potwierdzone efektami GCA) na wszystkie analizowane cechy mieszańców. Dodatnie efekty SCA dla wszystkich badanych cech wystąpiły w przypadku kombinacji Kent × Teresa i 1387 × Senga Sengana. Analizując wyniki krzyżowań odwrotnych, w przypadku plonu owoców z rośliny, stwierdzono, że odmiana Senga Sengana da lepsze efekty, jeżeli użyjemy jej jako matki, zaś odmiany Kent i Teresa zastosowane jako formy ojcowskie.

Słowa kluczowe: krzyżowanie dialleliczne, truskawka, zdolność kombinacyjna

In this study five strawberry parental forms and F₁ hybrids obtained from diallel crossing performed according to Griffings method III (with the effects of reciprocal crosses without inbred) were evaluated. The progeny (20 hybrids) and parental forms were planted in the field in a completely randomized block design (4 replicates, 30 plants in each plot). The aim of the study was to assess the general (GCA) and specific (SCA) combining abilities and the effects of reciprocal crosses (RE) in five strawberry cultivars. In 2005–2006 the following features of plants were analyzed: mean yield per plant, mean number of fruits per plant, mean weight of single fruit and vigour of plants (as a mean number of leaves). The statistical analysis was assessed on the basis of mean results obtained in the first and second

year of fructification. The parental forms showed positive or negative results as regards the general combining ability. The highest positive GCA effect of yield per plant was recorded in cv. Teresa. In this cultivar, however, the GCA value for the average number of fruits per plant was negative. Cultivars Chandler, Kent and Senga Sengana showed negative GCA effects for average number of leaves per plant. Disadvantageous effects of cv. Senga Sengana upon all the analyzed traits in the hybrids were recorded. Positive SCA effects for all the traits were found in the progeny Kent $\times$ Teresa and 1387 $\times$ Senga Sengana. The results of reciprocal crosses upon the yield of fruit per plant indicated that cv. Senga Sengana can give better effects when it is used as a maternal component. In contrast, the cvs. Kent and Teresa provide better effects as parental forms.

Key words: combining ability, diallel cross, strawberry

WSTĘP

W hodowli nowych odmian truskawki, mającej na celu zwiększenie plonu owoców i poprawę cech plonotwórczych oraz zdrowotności roślin, konieczna jest znajomość sposobu dziedziczenia tych cech, ułatwiająca wybór odpowiednich form do krzyżowania i metody selekcji. Wybór komponentów rodzicielskich może być przeprowadzony na podstawie właściwości fenotypowych lub ich wartości hodowlanej. Wartość hodowlana odmiany czy klonu określona przez ogólną (GCA), bądź specyficzną (SCA) zdolność kombinacyjną, może zostać oszacowana na podstawie wielu kombinacji krzyżowań przeprowadzonych w różnych układach. Analiza ogólnej zdolności kombinacyjnej niektórych genotypów truskawki została przeprowadzona na podstawie hierarchicznego układu krzyżowań (Hortyński, 1987; Gawroński i in., 2004). Oceny efektów GCA i SCA dokonano również z wykorzystaniem modelu czynnikowego (Coman i Popescu, 1997; Żebrowska 2003), a także krzyżowania diallelicznego (Hortyński 1987, Masny i Żurawicz, 2002). Jednak jak podaje Żurawicz (1990), brak wyraźnej korelacji pomiędzy efektami SCA dla różnych cech użytkowych truskawki sprawia, że hodowla twórcza tego gatunku ukierunkowana na poprawę kilku cech równocześnie jest bardzo trudna.

Celem niniejszej pracy jest ocena efektów ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej oraz efektu krzyżowań odwrotnych pięciu odmian truskawki pod względem plonu i wybranych cech plonotwórczych.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono w latach 2005–2006 na plantacji doświadczalnej Katedry Genetyki i Hodowli Roślin Ogrodniczych w Gospodarstwie Doświadczalnym Felin k. Lublina. Przedmiotem badań było pięć form rodzicielskich truskawki, tj. odmiany: Senga Sengana, Chandler, Teresa, Kent i klon hodowlany o numerze 1387 wyhodowany w KGiHRO oraz mieszańce pokolenia F_1 , uzyskane w wyniku krzyżowania tych genotypów. W roku 2003 wykonano program kojarzenia diallelicznego, uwzględniający krzyżowania odwrotne, bez potomstwa form rodzicielskich. Otrzymane w ten sposób mieszańce pokolenia F_1 (20 kombinacji) oraz formy rodzicielskie posadzono do gruntu w 2004 roku w układzie bloków losowych (4 powtórzenia, 30 roślin w każdym powtórzeniu). Rośliny zostały wysadzone na pasach przykrytych czarną tkaniną PP zapobiegającą zachwaszczeniu w rozstawie 50 $\times$ 35 cm, odległość między pasami wynosiła 125 cm.

W latach 2005–2006 oszacowano następujące cechy roślin: średni plon owoców z rośliny, średnia liczba owoców z rośliny oraz średnia masa pojedynczego owocu. Określono również wigor roślin poprzez obliczenie średniej liczby liści na roślinie (średnią obliczono na podstawie wyników z 50 losowo wybranych roślin z każdej kombinacji). Analizę statystyczną przeprowadzono na podstawie średnich wyników uzyskanych z pierwszego i drugiego roku owocowania. Analizy wariancji i oceny efektów ogólnej (GCA) i specyficznej zdolności kombinacyjnej (SCA) oraz efektów krzyżowań odwrotnych (RE) wykonano według III metody Griffinga opisaną przez Ubysz-Borucką i wsp. (1985). Do oceny różnic między średnimi wartościami poszczególnych cech wykorzystano wielokrotny test Duncana. Analizy istotności efektów GCA, SCA i RE dokonano przy użyciu testu t — Bonferroni na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ i $\alpha = 0,01$.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analizy wariancji wykazały istotne zróżnicowanie efektów GCA, SCA i RE badanych mieszańców truskawki pod względem masy pojedynczego owocu oraz liczby liści na roślinie (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty dla ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz krzyżowań odwrotnych (RE) dla 4 cech 5 odmian truskawki
Mean squares for general (GCA) and specific (SCA) combining abilities and reciprocal effects (RE) for 4 traits in 5 strawberry cultivars

Źródło zmienności Source of variability	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty odchyłeń — Mean squares of deviations			
		plon owoców z rośliny fruit yield per plant (g)	liczba owoców z rośliny number of fruits per plant	masa pojedynczego owocu weight of single fruit (g)	liczba liści na roślinie number of leaves per plant
GCA	4	2437,589	55,085	0,623**	50,324**
SCA	5	1440,242	19,570	0,186*	18,001*
RE	10	1599,124	31,707	0,176*	26,873**
Błąd Error	60 ^a 980 ^b	1254,565	42,679	0,077	8,061
S^2_{GCA} S^2_{SCA}		1,692	2,815	3,349	2,795

^a – Liczba stopni swobody dla plonu, liczby owoców i masy pojedynczego owocu; Degrees of freedom for fruit yield, number of fruits and weight of single fruit

^b – Liczba stopni swobody dla liczby liści; Degrees of freedom for number of leaves per plant

*, ** Istotne według testu F-Fishera odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significantly different according to F-test at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Najniższą wartość S^2_{GCA} / S^2_{SCA} uzyskano dla plonu owoców z rośliny, co wskazuje na znaczny udział zmienności addytywnej w genetycznym uwarunkowaniu tej cechy. W przypadku pozostałych cech, udział genów o addytywnym sposobie działania był znacznie większy niż genów działających nieaddytywnie. Podobnie, oszacowania komponentów wariancyjnych w badaniach Hortyńskiego (1987) wykazały znaczne ilości nieaddytywnej wariancji genetycznej dla plonu owoców, przy niewielkich efektach addytywnego działania genów (istotnych jednakże w populacji uzyskanej wg modelu czynnikowego).

Wcześniejsze prace Aalders i Craig (1968, 1974) wykazują, że u truskawki plon owoców i cechy jego struktury są uwarunkowane zarówno addytywnym, jak i nieaddytywnym działaniem genów.

Na podstawie dwuletnich badań należy stwierdzić, że mieszańce F_1 charakteryzowały się wyższym plonem i liczbą owoców z rośliny oraz masą pojedynczego owocu w porównaniu z odmianami rodzicielskimi (tab. 2).

Tabela 2

Średnie wartości wybranych cech u form rodzicielskich i mieszańców F_1 truskawki
Mean values for chosen traits in parental forms and F_1 hybrids in strawberry

Wyszczególnienie Specification	Plon owoców z rośliny Fruit yield per plant (g)	Liczba owoców z rośliny Number of fruits per plant	Masa pojedynczego owocu Weight of single fruit (g)	Liczba liści na roślinie Number of leaves per plant
Rodzice-Parents				
Chandler	236,80b	41,46b	5,19dc	61,00a
Kent	247,51b	46,28b	4,76d	44,04dc
Senga Sengana	315,17ba	52,52ba	4,76d	40,56dc
Teresa	368,75ba	56,16ba	6,50bac	53,43ba
1387	306,50ba	52,14ba	5,40bdc	61,34a
Średnia-Mean	294,94	49,71	5,32	52,07
Mieszańce-Hybrids				
Chandler × Kent	333,49ba	57,92ba	5,85bdac	43,02dc
Chandler × S. Sengana	291,61ba	55,35ba	5,45bdc	49,96bac
Chandler × Teresa	352,66ba	62,34a	5,66bdac	46,32bdc
Chandler × 1387	313,7ba	62,38a	5,07dc	46,52bdc
Kent × S. Sengana	247,94b	48,26ba	5,12dc	37,60d
Kent × Teresa	399,71a	60,41a	6,69ba	47,30bdac
Kent × 1387	317,66ba	61,10a	5,58bdc	56,02ba
Kent × Chandler	299,94ba	52,18ba	5,68bdac	49,62bac
S. Sengana × Teresa	250,35b	48,36ba	5,25dc	48,54bdac
S. Sengana × 1387	377,57ba	66,59a	5,70bdac	56,50ba
S. Sengana × Chandler	301,92ba	52,63ba	5,71bdac	50,88bac
S. Sengana × Kent	311,61ba	54,91ba	5,77bdac	49,92bac
Teresa × Kent	329,44ba	47,72ba	6,90a	53,50bac
Teresa × S. Sengana	286,38ba	51,96ba	5,53bdc	42,10dc
Teresa × 1387	302,86ba	54,19ba	5,58bdc	58,47a
Teresa × Chandler	341,51ba	57,46ba	5,91bdac	56,66ba
1387 × Teresa	341,42ba	59,28ba	5,79bdac	54,92ba
1387 × S. Sengana	249,37b	50,79ba	4,78d	51,82bac
1387 × Kent	338,25ba	53,03ba	6,37bac	49,02bac
1387 × Chandler	339,83ba	61,26a	5,58bdc	54,94ba
Średnia — Mean	316,36	55,91	5,70	50,18
NIR _{0,05} — LSD _{0,05}	144,35	19,38	0,89	11,81

Średnie wartości oznaczone tą samą literą nie różnią się istotnie na poziomie $\alpha = 0,05$ (wg testu Duncana)

Mean values marked with the same letter do not differ significantly at $\alpha = 0.05$ (acc. To Duncan's test)

Najwyższą średnią masę owoców z rośliny oszacowano dla kombinacji Kent × Teresa (399,71 g), natomiast najniższą dla mieszańców: Kent × Senga Sengana (247,94 g), 1387 × Senga Sengana (249,37 g), Senga Sengana × Teresa (250,35 g). W badaniach, jakie

przeprowadził Gawroński w 2003 roku najwyżej plonowały półrożeństwa, które w swym rodowodzie miały odmianę Senga Sengana, niezależnie od kierunku krzyżowania.

Mieszkańce z polską odmianą Teresa (hodowli KGiHRO) charakteryzowały się wysokim plonem. Znalazło to odzwierciedlenie w postaci istotnego dodatniego efektu GCA dla tego genotypu (12,24; tab. 3). Stwierdzono natomiast istotnie ujemne oddziaływanie odmiany Senga Sengana (potwierdzone efektami ogólnej wartości kombinacyjnej) na wszystkie analizowane cechy. W badaniach Żurawicza (1990), istotne pozytywne efekty GCA dla plenności roślin wykazały odmiany Dukat, Senga Sengana i Gorella, natomiast najwyższe dodatnie efekty SCA wykazała kombinacja Cavalier $\times$ Senga Sengana.

Tabela 3

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich truskawki
The effects of general combining ability in the strawberry parents

Odmiana Cultivar	Plon owoców z rośliny Fruit yield per plant	Liczba owoców z rośliny Number of fruits per plant	Masa pojedynczego owocu Weight of single fruit	Liczba liści na roślinie Number of leaves per plant
Chandler	7,29	2,37*	-0,11	-0,59
Kent	7,86	-1,95	0,39*	-2,57*
Senga Sengana	-35,69**	-3,06*	-0,38*	-2,35*
Teresa	12,24*	-0,92	0,28	1,06
1387	8,29	3,56*	-0,18	4,46**

*, ** Efekty istotnie różne od zera odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$

*, ** Effects differ significantly from zero at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Tabela 4

Efekty krzyżowań odwrotnych
The effects of reciprocal crosses

Mieszkańce Hybrids	Plon owoców z rośliny Fruit yield per plant	Liczba owoców z rośliny Number of fruits per plant	Masa pojedynczego owocu Weight of single fruit	Liczba liści na roślinie Number of leaves per plant
Chandler $\times$ 1387	13,06	-0,56	0,25	4,21*
Kent $\times$ 1387	10,29	-4,03*	0,39*	-3,50
Kent $\times$ Chandler	16,77*	2,87	0,08	-3,30
S.Sengana $\times$ 1387	-64,10**	-7,90**	-0,46*	-2,34
S.Sengana $\times$ Chandler	-5,15	1,36	-0,12	-0,46
S.Sengana $\times$ Kent	-31,83**	-3,32	-0,32	-6,16**
Teresa $\times$ 1387	19,28*	2,54	0,11	-1,77
Teresa $\times$ Chandler	5,57	2,44	-0,12	-5,17*
Teresa $\times$ Kent	35,13**	6,34**	-0,10	-3,10
Teresa $\times$ S.Sengana	-18,01*	-1,80	-0,14	3,22

*, ** Efekty istotnie różne od zera odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$

*, ** Effects differ significantly from zero at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Korzystnym oddziaływaniem w kierunku zwiększenia liczby owoców z rośliny charakteryzował się klon hodowlany nr 1387 oraz odmiana Chandler. Najwyższe dodatnie efekty specyficznej wartości kombinacyjnej pod względem tej cechy uzyskały mieszkańce: Chandler $\times$ Teresa i 1387 $\times$ Senga Sengana. W przypadku tego ostatniego mieszkańca

oszacowano również największy istotny efekt krzyżowania odwrotnego pod względem trzech badanych cech (tab. 4). Ocena efektów krzyżowań odwrotnych 11 form rodzicielskich badanych przez Żurawicza (1990) wykazała, że mieszańce o rodowodzie Senga Sengana $\times$ Dukat odznaczają się istotnie wyższą plennością i liczebnością owoców z rośliny niż mieszańce otrzymane z krzyżowania w kierunku przeciwnym.

Ważną cechą plonotwórczą u truskawki jest masa pojedynczego owocu. Najwyższą wartość tej cechy stwierdzono w potomstwie Teresa $\times$ Kent (6,90 g), a najniższą w potomstwie 1387 $\times$ Senga Sengana (4,78 g). Oszacowania GCA wskazują na dodatni efekt u odmiany Kent, zaś dla pozostałych odmian jest on nieistotny. Istotnie dodatnią wartość SCA oszacowano u mieszańców Kent $\times$ Teresa i Chandler $\times$ Senga Sengana (tab. 5). Na podstawie analizy krzyżowań odwrotnych stwierdzono istotny dodatni efekt w przypadku potomstwa Kent $\times$ 1387, natomiast u mieszańców Senga Sengana $\times$ 1387 był on istotnie ujemny. W badaniach przeprowadzonych przez Żebrowską (2003), najwyższy dodatni efekt GCA dotyczący plonu z rośliny i średniej masy pojedynczego owocu obserwowano w potomstwie klonu matecznego 150 Ms. Ujemną wartość GCA oszacowano dla potomstwa klonu matecznego 74 Ms w odniesieniu do dziedziczenia plonu i wielkości owoców.

Tabela 5

Efekty swoistej zdolności kombinacyjnej truskawki
The effects of specific combining ability in strawberry

Mieszańce Hybrids	Plon owoców z rośliny Fruit yield per plant	Liczba owoców z rośliny Number of fruits per plant	Masa pojedynczego owocu Weight of single fruit	Liczba liści na roślinie Number of leaves per plant
1387 $\times$ Teresa	-14,75*	-1,81	-0,11	0,99
1387 $\times$ S. Sengana	24,50**	2,28*	0,11	1,87
1387 $\times$ Kent	-4,56	-0,45	0,07	0,45
1387 $\times$ Chandler	-5,18	-0,03	-0,07	-3,32**
Chandler $\times$ Kent	-14,80*	-1,28	-0,21*	-0,69
Chandler $\times$ S. Sengana	8,79	-1,23	0,37**	3,18**
Chandler $\times$ Teresa	11,18	2,54*	-0,08	0,84
Kent $\times$ S. Sengana	-8,75	0,69	-0,26*	-1,49
Kent $\times$ Teresa	28,11**	1,03	0,41**	1,73
S. Sengana $\times$ Teresa	-24,55**	-1,75	-0,21*	-3,56**

*, ** Efekty istotnie różne od zera odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$

*, ** Effects differ significantly from zero at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Liczba liści na roślinie u badanych mieszańców wahała się od 37,60 w kombinacji Kent $\times$ Senga Sengana do 58,47 w przypadku Teresa $\times$ 1387. Jak podają Szczygiel i wsp. (1999), u truskawki liczba liści na roślinie zależy od warunków wzrostu oraz odmiany i może sięgać nawet 100.

WNIOSKI

1. Wykazano istotne zróżnicowanie GCA, SCA i RE mieszańców truskawki pod względem masy pojedynczego owocu oraz wigoru roślin.

2. Oceniane genotypy wykazywały zarówno dodatnie, jak i ujemne efekty ogólnej wartości kombinacyjnej. U odmiany Teresa wystąpiły istotne dodatnie efekty GCA dla plonu owoców z rośliny (12,24), natomiast w przypadku średniej liczby owoców, wartość GCA była ujemna (-0,92).
3. Na podstawie uzyskanych wyników, stwierdzono ujemne oddziaływanie odmiany Senga Sengana na wszystkie analizowane cechy.
4. Dodatnie efekty SCA dla większości badanych cech wystąpiły w przypadku kombinacji Kent × Teresa i Teresa × Kent. Wskazane są dalsze prace nad oceną przydatności tych mieszańców w celu otrzymania nowych odmian.
5. Analizując wyniki krzyżowań odwrotnych, stwierdzono istotność oddziaływań materiału genetycznego zawartego w cytoplazmie na badane cechy, zwłaszcza w przypadku plonu i liczby owoców z rośliny.

LITERATURA

- Aalders L. E., Craig D. L. 1968. General and specific combining ability in seven inbred strawberry lines. Can. J. Gen. Cyt. 10: 1 — 6.
- Aalders L. E., Craig D.L. 1974. Analysis of fruit yield and related factors in a diallel of seven inbred strawberry clones. Can. J. Gen. Cyt. 16: 381 — 387.
- Coman M. S., Popescu A. N. 1997. Inheritance of some strawberry quantitative traits. Acta Hort. 439, Vol. 1: 81 — 88.
- Gawroński J., Hortyński J., Czernaś J., Żebrowska J. 2004. Analiza terminu zakwitania roślin i dojrzewania owoców potomstw mieszańcowych truskawki (*Fragaria* × *ananassa* Duch.). Folia Univ. Agric. Stetin. 240 (96): 59 — 64.
- Hortyński J. A. 1987. Dziedziczenie niektórych cech ilościowych truskawki (*Fragaria* × *ananassa* Duch.). Metody i problemy oszacowań. AR, Lublin: 1 — 98.
- Masny A., Żurawicz E. 2002. Zdolność kombinacyjna wybranych genotypów truskawki w hodowli odmian powtarzających owocowanie. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. z. 488: 477 — 485.
- Szczygieł A., Pierzga K. 1999. Truskawka. Hortpress, Warszawa.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński S. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych w hodowli roślin. Wyd. SGGW — AR. Warszawa.
- Żebrowska J.I. 2003. Combining ability effects in the progeny of male sterile strawberry — (*Fragaria* × *ananassa* Duch.). Ann. Univ. Mariae Curie-Skłodowska sec. EEE, Hortic. vol. XIII: 249 — 255.
- Żurawicz E. 1990. Odziedziczalność najważniejszych cech użytkowych truskawki (*Fragaria* × *ananassa* Duch.). Wyd. Inst. Sadow. Kwiat., Skierniewice: 1 — 59.

STANISŁAW PLUTA ¹
WIESŁAW MĄDRY ²
EDWARD ŻURAWICZ ¹
MARCIN KOZAK ²

¹ Instytut Sadownictwa i Kwiaciarnictwa, ul. Pomologiczna Skierniewice

² Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, Warszawa

Analiza statystyczna zależności plonu owoców u porzeczki czarnej (*Ribes nigrum* L.) od dwóch składowych multiplikatywnych

Statistical assessment of determination of fruit yield in blackcurrant (*Ribes nigrum* L.) by two multiplicative yield components

W pracy przedstawiono wyniki uwarunkowania plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej od dwóch multiplikatywnych składowych plonu (liczby owoców na krzewie (szt.) i średniej masy owocu (g), w obrębie zmienności genetycznej oraz łącznie środowiskowej i osobniczej, przy wykorzystaniu sekwencyjnej analizy składowych plonu (SYCA). Badania przeprowadzono na krzewach 14 genotypów w doświadczeniu polowym, założonym jesienią 1996 roku w Sadzie Doświadczalnym Instytutu Sadownictwa i Kwiaciarnictwa (ISK) w Dąbrowicach /k Skierniewic. Obserwacje plonu owoców na krzewie i jego dwóch multiplikatywnych wykonano w latach 1998–2001. Sekwencyjna analiza składowych plonu wykazała, że liczba owoców na krzewie determinowała od 50 do 90% genotypowej zmienności plonu, zależnie od warunków pogodowych w latach badań. Średnia masa owocu determinowała tylko od 6% do 24% tej zmienności plonu. Stwierdzone relacje w uwarunkowaniu środowiskowej zmienności plonu owoców na roślinie badanych genotypów przez obie składowe plonu były podobne do tych wykazanych dla genotypowej zmienności plonu owoców. Liczba owoców na roślinie warunkowała od 72 do 96% środowiskowej zmienności plonu, zaś średnia masa owocu warunkowała tylko od 3 do 20% tej zmienności plonu badanych genotypów.

Słowa kluczowe: porzeczka czarna, *Ribes nigrum* L., multiplikatywne składowe plonu, sekwencyjna analiza składowych plonu (SYCA), plon owoców na roślinie, liczba owoców na roślinie, średnia masa owocu

Results of studies on determination of blackcurrant fruit yield per plant by two multiplicative yield components (number of fruits per plant and mean fruit weight) are presented. The genetic as well as joint environmental and individual variability was considered. A field experiment with 14 genotypes (15 plants per genotype) was established at the Experimental Orchard of the Research Institute of Pomology and Floriculture (RIPF) in Dąbrowice, near Skierniewice, in 1996. Measurements of the fruit yield per plant and its two multiplicative components were performed in 1998–2001. The sequential yield component analysis (SYCA) has shown that the number of fruits per plant had determined 50% to 90% of genotypic variability of the fruit yield, depending on weather conditions in the years of

investigation. Mean fruit weight determined only 6% to 24% of genotypic variability of the fruit yield. The relations found in determining the environmental variability pattern for both yield components were similar to those detected for the genotypic variability. The number of fruits per plant determined 72% to 96% of the environmental variability of fruit yield, whereas the mean fruit yield determined only 3% to 20% of this variability among the examined genotypes.

Key words: blackcurrant, *Ribes nigrum* L., multiplicative yield components, sequential yield component analysis (SYCA), fruit yield per plant, fruit number per plant, mean fruit weight

WSTĘP

Plon owoców u porzeczek czarnej (na roślinie lub na jednostce powierzchni) jest cechą ilościową uwarunkowaną zarówno przez czynniki genetyczne, jak i środowiskowe. Wszystkie te czynniki wpływają na plon owoców poprzez wpływ na plonotwórcze cechy roślin, mające określone znaczenie w kształtowaniu plonu w trakcie całej ontogenezy. Zatem, ocena zależności plonu od cech plonotwórczych roślin uprawnych, w tym porzeczek czarnej, wzbogaca wiedzę o mechanizmach biologicznych warunkujących plonowanie roślin. Ta wiedza może mieć duże znaczenie zarówno naukowe, jak i praktyczne w hodowli twórczej i uprawie roślin (Fraser i Eaton, 1983; Kang, 1994, 2003; Rozbicki, 1997; Mądry i in., 2005). Cechy plonotwórcze roślin są zwykle nazywane składowymi plonu. Najczęściej rozpatruje się składowe plonu w sensie szerokim, to znaczy każdą plonotwórczą cechę roślin traktuje się jako składową plonu (Eaton i McPherson, 1978; Fraser i Eaton, 1983; Yadav i in., 1994; Mądry i in., 2005). Rozpatruje się także składowe plonu w sensie wąskim, jako multiplikatywne składowe plonu, to znaczy takie cechy plonotwórcze roślin, których iloczyn obserwacji stanowi plon na roślinie lub jednostce powierzchni (Fraser i Eaton 1983; Sparnaaij i Bos, 1993; Piepho, 1995; Gołaszewski, 1996; Kozak, 2002; Board i in., 2003; Kozak i Mądry, 2006).

U jagodowych roślin sadowniczych, w tym także porzeczek czarnej, zwykle rozpatruje się składowe plonu w sensie szerokim (Lacey 1973; Webb 1976 a, b; Strik i Proctor, 1988; Freeman i in., 1989; Baumann i in., 1993; Cortell i Strik, 1997; Panteyev i Korolenko, 2000; Mądry i in., 2003, 2005). U porzeczek czarnej plon owoców na roślinie można traktować jako iloczyn następujących składowych multiplikatywnych: liczby pędów owoconośnych na roślinie, średniej liczby owoców w owocostanie na roślinie, średniej liczby owoców na pędzie owoconośnym na roślinie i średniej masy owocu. Drugim, prostszym pod względem wymogów eksperymentalnych i interpretacyjnych, ujęciem plonu owoców na roślinie porzeczek czarnej jest traktowanie go jako iloczynu tylko dwóch składowych, tj. liczby owoców na roślinie oraz średniej masy owocu. Składowe plonu w każdym z dwóch podejść są uszeregowane według ontogenetycznej kolejności ich kształtowania się w procesie tworzenia plonu na roślinie. Są one wzajemnie skorelowane i zwykle dodatkowo skorelowane z plonem owoców na roślinie porzeczek czarnej.

Celem badań w niniejszej pracy była analiza zależności plonu owoców na roślinie porzeczek czarnej od dwóch multiplikatywnych składowych plonu, tj. liczby owoców na roślinie oraz średniej masy owocu, w obrębie zmienności genetycznej, środowiskowej i osobniczej, za pomocą sekwencyjnej analizy składowych plonu (SYCA).

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny

Badania były wykonane na 4–7 letnich krzewach porzeczki czarnej w pełni owocowania, rosnących w doświadczeniu odmianowo-porównawczym, założonym jesienią 1996 roku w Sadzie Doświadczalnym w Dąbrowicach k/ Skierniewic. W doświadczeniu, założonym w układzie losowanych bloków w 3 powtórzeniach z 5 roślinami na każdym poletku, oceniano 14 genotypów; w tym 8 odmian zróżnicowanych pod względem cech użytkowych i pochodzących z różnych rejonów geograficznych Europy (Pluta, 1994, 1996; Pomologia — aneks, 2003) oraz 6 klonów hodowli ISK. Badania i obserwacje prowadzono w latach 1998–2001.

Pomiary i obserwacje

W każdym roku badań wykonano pomiary na 210 roślinach w doświadczeniu (14 genotypów $\times$ 15 roślin). Na każdej roślinie dokonano pomiarów plonu owoców (Y) i masy 100 owoców (na podstawie próby reprezentatywnej 100 owoców wybranych losowo z plonu każdej rośliny). Dwie multiplikatywne składowe plonu owoców na roślinie uzyskano za pomocą następującej metody obliczeń. Liczbę owoców na roślinie (sztuk/krzew), K_1 , obliczono z ilorazu plonu owoców zebranego z rośliny i średniej masy owocu, (g), K_2 , uzyskanej z podzielenia masy 100 owoców przez 100.

Sekwencyjna analiza składowych plonu (SYCA)

Sekwencyjna analiza składowych plonu (SYCA) jest metodą opartą na pewnym zastosowaniu teorii analizy liniowej regresji wielokrotnej, wzorowanym na analizie regresji krokowej. Jest ona tak opracowana, aby oceniać odrębny wpływ sekwencyjnych składowych plonu (w szerokim i wąskim sensie) na plon, zgodnie z kolejnością ich kształtowania w ontogenezie roślin. Odrębny wpływ danej składowej plonu na plon, określony w kategoriach sekwencyjnej analizy składowych plonu, jest rozumiany jako dodatkowy (względny) wpływ tej składowej, po uwzględnieniu wpływu wcześniej wykształconych składowych plonu. Zatem, sekwencyjna analiza składowych plonu w wymieniony sposób określa (opisuje) ilościowo uwarunkowanie plonu roślin przez jego sekwencyjne składowe (Eaton i Kyte, 1978; Gołaszewski, 1996; Mądry i Kozak, 2000; Mądry i in., 2003, 2005). W tej metodzie zakłada się, że plon (Y) i jego składowe w szerokim lub wąskim sensie ($X_1, X_2, \dots, X_k$) są opisane matematycznie przez wektor wzajemnie skorelowanych zmiennych losowych ($Y, X_1, X_2, \dots, X_k$) o wielowymiarowym rozkładzie normalnym lub do niego zbliżonym. Kolejne składowe plonu są zapisywane zgodnie z kolejnością ich wykształcania się w trakcie ontogenezy roślin. Zgodnie ze statystyczną teorią analizy regresji, przyjmuje się, że wektor zmiennych losowych ($Y, X_1, X_2, \dots, X_k$) o rozkładzie zbliżonym do normalnego, realizuje się w badanej populacji jednostek doświadczalnych lub obserwacyjnych (pojedynczych roślin w łanie, poletek, łanów produkcyjnych itp.), których zmienność jest warunkowana przez przyczyny środowiskowe i (lub) genetyczne. Założenie to pozwala wykluczyć ekstremalne obserwacje (obserwacje odstające) w uzyskanych danych z materiału badawczego. Obserwacje odstające mogą pojawić się zwłaszcza w badaniach uprawowych, z powodu niekorzystnych warunków siedliskowych i/lub agrotechnicznych.

W celu oceny względnego wpływu składowych plonu na plon roślin, niezależnego od wpływu poprzedzających ją w ontogenezie badanych cech plonotwórczych, w sekwencyjnej analizie składowych plonu stosuje się ortogonalizację Grama-Schmidta (Winer, 1971; Bock, 1975; Bonney i Kissling, 1986; Kozak, 2002). W ten sposób uzyskuje się $(k+1)$ — wymiarowy wektor plonu oraz k ortogonalnych składowych plonu, oznaczony jako $(Y, Z_1, Z_2, \dots, Z_k)$. W następnym kroku, ten wektor wzajemnie ortogonalnych (nie skorelowanych) zmiennych standaryzuje się według zmiennej standaryzowanej Z . Dla wektora zmiennych standaryzowanych stosuje się analizę liniowej regresji wielokrotnej. Estymuje się cząstkowe współczynniki regresji (współczynniki ścieżek, p_i) oraz testuje się hipotezę ogólną o braku liniowej zależności między plonem a jednocześnie wszystkimi ortogonalnymi składowymi plonu. Sprawdza się także hipotezy szczegółowe o braku liniowego wpływu każdej i -tej ($i=1,2,\dots,k$) ortogonalnej składowej plonu na plon (Neter i in., 1990). Współczynniki ścieżek, p_i , dla każdej i -tej ortogonalnej składowej plonu są porównywalną miarą kierunku (dodatniego lub ujemnego) i wielkości liniowego względnego (dodatniego) wpływu i -tej rzeczywistej składowej plonu na plon, po uwzględnieniu wpływu na plon poprzedzających ją w ontogenezie ($i-1$) składowych plonu. Kwadrat współczynnika ścieżki, czyli p_i^2 stanowi współczynnik determinacji plonu przez i -tą składową plonu po uprzednim wyłączeniu wpływu na plon poprzedzających ją ($i-1$) składowych plonu. Ten współczynnik determinacji nazywany jest udziałem i -tej składowej plonu w zmienności plonu.

Jeden rodzaj analizy składowych plonu za pomocą metody SYCA wykonano w celu oceny uwarunkowania środowiskowej zmienności plonu owoców na roślinie porzeczkii czarnej przez dwie sekwencyjne, multiplikatywne składowe plonu K_1 i K_2 , oddzielnie dla każdego genotypu. W tych analizach składowych plonu, przyjmujemy założenie, że rośliny oceniane w doświadczeniu pod względem wymienionych cech, są próbą reprezentatywną z nieskończenie licznej populacji roślin o danym genotypie (danego klonu), której liczebność wynosiła 15 dla każdego genotypu. W związku z powtarzaniem obserwacji na tych samych roślinach w czterech latach badań, liczba obserwacji (jednostek obserwowanych) dla każdego genotypu wynosiła 60 (4 lata $\times$ 15 roślin). Te jednostki obserwacyjne podlegają zmienności (różnorodności) osobniczej i środowiskowej, spowodowanej przez warunki pogodowe w latach i błąd doświadczalny. Uzyskane wyniki z wymienionych analiz dla 14 genotypów opisują środowiskowe uwarunkowanie zmienności plonu owoców przez te dwie składowe w populacjach roślin porzeczkii czarnej o różnych genotypach (odmianach i klonach).

Drugi rodzaj analizy składowych plonu za pomocą metody SYCA wykonano w celu oceny uwarunkowania genotypowej zmienności plonu owoców na roślinie przez składowe plonu K_1 i K_2 , oddzielnie dla każdego roku badań. W tych analizach SYCA przyjmujemy założenie, że badane w doświadczeniu odmiany i klony hodowlane są w przybliżeniu próbą reprezentatywną z populacji hodowlanej genotypów porzeczkii czarnej, zaadaptowanych do warunków Polski. Liczebność próby obserwowanych roślin w każdym roku pod względem wymienionych cech wynosiła 210 (14 genotypów $\times$ 15 roślin). Charakter ocenianych zależności cech roślin jest w dużym stopniu genotypowy (zależności

genotypowe). Wobec tego wyprowadzone wnioski mogą mieć znaczenie hodowlane i wzbogacać podstawową wiedzę genetyczno-hodowlaną tego gatunku roślin.

WYNIKI I DYSKUSJA

Zależność plonu owoców od dwóch składowych multiplikatywnych

Metoda SYCA dla genotypów w obrębie zmienności środowiskowej

Zróżnicowanie genotypów pod względem średniej oraz współczynnika zmienności dla plonu owoców na roślinie oraz obu składowych multiplikatywnych było bardzo duże (tab. 1).

Tabela 1

Charakterystyka zmienności środowiskowej plonu owoców na roślinie (Y) porzeczki czarnej i jego składowych multiplikatywnych (K_1 i K_2) dla 14 genotypów (liczba obserwacji dla każdego genotypu, $n = 60$)
Characterization of the environmental variation in the blackcurrant fruit yield per plant (Y) and its multiplicative components (K_1 and K_2) for 14 genotypes, (number of observations of each genotype, $n = 60$)

Odmiana lub klon Cultivar or clone	Średnia Mean			Odchylenie standardowe Standard deviation			Współczynnik zmienności ¹ Coefficient of variation		
	K_1	K_2	Y	K_1	K_2	Y	K_1	K_2	Y
Ojebyn	1004,9	0,82	741,7	772,4	0,17	451,4	77	21	61
Ben Lomond	834,6	0,95	689,0	569,4	0,29	355,8	68	30	52
Titania	1670,5	1,01	1683,6	431,3	0,15	452,8	26	15	27
Lentaj	1290,7	1,48	1832,2	807,4	0,26	1091,1	63	17	60
Sjuta Kijev.	1238,2	1,40	1718,7	786,2	0,24	1182,9	63	17	69
Czeresznieva	1294,3	1,19	1466,2	809,5	0,19	753,8	63	16	51
Czornyj Ż.	680,2	1,12	693,6	448,0	0,21	379,0	66	18	55
Sanjuta	1097,1	1,29	1453,6	607,8	0,22	933,9	55	17	64
PC 1	2717,9	1,03	2540,4	1315,9	0,25	744,5	48	25	29
PC 3	1446,2	0,81	1142,9	446,6	0,11	340,8	31	14	30
PC 8	867,8	0,93	746,4	517,5	0,18	316,1	60	20	42
PC 9	1559,2	0,74	1104,7	786,1	0,09	460,1	50	13	42
PC 20	1529,8	0,93	1404,2	404,0	0,22	388,9	26	24	28
PC 26	1014,7	1,01	989,1	492,0	0,15	434,9	48	15	44

Y — Plon owoców na roślinie, K_1 — Liczba owoców na roślinie w szt., K_2 — Średnia masa owocu w g

Y — Fruit yield per plant, K_1 — Number of fruits per plant, K_2 — Mean fruit weight in g

¹ Współczynnik zmienności (CV); Coefficient of variation (CV) $CV = \frac{S \times 100\%}{\bar{X}}$; $\bar{X}$ — średnia; mean

S — Odchylenie standardowe; S — Standard deviation

Współczynniki zmienności dla plonu owoców na roślinie i liczby owoców na roślinie wszystkich genotypów były kilkakrotnie większe, niż dla średniej masy owocu, jako drugiej składowej plonu. Także współczynniki zmienności dla pierwszej składowej plonu były bardziej zróżnicowane między genotypami, niż dla plonu i jego drugiej składowej. Wskazuje to, że pierwsza składowa plonu podlega zmienności środowiskowej, której stopień jest większy i bardziej zróżnicowany dla genotypów, w stosunku do drugiej z tych zmiennych. Jest to ilustracją interakcji genotypowo-środowiskowej.

Na podstawie uzyskanych wyników za pomocą sekwencyjnej analizy składowych plonu stwierdzono, że liniowa zależność plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej od

jego obu multiplikatywnych składowych wyjaśniała ponad 90% środowiskowej zmienności plonu wszystkich genotypów (tab. 2).

Tabela 2

Wyniki sekwencyjnej analizy multiplikatywnych składowych plonu owoców porzeczki czarnej na roślinie dla 14 genotypów w obrębie zmienności środowiskowej (liczba obserwacji dla każdego genotypu, n = 60)

Results of sequential multiplicative yield component analysis of blackcurrant fruit yield per plant for 14 genotypes within environmental variation (number of observations of each genotype, n = 60)

Odmiana lub klon Cultivar or clone	Liczba owoców na roślinie Number of fruits per plant (K_1)		Średnia masa owocu Mean fruit weight (K_2)		Współczynnik determinacji wielokrotnej Multiple coefficient of determination
	$p_i^{(1)}$	$p_i^{(2)}$	$p_i^{(1)}$	$p_i^{(2)}$	R^2 (%)
Ojebyn	0,93**	87,4	0,26**	6,9	94,21
Ben Lomond	0,94**	87,6	0,21**	4,5	92,07
Titania	0,88**	78,5	0,44**	19,8	98,26
Lenta	0,98**	96,2	0,16**	2,4	98,58
Sjuta Kijevskaja	0,94**	88,7	0,30**	8,9	97,58
Czeresznieva	0,89**	79,7	0,32**	10,5	90,21
Czornyj Żemczug	0,96**	92,6	0,17**	3,0	95,58
Sanjuta	0,94**	87,7	0,31**	9,9	97,65
PC 1	0,85**	72,1	0,42**	17,5	89,59
PC 3	0,91**	82,6	0,38**	14,2	96,76
PC 8	0,95**	90,4	0,25**	6,4	96,72
PC 9	0,96**	92,3	0,23**	5,5	97,77
PC 20	0,63**	40,2	0,74**	54,4	94,59
PC 26	0,96**	91,7	0,24**	5,8	97,44

(1) — Współczynniki ścieżek; Path coefficients

(2) — Udział składowych plonu w zmienności plonu owoców %; Contribution of yield components to variation of fruit yield %

** Współczynniki ścieżek istotnie różne od zera przy poziomie istotności $\alpha = 0,01$; Path coefficients significantly different from zero at the $\alpha = 0.01$ level

Zatem, dopasowanie modelu liniowego regresji wielokrotnej do zależności multiplikatywnej było bardzo dobre. Uzyskane wyniki o znaczeniu każdej składowej w uwarunkowaniu środowiskowej zmienności plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej dobrze odzwierciedlają badane zależności przyczynowo-skutkowe. Podobnie dobre dopasowanie modelu liniowego do multiplikatywnej zależności plonu roślin od jego składowych stwierdzili Gołaszewski (1996) i Kozak (2002). Decydującą o plonie owoców na roślinie każdego badanego genotypu, z wyjątkiem klonu PC 20, była pierwsza składowa multiplikatywna, tj. liczba owoców na roślinie. Warunkowała ona od 72 do 96% zmienności plonu owoców na roślinie badanych genotypów. Jej dominujący wpływ na plon współistniał z jej relatywnie dużą zmiennością (tab. 1). Natomiast średnia masa owocu, stanowiąca drugą składową plonu, warunkowała tylko od 3 do 20% zmienności plonu owoców na roślinie badanych genotypów, współistniejąc z jej relatywnie małą zmiennością. Natomiast, uwarunkowanie zmienności środowiskowej plonu owoców na roślinie klonu PC 20 było odmienne, niż u pozostałych genotypów. Każda składowa multiplikatywna tego genotypu warunkowała podobną część (około 50%) zmienności plonu owoców na roślinie. Podobny udział obu składowych w zmienności środowiskowej

plonu owoców na roślinie klonu PC 20 współistniał z podobną zmiennością każdej z nich (podobne współczynniki zmienności, tab. 1).

Metoda SYCA dla lat badań w obrębie zmienności genotypowej

Stwierdzono podobne relacje zmienności genotypowej plonu i jego składowych w poszczególnych latach prowadzenia badań, jak dla zmienności środowiskowej genotypów. Zróżnicowanie średniej plonu owoców na roślinie oraz obu składowych multiplikatywnych w latach było bardzo duże (tab. 3). Współczynniki zmienności dla plonu owoców na roślinie i liczby owoców na roślinie w latach badań (oprócz roku 2000) były znacznie większe, niż dla drugiej składowej plonu. Współczynniki zmienności dla wszystkich trzech cech roślin były znacznie zróżnicowane w latach.

Tabela 3

Charakterystyka zmienności genotypowej plonu owoców na roślinie (Y) porzeczki czarnej i jego składowych multiplikatywnych (K_1 i K_2) w latach 1998–2001 (liczba obserwowanych roślin w każdym roku, $n = 210$)

Characterization of the genetic variation for the blackcurrant fruit yield per plant (Y) and its multiplicative components (K_1 and K_2) in 1998–2001 (number of observed plants in each year, $n = 210$)

Lata badań Years	Średnia Mean			Odchylenie standardowe Standard deviation			Współczynnik zmienności ¹ Coefficient of variation		
	K_1	K_2	Y	K_1	K_2	Y	K_1	K_2	Y
1998	378,17	0,87	327,00	122,64	0,13	103,96	32	15	32
1999	1211,99	1,05	1275,19	471,88	0,20	573,08	39	19	45
2000	1934,44	0,94	1781,48	944,56	0,35	972,31	49	37	55
2001	840,78	1,16	900,14	608,25	0,28	582,56	72	24	65

Y – plon owoców na roślinie, K_1 – liczba owoców na roślinie w szt., K_2 – średnia masa owocu w g,

Y – fruit yield per plant, K_1 – number of fruits per plant, K_2 – mean fruit weight in g

¹ Współczynnik zmienności (CV); Coefficient of variation (CV) $CV = \frac{S \times 100\%}{sr.}$;

sr. – średnia; mean

S – Odchylenie standardowe; S – Standard deviation

Podobnie, jak w analizie SYCA dla pojedynczych genotypów w obrębie zmienności środowiskowej, stwierdzono, że liniowa zależność plonu owoców od obu jego multiplikatywnych składowych wyjaśniała ponad 95% genotypowej zmienności plonu we wszystkich latach badań (tab. 4).

Decydującą o plonie owoców na roślinie w populacji genotypów w każdym roku badań, z wyjątkiem roku 2000, była liczba owoców na roślinie. Determinowała ona od 73 do 90% zmienności genotypowej plonu, zależnie od warunków pogodowych w latach 1998, 1999 i 2001. Natomiast w roku 2000 ta składowa plonu warunkowała około 50% zmienności plonu. Natomiast średnia masa 100 owoców, jako druga składowa plonu, determinowała tylko od 6 do 24% genotypowej zmienności plonu w latach 1998, 1999 i 2001, zaś w roku 2000, wyjaśniała ona około 50% zmienności plonu. Podobny udział obu składowych w zmienności genotypowej plonu wynikał z podobnej zmienności każdej z nich (podobne współczynniki zmienności, tab. 4)

Tabela 4

Wyniki sekwencyjnej analizy multiplikatywnych składowych plonu owoców porzeczki czarnej na roślinie w latach 1998–2001 w obrębie zmienności genotypowej, (liczba obserwowanych roślin w każdym roku, n = 210)

Results of sequential multiplicative yield component analysis of blackcurrant fruit yield per plant in 1998–2001 within genotypic variation, (number of observed plants in each year, n = 210)

Lata badań Years		Składowe plonu Yield components		Współczynnik determinacji wielokrotnej Multiple coefficient of determination
		Liczba owoców na roślinie (K_1) Number of fruits per plant (K_1)	Średnia masa owocu (K_2) Mean fruit weight (K_2)	R^2 (%)
1998	$p_i^{(1)}$	0,86**	0,49**	97,62
	$p_i^{2(2)}$	73,20	24,42	
1999	$p_i^{(1)}$	0,90**	0,40**	97,74
	$p_i^{2(2)}$	81,36	16,38	
2000	$p_i^{(1)}$	0,70**	0,68**	95,40
	$p_i^{2(2)}$	49,34	46,06	
2001	$p_i^{(1)}$	0,95**	0,25**	96,23
	$p_i^{2(2)}$	89,94	6,29	

(1) — Współczynniki ścieżek; Path coefficients

(2) — Udział składowych plonu w zmienności plonu owoców %; Contribution of yield components to variation of fruit yield %

** Współczynniki ścieżek istotnie różne od zera przy poziomie istotności $\alpha = 0,01$; Path coefficients significantly different from zero at the $\alpha = 0.01$ level

WNIOSKI

1. Decydującą o genotypowej zmienności plonu owoców na roślinie porzeczki czarnej jest liczba owoców na roślinie, która determinuje znacznie powyżej połowy tej zmienności plonu w różnych warunkach pogodowych w latach badań — średnia masa owocu warunkuje niewielką część, tj. poniżej jednej czwartej genotypowej zmienności plonu owoców badanego gatunku roślin,
2. Podobnie jest uwarunkowana środowiskowa zmienność plonu owoców na roślinie badanych genotypów porzeczki czarnej przez jego obie składowe multiplikatywne — liczba owoców na roślinie warunkuje powyżej trzech czwartych środowiskowej zmienności plonu owoców na roślinie rozpatrywanych genotypów, zaś średnia masa owocu warunkuje bardzo niewielką, tj. znacznie poniżej jednej czwartej środowiskowej zmienności plonu owoców tych genotypów.

LITERATURA

- Baumann T. E.; Eaton G.W.; Spaner D. 1993. Yield components of day-neutral and short-day strawberry varieties on raised beds in British Columbia. HortScience 28 (9): 891 — 894.
- Board, J. E., Kang, M. S., Bodrero, M. L. 2003. Yield components as indirect selection criteria for late-planted soybean cultivars. Agronomy Journal 95: 420 — 429.
- Bonney G. E., Kissling G. E. 1986. Gram-Schmidt Orthogonalization of Multinormal Variates: Applications in Genetics. Biometrical Journal 28: 417 — 425.
- Bock R. D. 1975. Multivariate statistical methods in behavioural research. Toronto: McGraw-Hill.

- Cortell J. M.; Strik B. C. 1997. Effect of florican number in 'Marion' trailing blackberry. II. Yield components and dry mass partitioning. *Journal-of-the-American-Society-for-Horticultural-Science*. 122: 611 — 615.
- Eaton, G. W., Kyte, T. R. 1978. Yield component analysis in strawberry. *J. Am. Soc. Horticult. Sci.*, 103:578 — 583.
- Eaton G. W., McPherson E. A. 1978. Morphological components of yield in cranberry. *Horticultural Research* 17: 73 — 82.
- Fraser J., Eaton G. W. 1983. Applications of yield component analysis to crop research. *Field Crop Abstracts* 36:787 — 796.
- Freeman J. A., Eaton G. W., Baumann T. E., Daubeney H. A., Dale A. 1989. Primocane removal enhances yield component of raspberries. *Journal of the American Society of Horticultural Science* 114: 6 — 9.
- Gołaszewski J. 1996. A method of yield component analysis. *Biometrical Letters* 33: 79 — 88.
- Kang M. S. 1994. Applied quantitative genetics. Baton Rouge, LA: M.S. Kang Publication.
- Kang M. S. 2003. Formulas and software for plant geneticists and plant breeders. New York: Food Products Press.
- Kozak M. 2002. Statystyczna analiza uwarunkowania zmienności plonu roślin przez jego składowe. Praca doktorska, SGGW, Warszawa.
- Kozak M., Mądry W. 2006. Note on yield component analysis. *Cereal Res. Commun.* 34:933 — 940.
- Lacey C. N. D. 1973. Phenotypic correlations between vegetative characters and yield components in strawberry. *Euphytica* 22: 546 — 554.
- Mądry W., Kozak M. 2000. Analiza ścieżek i sekwencyjna analiza plonu w badaniach zależności plonu od cech łanu. Cz. I. Opis metod. *Rocz. N. Roln., Seria A*, 115:143 — 157.
- Mądry W., Kozak M., Pluta S., Żurawicz E. 2003. Zastosowanie sekwencyjnej analizy plonu w badaniach nad uwarunkowaniem zmienności plonu owoców porzeczki czarnej (*Ribes nigrum* L.) na roślinie przez cechy plonotwórcze. *Biul. IHAR* 226/227/1: 31 — 40.
- Mądry W., Kozak M., Pluta S., Żurawicz E. 2005. A New approach to sequential yield component analysis (SYCA): Application to fruit yield in blackcurrant (*Ribes nigrum* L.). *Journal of New Seeds*, 7: 85 — 107.
- Neter J., Wasserman W., Kutner M. H. 1990. Applied linear statistical models. Regression, analysis of variance and experimental designs. IRWIN, New York.
- Panteyev A. V., Korolenko A. V. 2000. Correlative relationships between the main yield components in black currant. *Plodowodstwo*. 13:116 — 118.
- Piepho H. P. 1995. A simple procedure for yield component analysis. *Euphytica* 84: 43 — 48.
- Pluta S. 1994. Analiza dialleliczna cech użytkowych porzeczki czarnej. Praca doktorska, ISK Skierniewice
- Pluta S. 1996. Zeszyty Pomologiczne. Porzeczki i Agrest. Wyd. ISK:1 — 89.
- Pomologia odmianoznawstwo roślin sadowniczych — aneks. 2003. Porzeczka czarna. Porzeczka czerwona. Agrest. Praca zbiorowa pod red. E. Żurawicza, PWRiL, Warszawa 2003: 165 — 173; 175 — 180; 182 — 188.
- Rozbicki J. 1997. Agrotechniczne uwarunkowania wzrostu, rozwoju i plonowania pszenżyta ozimego. Rozprawa habilitacyjna, Fundacja Rozwój SGGW, Warszawa.
- Sparnaaij L.D. and Bos I. 1993. Component analysis of complex characters in plant breeding. I. Proposed method for quantifying the relative contribution of individual components to variation of the complex character. *Euphytica* 70: 225 — 235.
- Strik B.C. and Proctor J.T.A. 1988. Yield component analysis of strawberry genotypes differing in productivity. *Journal of the American Society of Horticultural Science* 113: 124 — 129.
- Webb R. A. 1976 a. The components of yield in black currants. *Scientia Horticulturae*, 4: 247 — 254.
- Webb R. A. 1976 b. The influence of yield components on cultivar differences in black currants. *Scientia Horticulture*, 5:119 — 126.
- Winer B. J. 1971. Statistical principles in experimental design. New York: McGraw-Hill
- Yadav O. P., Manga V. K., Saxena M. B. L. 1994. Ontogenetic approach to grain production in pearl millet (*Pennisetum glaucum* L.) based on path-coefficient analysis. *Indian J. Agric. Sci.* 64: 233 — 236.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Tadeusz Śmiałowski	Wspomnienie. Prof. dr hab. Stanisław Węgrzyn	5
Zygmunt Kaczmarek	Propozycja metody grupowania obiektów jedno- i wielocechowych	9
Stanisław Czajka	z zastosowaniem odległości Mahalanobisa i analizy skupień	
Elżbieta Adamska	A proposed method for grouping uni- and multivariate treatments using Mahalanobis distance and cluster analysis	
Wiesław Pilarczyk	Ocena precyzji doświadczeń rejestrowych zbóż w Polsce	19
Anna Fraś	Estimation of the exactness of cereal variety testing program in Poland	
Anita Dobek	Problemy związane z testowaniem linii i rodów zbóż na wczesnych	29
Jan Bocianowski	etapach hodowli	
Ewa Bakinowska	Problems related to testing of cereal lines at early stages of plant	
Wiesław Pilarczyk	breeding	
Wojciech Mikulski		
Jacek Kaczmarek		
Krzysztof Ukalski	Badanie zmienności i współzależności cech użytkowych w kolekcji	35
Joanna Ukalska	roboczej pszenicy ozimej (<i>Triticum aestivum</i> L.) za pomocą metod	
Tadeusz Śmiałowski	wielowymiarowych	
Wiesław Mądry	Część I. Korelacje fenotypowe i genotypowe	
	An examination of diversity and interrelationships among traits in a	
	winter wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) germplasm collection by	
	multivariate methods	
	Part I. Phenotypic and genotypic correlations	
Joanna Ukalska	Badanie zmienności i współzależności cech użytkowych w kolekcji	45
Krzysztof Ukalski	roboczej pszenicy ozimej (<i>Triticum aestivum</i> L.) za pomocą metod	
Tadeusz Śmiałowski	wielowymiarowych	
Wiesław Mądry	Część II. Analiza składowych głównych na podstawie macierzy	
	korelacji fenotypowych i genotypowych	
	An examination of diversity and interrelationships among traits in a	
	winter wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.) germplasm collection by	
	multivariate methods	
	Part II. Principal component analysis using the phenotypic and	
	genotypic correlation matrix	
Tadeusz Śmiałowski	Analiza zmienności i korelacji ważnych cech technologicznych rodów	59
Stanisław Węgrzyn	i odmian pszenicy ozimej	
Maria Stachowicz	Variation and correlation analysis of important technological traits of	
	winter wheat cultivars and strains	
Tadeusz Drzazga	Wykorzystanie komponentów wariancyjnych plonu w seriach	67
Paweł Krajewski	doświadczeń przedrejestrowych z pszenicą ozimą	
	Utilization of yield variance components in series of pre-registration	
	winter wheat trials	
Władysław Kadłubiec	Ocena zmienności i współzależności cech rodów pszenicy ozimej	77
Rafał Kuriata	twardej. Komunikat	
Jarosław Bojarczuk	Estimation of variability and interrelationships among various traits in	
	durum wheat lines. Short communication	

Jerzy Drzewiecki Natalia D. Tikhenko Natalia V. Tsvetkova	Współdziałanie genomów pszenicy Chinese Spring i linii wsobnych żyta w pszenżycie na przykładzie ekspresji genów kodujących prolaminy ziarniaków Genomic interaction between Chinese Spring wheat and rye inbred lines on the basis of expression of genes encoding grain prolamins	85
Wanda Kociuba Aneta Kramek	Wewnątrzodmianowa zmienność cech użytkowych polskich odmian pszenżyta ozimego Intra-cultivar variability of useful traits of Polish winter triticale cultivars	101
Dariusz Gozdowski Wiesław Mądry	Charakterystyka i empiryczne porównanie prostej oraz złożonej analizy ścieżek w ocenie determinacji plonu roślin przez ich cechy plonotwórcze Część I. Prezentacja stosowanych metod Characteristics and empirical comparison of simple and complex path analysis in grain yield determination by yield - related traits Part I. Presentation of methods	109
Dariusz Gozdowski Wiesław Mądry Zdzisław Wyszynski Maria Kalinowska-Zdun	Charakterystyka i empiryczne porównanie prostej oraz złożonej analizy ścieżek w ocenie determinacji plonu roślin przez ich cechy plonotwórcze Część II. Przykład z jęczmieniem jarym Characteristics and empirical comparison of simple and complex path analysis in grain yield determination by yield - related traits Part II. Example on spring barley	125
Tadeusz Adamski Andrzej Bichoński Zdzisław Biliński Zbigniew Bystry Piotr Jarosz Dorota Jasińska Zygmunt Kaczmarek Karolina Krystkowiak Anetta Kuczyńska Wojciech Mikulski Barbara Nowak Wanda Orłowska-Job Zdzisław Paszkiewicz Michał Rębarz Maria Surma Anna Sybilska Renata Trzeciak	Interakcja genotypowo-środowiskowa rodów jęczmienia z różnych hodowli The genotype-environment interaction for barley lines from different breeding stations	133
Wojciech Rybiński Katarzyna Pankiewicz Jan Bocianowski Michał Rębarz	Analiza wybranych cech na poziomie fenotypowym i molekularnym u dwu- i wielorzędowych linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego (<i>Hordeum vulgare</i> L.) Analysis of some traits on phenotypic and molecular level for two- and multi-rowed doubled haploids of spring barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.)	141
Henryk Bujak Jarosław Nadziak	Wpływ różnych substancji aktywnych fungicydów na plonowanie odmian jęczmienia jarego o zróżnicowanej genetycznej odporności na mączniaka prawdziwego The effects of different active substances in fungicides on yielding of spring barley cultivars expressing diversified genetic base of resistance to powdery mildew	157

Maria Moś Tomasz Wójtowicz Andrzej Zieliński Magdalena Simlat Andrzej Binek	Czynniki modyfikujące kiełkowanie i wigor siewek nagoziarnistych i oplewionych odmian owsa Factors modifying germination of seeds and vigour of seedlings in naked and hulled oat cultivars	167
Elżbieta Adamska Zygmunt Kaczmarek Laurencja Szała Teresa Cegielska-Taras	Analiza zdolności kombinacyjnych linii DH rzepaku ozimego pod względem zawartości kwasów tłuszczowych Analysis of combining ability of winter oilseed rape DH lines in regard of the contents of fatty acids	177
Jan Bocianowski Alina Liersch Iwona Bartkowiak-Broda Wiesława Popławska	Charakterystyka samosiewów rzepaku ozimego (<i>Brassica napus</i> L.) za pomocą markerów RAPD Characteristics of winter oilseed rape (<i>Brassica napus</i> L.) volunteers with the use of RAPD markers	183
Leszek Domański Ewa Zimnoch-Guzowska	Ocena półrodzeństw i różnicowanie rodów ziemniaka pod względem masy kiełków formowanej w trakcie sezonu przechowalniczego Half-sib progeny evaluation and variability of potato breeding lines in respect to the mass of sprouts developed during storage season	193
Paweł Nowaczyk Marta Orlińska	Zmienność i współzależność wybranych cech kilku odmian karczocha (<i>Cynara scolymus</i> L.) Variability and correlations between some traits of globe artichoke cultivars (<i>Cynara scolymus</i> L.)	199
Halina Góral Maciej Ejsmond	Analiza zdolności kombinacyjnych i odziedziczalność cech plonotwórczych lnu oleistego (<i>Linum usitatissimum</i> L.) Combining ability analysis and heritability of yield components in linseed (<i>Linum usitatissimum</i> L.)	209
Wojciech Rybiński Jan Bocianowski Katarzyna Pankiewicz	Zróżnicowanie cech morfologicznych i plonotwórczych u indukowanych mutantów odmian lędźwianu siewnego (<i>Lathyrus sativus</i> L.) Variability of morphological and yield-contributing traits of grasspea (<i>Lathyrus sativus</i> L.) mutants	217
Elżbieta Kaczmarska	Efekty zdolności kombinacyjnej w potomstwie wybranych odmian truskawki (<i>Fragaria x ananassa</i> Duch.) Combining ability effects in the progeny of chosen strawberry cultivars (<i>Fragaria x ananassa</i> Duch.)	233
Stanisław Pluta Wiesław Mądry Edward Żurawicz Marcin. Kozak	Analiza statystyczna zależności plonu owoców u porzeczki czarnej (<i>Ribes nigrum</i> L.) od dwóch składowych multiplikatywnych Statistical assessment of determination of fruit yield in blackcurrant (<i>Ribes nigrum</i> L.) by two multiplicative yield components	241