



Linie grochu o poprawionej sztywności łodygi

Fot. Lech Boros

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 240/241/2006



Linie grochu o poprawionej sztywności łodygi. *Fot. Lech Boros*

RADZIKÓW 2006
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



KARPACZ 14-17. 06. 2005

KOMITET NAUKOWY SYMPOZJUM

prof. dr hab. EDWARD ARSENIUK
prof. dr hab. HENRYK CZEMBOR
prof.dr hab. JERZY HORTYŃSKI
prof. dr hab. JAN KACZMAREK
prof. dr hab. ZYGMUNT KACZMAREK
dr hab. prof. nadzw. AR WŁADYSŁAW KADŁUBIEC
prof. dr hab. WIESŁAW MĄDRY
prof. dr hab. STANISŁAW WĘGRZYN — przewodniczący

KOMITET ORGANIZACYJNY SYMPOZJUM

dr inż. HENRYK BUJAK
dr hab.prof. nadzw. WŁADYSŁAW KADŁUBIEC — przewodniczący
dr inż. Rafał Kuriata

TADEUSZ DRZAZGA**PAWEŁ KRAJEWSKI**¹

Hodowla Roślin Rolniczych — Nasiona Kobierzyc

¹ Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Analiza zależności plonu od wybranych cech użytkowych na podstawie doświadczeń hodowlanych z pszenicą ozimą

Dependence of yield on some agronomic traits in wheat breeding experiments

W pracy przedstawione są wyniki analizy współzależności pomiędzy plonem ziarna pszenicy ozimej a cechami użytkowymi takimi jak zimotrwałość, wczesność, wysokość roślin, masa 1000 ziaren oraz odporność na: wyleganie, mączniaka prawdziwego, rdzę brunatną, septoriozę plew i septoriozę liści. Do badań wykorzystano wyniki oceny rodów pszenicy ozimej w seriach doświadczeń wstępnych przeprowadzonych w latach 1991–2004. Najsilniejszą korelację z plonem, rosnącą w badanych latach i duży wpływ bezpośredni stwierdzono dla zimotrwałości. Istotny wpływ przezimowania na plonowanie badanych rodów w danym środowisku był połączony z wysokim udziałem środowiska w interakcji genotypowo-środowiskowej. Istotny wpływ na plonowanie miały też odporność na wyleganie i na septoriozę liści. Pozostałe choroby liści, tj. mączniak prawdziwy i rdza brunatna, nie miały bezpośredniego wpływu na plonowanie rodów pszenicy ozimej. Ujemne korelacje z plonem stwierdzono jedynie dla liczby dni do kłoszenia. Przedstawione wyniki mogą służyć jako wskazówki dotyczące wyboru właściwych metod selekcji ukierunkowanej na uzyskanie genotypów o coraz lepszej wartości gospodarczej.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, plon, pszenica ozima, współzależności cech

The paper describes results of analysis of correlations between grain yield of winter wheat and the following traits: winterhardiness, earliness, plant height, lodging, 1000 grain weight and resistance to main pathogens, obtained from the series of pre-registration trials conducted in the years 1991–2004. The most significant correlation with yield, which has increased over the years, was discovered for winterhardiness. It was noted that significant correlation of yield and winterhardiness is often linked with high contribution of the locality to the total genotype by environment interaction. The effect of lodging and resistance to leaf septoria on yield was also substantial, while that of the other pathogens was insignificant. Negative correlations with yield were observed only for the number of days to heading. The conclusions given in the paper are relevant for choosing selection strategies directed to breeding genotypes with better agricultural value.

Key words: genotype by environment interaction, correlations of traits, winter wheat, yield

WSTĘP

Cechy determinujące plon ziarna pszenicy stanowią zasadniczy cel zainteresowania hodowców. Poznanie współzależności pomiędzy plonem a tymi cechami prowadzi do wyboru właściwych metod selekcji ukierunkowanej na uzyskanie genotypów o coraz lepszej wartości gospodarczej. Stosowane w tym celu metody to analiza korelacji prostej i regresji wielokrotnej, a także analiza współczynników ścieżek, która umożliwia dokonanie oceny bezpośredniego wpływu każdej z cech przyczynowych, jak również wpływu pośredniego przez pozostałe zmienne przyczynowe (Mądry i Pietrzykowski, 1995; Drzazga, 2000; Pochaba i Węgrzyn, 2000).

Celem pracy jest analiza zmian zależności między ważnymi cechami użytkowymi (zimotrwałość, data kłoszenia, wysokość roślin, odporność na wyleganie i choroby grzybowe) a plonem ziarna w okresie 1991–2004 oraz wzajemnych związków przyczynowo-skutkowych między tymi cechami. Tło analizy stanowią informacje o strukturze interakcji genotypowo-środowiskowej. Poczynione zestawienia pozwalają wyjaśnić niektóre przyczyny znacznie odbiegającego plonowania rodów w pewnych stacjach od średniego plonowania w serii doświadczeń w danym roku.

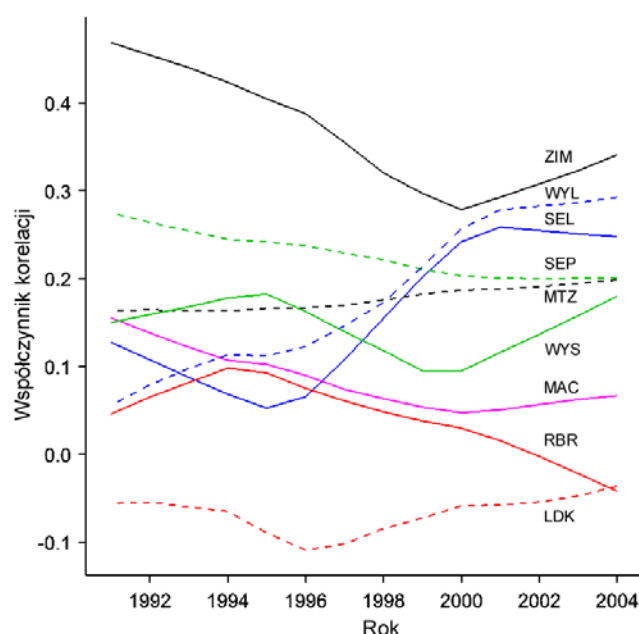
MATERIAŁ I METODY

W pracy wykorzystano wyniki oceny rodów pszenicy ozimej z serii doświadczeń wstępnych przeprowadzonych w latach 1991–2004. Liczba badanych rodów w latach była różna, od 47 do 86, natomiast liczba miejscowości w latach zmieniała się od 7 do 14. Dane z roku 2004 pochodzą z dwu serii doświadczeń oznaczanych jako S1 i S2. Do analiz wykorzystano ocenę rodów pod względem 10 cech: plonu ziarna (PLON), zimotrwałości (ZIM), wczesności mierzonej liczbą dni od 1 maja do daty kłoszenia (LDK), wysokości roślin (WYS), odporności na: wyleganie (WYL), mączniaka prawdziwego (MAC), rdzę brunatną (RBR), septoriozę plew (SEP), septoriozę liści (SEL) oraz masy 1000 ziaren (MTZ).

Do wyboru cech istotnych dla objaśnienia zmienności genotypowej plonu zastosowano regresję wielokrotną z selekcją krokową w przód. Współczynniki korelacji cech wyliczono na podstawie obserwacji w poszczególnych doświadczeniach i następnie uśredniono w ramach roku. Do zobrazowania trendu zmian korelacji w czasie zastosowano wygładzanie obserwowanych korelacji za pomocą metody nieparametrycznej opisanej przez Clevelanda (1979) zwanej lokalną ważoną regresją liniową. W metodzie tej ocena trendu w każdym roku wyznaczana jest na podstawie regresji współczynników korelacji względem lat liczonej na podstawie tylko lat sąsiednich, przy wagach malejących wraz z odległością w czasie. Obliczenia wykonano za pomocą programu Genstat 5 rel. 7 (Payne, 2000). Na podstawie obliczonych współczynników korelacji fenotypowej między plonem i wybranymi cechami, określono bezpośrednie i pośrednie wpływy cech na plon, stosując analizę ścieżek Wrighta (Dewey i Lu, 1959). Badanie struktury interakcji genotypowo-środowiskowej (GE) ze względu na środowiska dokonano metodą opisaną przez Calińskiego i wsp. (1998).

WYNIKI I DYSKUSJA

Analizując współczynniki korelacji między plonem a cechami użytkowymi rodów pszenicy ozimej w okresie od 1991 do 2004 (rys. 1), najsilniejszy związek otrzymano dla plonu z zimotrwałością. Istotny wpływ wymarzania na plonowanie pszenicy ozimej stwierdzono w latach: 1991, 1994, 1996, 1997 i 2003 (tab. 1). Biorąc pod uwagę strukturę interakcji GE w poszczególnych latach, występuje częste połączenie wysokiego udziału danej stacji w interakcji GE z istotnym wpływem przezimowania na plonowanie badanych rodów w warunkach tej stacji (tab. 1 i 2). W latach największego wymarzania, tj. 1997 i 2003, współczynniki determinacji plonu przez tę cechę były bardzo wysokie ($R^2 = 0,72$; $0,56$). W roku 2003 bardzo silne uszkodzenia mrozowe wystąpiły w stacji POB (Polanowice k. Krakowa). Udział tego środowiska w sumie kwadratów dla interakcji GE wyniósł ponad 50%. Świadczy to o wyjątkowo odbiegającym układzie plonów poszczególnych rodów od układu plonów średnich ze wszystkich punktów doświadczalnych. Duży bezpośredni wpływ zimotrwałości na plon świadczy o ważności gospodarczej tej cechy przy uprawie pszenicy ozimej w warunkach Polski.



Rys. 1. Przebieg zmian korelacji pomiędzy plonem rodów a innymi cechami obserwowanymi w doświadczeniach w kolejnych latach (współczynniki korelacji uśredniono w ramach lat; do zobrazowania trendu zmian zastosowano lokalną ważoną regresję liniową)

Fig. 1. Profiles of correlations between yield of breeding lines and other traits observed in the experiments in consecutive years (the correlation coefficients were averaged over localities within each year; the smooth trends were obtained using the locally weighted linear regression)

Tabela 1

Wyniki zastosowania wielokrotnej regresji liniowej do szukania cech objaśniających w sposób istotny zmienność plonu w poszczególnych stacjach w latach 1991–2004

Results of using multiple linear regression to explain variability of the yield in individual experiments, in the years 1991–2004

Stacja Locality	Rok — Year													
	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004
BOA Borów	2	5	8, 4	4, 2			2, 4	○	○	○	○	○	○	○
DAD Dańków		6	3	3	3, 5	2	2	5	8	○		○	○	○
DED Dębina			4, 6	4, 6	3, 8	3, 6, 9			10	6	7, 9			4
KOC Kobierzycze			8	3	5	4, 8	2				3, 8	3, 5, 9	2, 5	
KOH Kończewice	7, 9	3, 9	4	7	3	7	2, 8	5, 9	○	○	○	○	○	○
LAD Laski	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○	○		2, 4	○
MIB Mikulice	4, 5	8	8	2	8	9	10	10	10	○	○	○	○	○
NAD Nagrodowice			5		5	3	2, 6	9			3	6, 7		
OLH Oleśnica M.	2, 10				5	4	2, 6	5	3, 6	○	○	○	○	○
OZH Ożańsk			8	2, 6	3	2	2		4, 5	○	○	○	○	○
POB Polanowice						4	2, 5	5	6	4, 5, 8		5	2, 6	4, 5, 6
SMH Smolice	6			8	5, 9	4		10	4, 5, 10	4			2	7
SOD Sobótka	3				5				5, 10	○	○	○○	○	○
STH Strzelce	2, 6					4, 9	2, 3	2, 3	○		8	3	2	3
ULC Ulhówek	9		9	2, 4	○	2, 9	2	7	○	○	○	○	○	○
SZD Szelejewo	○	○	○	○	○	○	○		10		3, 5	4	2	5

W tabeli podano numery cech, które zostały uznane za istotne^a; pusta klatka oznacza, że nie wybrano żadnej cechy istotnej; „○”, oznacza, że w danej stacji i roku nie wykonano obserwacji wystarczających do wykonania analizy regresji

The cells contain numbers of traits which were declared as significant^a; empty cell means that none of the explanatory traits was chosen; “○” means that in the experiment there was no data for regression analysis.

^a Numeracja cech: 2 — zimotrwałość (ZIM), 3 — liczba dni do kłoszenia (LDK), 4 — wysokość roślin (WYS), 5 — wyłęganie (WYL), 6 — mączniak (MAC), 7 — masa 1000 ziaren (MTZ), 8 — rdza brunatna (RBR), 9 — septorioza plew (SEP), 10 — septorioza liści (SEL)

^a Numbering of traits: 2 — winterhardiness (ZIM), 3 — days to heading (LDK), 4 — plant height (WYS), 5 — lodging (WYL), 6 — powdery mildew (MAC), 7 — 1000 grain weight (MTZ), 8 — brown rust (RBR), 9 — chaffs septoria (SEP), 10 — leaf septoria (SEL)

Drugą cechą o największej liczbie istotnych współczynników regresji była odporność na wyłęganie. W doświadczeniach, w których dokonano bonitacji tej cechy, w 20% doświadczeń stwierdzono istotny wpływ sztywności źdźbła badanych rodów na ich plon. Uzyskanie wysokiego efektu bezpośredniego (tab. 3) oraz rosnącego trendu związku tej

cechy z plonem (rys. 1), wskazuje na coraz większą zależność plonu od odporności na wyleganie badanych rodów.

Tabela 2

Udział procentowy środowisk w całkowitej sumie kwadratów dla interakcji genotypowo-środowiskowej w seriach doświadczeń wstępnych z pszenicą ozimą w latach 1991–2004
Contribution of localities to the total sum of squares for genotype by environment interaction in pre-registration trials with winter wheat conducted in the years 1991–2004

Stacja Locality	Rok — Year														
	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003.	2004, S1	2004, S2
BOA	13,2	1,9	9,6	2,6	3,1	3,5	3,3								
DAD	4,7	4	10,2	6	4,8	4,9	6,3	9,1	6,9		14,6				
DED	8,6	6,4	6,6	5,7	5,8	8,1	5,7	5,7	4,6	13,6	8,8	14,8	11,8	8,9	10,6
KOC	6,8	5,4	5,2	7	4,6	6,7	7,6	4,9	11,1	10,1	19,5	20,1	8,8	10	9,9
KOH	6,9	11,6	4,2	10,6	6,2	5,5	5,8	11							
LAD												8	3,7		
MIB	9	18,3	5,6	6,8	3,5	11,7	8,4	6,1	2,3						
NAD	3,1	6,2	21,7	7,1	17,1	5,8	3,8	9,9	9,9	23,5	13	13,7	9	11,3	12,2
OLH	11,1	9,2	4,4	4,5	6,8	7,1	3,9	6,8	8						
OZH	1,6	6	5,8	15,9	4,1	4	4,9	5,8	19,5						
POB	3,9	5,6	6,7	4,5	6,7	8,5	8,2	12,3	13,5	22,1	8,8	12,3	53,8	28,3	12,5
SMH	3,8	4,6	4,1	5,3	9,2	4,6	7,5	2,5	13,6	12,3	8,7	8,2	5,7	9,3	8,1
SOD	7,2	5,4	3,1	7,1	18,8	6,7	6,1	7,3	6,9						
STH	11,4	3,8	5,3	6	3,7	8,7	2,7	7,1		11,9	12	13	4	15,1	26,6
SZD								4,4	3,6	6,6	14,5	10	3,2	17,1	20
ULC	5,5	11,7	7,6	10,9	5,5	14,3	25,8	7,2							

Tabela 3

Bezpośrednie i pośrednie wpływy cech na plon ziarna rodów pszenicy ozimej
Direct and indirect effects of the traits on grain yield of winter wheat

Cecha Trait	Wpływ bezpośredni Direct effect	Wpływy pośrednie Indirect effects									Współczynnik korelacji cech z plonem Correlation coefficient with yield
		ZIM	LDK	WYS	WYL	MAC	MTZ	RBR	SEP	SEL	
ZIM	0,387		0,011	0,013	-0,022	-0,005	-0,005	0,000	0,009	-0,038	0,350**
LDK	-0,138	-0,031		0,010	0,020	0,000	-0,020	0,001	0,012	0,075	-0,070
WYS	0,095	0,054	-0,015		-0,067	-0,001	0,015	0,000	0,022	0,047	0,150
WYL	0,224	-0,039	-0,012	-0,029		0,003	0,006	0,000	0,007	0,019	0,180
MAC	0,070	-0,027	0,000	-0,002	0,009		0,003	0,001	0,012	0,024	0,090
MTZ	0,151	-0,012	0,018	0,010	0,009	0,001		0,000	0,007	-0,004	0,180
RBR	0,009	0,000	-0,017	0,002	0,002	0,007	-0,002		0,004	0,034	0,040
SEP	0,123	0,027	-0,014	0,017	0,013	0,007	0,009	0,000		0,047	0,230*
SEL	0,214	-0,070	-0,048	0,021	0,020	0,008	-0,003	0,001	0,027		0,170

*, ** Istotność przy P = 0,05 i P = 0,01; Significant at P = 0.05 and P = 0.01

Zmienność resztkowa = 0,118; Random factor = 0,118

Cechy: zimotrwałość (ZIM), liczba dni do kłoszenia (LDK), wysokość roślin (WYS), wyleganie (WYL), mączniak (MAC), masa 1000 ziaren (MTZ), rdza brunatna (RBR), septorioza plew (SEP), septorioza liści (SEL)

Traits: winterhardiness (ZIM), days to heading (LDK), plant height (WYS), lodging (WYL), powdery mildew (MAC), 1000 grain weight (MTZ), brown rust (RBR), chaffs septoria (SEP), leaf septoria (SEL)

Podobne wyniki uzyskano dla odporności na septoriozę liści, przy czym bezpośredni wpływ na plon był tutaj pomniejszony poprzez ujemne działanie pośrednie zimotrwałości i liczby dni do kłoszenia (wczesności) badanych rodów (tab. 3). Dodatnia korelacja odporności na septoriozę liści z współczynnikami korelacji w poszczególnych latach od 0,18 do 0,66) i wysokością roślin (0,12–0,40), świadczy o lepszej odporności na porażenie tym patogenem rodów późniejszych i wyższych. Wzrastające znaczenie septoriozy liści powinno być przesłanką do wzmożenia wysiłków hodowców w kierunku poprawy odporności selekcyjonowanych rodów na tą chorobę.

W przypadku pozostałych chorób liści, tj. mączniaka prawdziwego i rdzy brunatnej, widoczne są malejące trendy zależności z plonem (rys. 1). Porażenie tymi patogenami nie miało bezpośredniego wpływu na plonowanie badanych rodów pszenicy ozimej.

Dodatnie współczynniki korelacji z plonem, przy małej ich zmienności w latach, stwierdzono dla wysokości roślin, masy 1000 ziaren i odporności na septoriozę plew (rys. 1). Dla wysokości roślin wykonano największą liczbę obserwacji, lecz istotna zależność plonu ziarna od tej cechy dotyczyła niewielkiego procentu analizowanych doświadczeń (12%). Bezpośredni wpływ wysokości roślin na plon był dodatni, jednak pomniejszony poprzez pośredni ujemny wpływ odporności na wyleganie (tab. 3). Rosnący trend dodatniego związku wysokości z plonem widoczny jest w ostatnich latach. Ten trend może się utrzymać ze względu na coraz częstsze występowanie suszy w wielu rejonach kraju. Wysokość roślin jest dodatnio skorelowana z wielkością systemu korzeniowego, co decyduje o lepszej odporności i wyższym plonowaniu form wyższych w porównaniu do niższych w warunkach występowania niedoboru wilgoci.

Dodatni efekt bezpośredni odporności na septoriozę plew (tab. 3) świadczy o gospodarczej ważności tej cechy. W analizowanym okresie nastąpiło osłabienie dodatniej zależności tej odporności z zimotrwałością (spadek korelacji z 0,10–0,27 w latach 1991–1996 do ok. 0,02 w latach 1998–2004) i wysokością roślin (spadek z 0,14–0,40 w latach 1991–1996 do 0,08–0,19 w latach 1998–2004). Może być to spowodowane wprowadzeniem do doświadczeń rodów niższych i o mniejszej zimotrwałości, posiadających kłosa o większej zbitości. Tego typu budowa kłosa sprzyja większej podatności badanych rodów na patogena powodującego tą chorobę — *Septoria nodorum*.

Ujemne korelacje z plonem stwierdzono jedynie dla liczby dni do kłoszenia. Bezpośredni ujemny wpływ wczesności na plon ziarna był niwelowany poprzez pośrednie działanie septoriozy liści. Tendencja wyższego plonowania form wcześniejszych jest wyraźna w warunkach Kobierzyc (KOC). Jest to bardzo istotny czynnik decydujący o specyfice tego środowiska i presji selekcyjnej w początkowych etapach hodowli. Znajduje to potwierdzenia w postaci bardzo wysokiego udziału tej stacji w interakcji GE (lata 2001, 2002). Jest to uwarunkowane występowaniem gleb na podłożu przepuszczalnym w tej stacji, co jest przyczyną częstych niedoborów wilgoci. W tych warunkach lepiej plonują formy wcześniejsze i to przyczynia się ich wysokiego udziału w badanych rodach z tego ośrodka hodowli. Odwrotna sytuacja wystąpiła w stacji Strzelce (STH), gdzie w niektórych latach formy późniejsze lepiej plonowały od wcześniejszych.

WNIOSKI

1. Na plonowanie badanych rodów pszenicy ozimej największy bezpośredni wpływ miała ich zimotrwałość.
2. Wysoki efekt bezpośredni oraz rosnący trend związku odporności na wyleganie i septoriozę liści z plonem, wskazuje na coraz większą zależność plonowania rodów pszenicy ozimej od tych cech.
3. Dodatnie współczynniki korelacji z plonem, przy małej ich zmienności w latach, stwierdzono dla wysokości roślin, masy 1000 ziaren i odporności na septoriozę plew.
4. Ujemne korelacje z plonem stwierdzono jedynie dla liczby dni do kłoszenia. Bezpośredni ujemny wpływ liczby dni do kłoszenia na plon ziarna był niwelowany poprzez pośrednie dodatnie działanie odporności na septoriozę liści.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 3. Instytut Genetyki Roślin PAN, Poznań.
- Cleveland W. S. 1979. Robust locally weighted regression and smoothing scatter plots. J. Amer. Statist. Assoc. 74: 829 — 836.
- Dewey R. D., Lu H. K. 1959. A correlation and path-coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. Agron. J. 51: 515 — 517.
- Drzazga T. 2000. Zastosowanie analizy współczynników ścieżek dla oceny wpływu komponentów plonu na plon ziarna pszenicy jarej. Biul. IHAR 216: 319 — 22.
- Mądry W., Pietrzykowski R. 1995. Analiza współczynników dla cech rozwijających się w trakcie ontogenezy oraz plonu ziarna pszenżyta ozimego. Roczniki Nauk Rolniczych. Seria A. 3: 9 — 21.
- Payne R. W. (ed.). 2000. The guide to GenStat. Lawes Agricultural Trust.
- Pochaba L., Węgrzyn S. 2000. Zmienność i współzależność kilku cech pszenicy ozimej. Biul. IHAR 216: 261 — 266.

WIESŁAW MĄDRY¹**MIKE TALBOT**²**KRZYSZTOF UKALSKI**¹**TADEUSZ DRZAZGA**³**MARZENA IWAŃSKA**¹¹ Katedra Biometrii SGGW, Warszawa² Biomathematics and Statistics Scotland, Edinburgh³ Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach

Podstawy teoretyczne znaczenia efektów genotypowych i interakcyjnych w hodowli roślin na przykładzie pszenicy ozimej

Theoretical basis of importance of genotypic and interaction effects in plant breeding on an example of winter wheat

W pracy przedstawiono podstawowe problemy teoretyczne i wyniki badań eksperymentalnych w zakresie znaczenia i wykorzystania efektów genotypowych i interakcji genotypowo-środowiskowych oraz interakcji środowiskowej (miejscowości $\times$ lata) dla danej cechy ilościowej w programie hodowlanym i rejestracji odmian roślin uprawnych. Znaczenie tych efektów można określić za pomocą ocen ich wariancji (komponentów wariancyjnych), na podstawie wyników z reprezentatywnej wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń z genotypami. Rozważania teoretyczne uzupełniono wynikami własnych i innych badań eksperymentalnych nad oceną komponentów wariancyjnych wspomnianych efektów dla plonu ziarna pszenicy ozimej, jako najważniejszej rośliny uprawnej. Stwierdzono, że w różnych rejonach świata i pulach genowych wariancja efektów interakcji miejscowości $\times$ lata ma największy udział w zmienności plonu ziarna pszenicy ozimej. Natomiast efekty interakcji genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata mają największe znaczenie wśród wszystkich efektów interakcji genotypowo-środowiskowych. Te dwa rodzaje efektów interakcyjnych ograniczają powtarzalność interakcji genotypy $\times$ miejscowości w różnych latach, decydującej z kolei o powtarzalności, w różnych latach, stabilności i adaptacji genotypów w rejonie rolniczym. Efekty interakcji genotypy $\times$ miejscowości są zwykle mniej zmienne, niż efekty genotypowe i efekty interakcji genotypy $\times$ lata. Uzyskane oceny komponentów wariancyjnych wymienionych efektów dla plonu ziarna pszenicy ozimej w badaniach własnych wykorzystano do zobrazowania symulacji najważniejszych charakterystyk, określających dokładność średnich fenotypowych genotypów dla rodów hodowlanych w docelowym rejonie uprawowym, zależnie od miejscowości, lat i liczby powtórzeń w serii doświadczeń.

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

Some basic theoretical problems and results of experimental studies on importance and exploiting genotypic, genotype $\times$ environment (GE) interaction and location $\times$ years (LY) interaction effects are presented for a trait in crop breeding and evaluation programmes that are based on series of field trials (known as multi-environment trials, MET). Among GE interaction ones the following effects are defined: genotype $\times$ location (GL), genotype $\times$ year (GY) and genotype $\times$ location $\times$ year (GLY) effects. Importance of the mentioned effects can be determined by estimates of variance components of these effects using data obtained in a representative MET, repeated at several locations over a period of years. Theoretical considerations are enriched and illustrated by variance component estimates for grain yield of winter wheat obtained from both own and foreign experimental studies. It was shown that using yearly series of multi-location trials, GL interaction (it is the averaged over years GL interaction called repeatable or exploitable GL interaction) and then, response of genotypes to environments in locations, averaged over years, can not be evaluated accurately in a target region when effects of LY and/or GLY interactions are relatively substantial (variable). Additionally, in yearly series of variety trials differentiation and ranking of genotypic means, averaged over years and locations in a target region, can not be estimated accurately when occurring substantial effects of GY and/or GLY interactions. In various world's regions and gene pools variance components of LY interaction effects for winter wheat grain yield had the largest contribution to the variability of this trait. Effects of GLY interaction were the most substantial among all GE interaction effects. Effects of LY and GLY interactions limited repeatability of yearly GL interaction effects over different years. Then, substantial effects of LY and GLY limit repeatability of yearly stability and adaptation of genotypes in a target region over years. Effects of genotype $\times$ location interaction were often less variable than genotypic and genotype $\times$ year interaction effects. The estimates of variance components for winter wheat grain yield in own studies were used to simulate values of some characteristics, like repeatability of genotype-phenotypic mean, standard error of genotype-phenotypic means and their differences at different numbers of locations, years and replicates in MET.

Key words: genotype-environment interaction, incomplete data, REML method, variance components, wide and local adaptation, winter wheat, grain yield

WSTĘP

Przyjmuje się zwykle, że pożądany genotyp rośliny uprawnej pod względem plonu powinien posiadać szeroką adaptację, wyrażaną relatywnie wysokim plonowaniem w większości środowisk miejscowości docelowego rejonu uprawy (ang. *target region*). Takie genotypy powinny spełniać jednocześnie trzy warunki, tj. (1) odznaczać się relatywnie dużą średnią w docelowym rejonie uprawy, (2) plonować stabilnie w środowiskach rejonu, czyli proporcjonalnie do średniej środowiskowej tej cechy, (3) wykazywać dużą powtarzalność wymienionych własności w różnych latach lub ich spełnienie średnio w latach (Brennan i in., 1981; Caliński i in., 1987 a, b; Lin i Binns, 1994; Bramel-Cox, 1996; Troyer, 1996; Annicchiarico, 1997, 2002; Basford i Cooper, 1998; Hill i in., 1998; Cooper, 1999; Simmonds i Smartt, 1999; Bernardo, 2002; Mądry i in., 2003; Yan i Rajcan, 2003; Annicchiarico i in., 2006 a; Navabi i in., 2006; Sudarić i in., 2006). Podobne wymagania stawia się także genotypom w odniesieniu do cech jakości plonu oraz odporności na szkodniki i choroby, a także innych cech użytkowych roślin (Baenziger i in., 1985; Peterson i in., 1998; Grausgruber i in., 2000; Yan i in., 2000; Cooper i in., 2001; Yan

i Hunt, 2001; Collaku i in., 2002; Primomo i in., 2002; De Ron i in., 2004; Annicchiarico i in., 2006 b; Sudarić i in., 2006). Genotypy o szerokiej adaptacji dla tych cech powinny wyróżniać się akceptowalną średnią (lepszą rzeczowo, niż inne genotypy) w docelowym rejonie uprawy i spełniać pozostałe dwa wymogi takie same, jak dla plonu. Czasami za pożądane genotypy uznaje się takie, które są wąsko (lokalnie) zaadaptowane, czyli plonują relatywnie wysoko (albo wykazują odpowiedni poziom innych cech) tylko w pewnych rodzajach środowisk (podrejonach rejonu docelowego) i wykazują dużą powtarzalność tego atrybutu w różnych latach lub jego spełnienie średnio w latach (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Cooper, 1999; Atlin i in., 2000 a, b; Yan i in., 2000; Annicchiarico, 1997, 2002; Annicchiarico i in., 2006 a, b; de la Vega i Chapman, 2006).

Hodowla roślin powinna więc dostarczać genotypy o atrybutach możliwie bliskich podanym ideałom (normom). W skutecznej realizacji tego zadania duże znaczenie ma trafne wykrycie pożądanych genotypów w możliwie wczesnych etapach procesu hodowli. Jest ono trudne, z powodu powszechnego istnienia interakcji genotypowo-środowiskowej (interakcji GE) dla plonu i innych cech rolniczych. Zatem, realnie możliwa maksymalizacja trafności (szansy) wyboru w programie hodowlanym genotypów o wymienionych właściwościach, wymaga oceny genotypów w serii doświadczeń, powtarzanych w miejscowościach i latach, nazywanych środowiskami (Caliński i in. 1987 a, b; Annicchiarico, 2002; Baker, 2002; Basford i Cooper, 1998; Hill i in., 1998; Bernardo, 2002; Yan i Rajcan, 2003).

Wielokrotne i wieloletnie serie doświadczeń są standardową metodą eksperymentalnej oceny rodów hodowlanych dopiero w końcowej fazie hodowli roślin (doświadczenia przedrejestrów) i w testowaniu rodów przy rejestracji odmian (doświadczenia rejestrów). W badaniach przedrejestrów, genotypy oceniane są w seriach doświadczeń, wykonywanych w czterech powtórzeniach i powtórzonych w co najmniej pięciu miejscowościach i w co najwyżej dwóch latach. Jednakże, stale jest otwarty problem, jakie powinny być liczby powtórzeń, miejscowości i lat w serii doświadczeń dla osiągnięcia zadawalającej trafności wyboru pożądanych genotypów (Talbot, 1984, 1997; DeLacy i in., 1996; Annicchiarico, 2002; Baker, 2002; de la Vega i Chapman, 2006).

Z powodu występowania interakcji GE, hodowca jest zainteresowany podejmowaniem dwóch ważnych decyzji metodycznych, tj. (1) o wyborze kierunku selekcji genotypów, odpowiednio o szerokiej lub wąskiej adaptacji (Brennan i in., 1981; Annicchiarico i Perenzin, 1994; Atlin i McRae, 1994; DeLacy i in., 1996; Troyer, 1996; Hill i in., 1998; Haji i Hunt, 1999; Simmonds i Smartt, 1999; Atlin i in., 2000 a, b; Yan i in., 2000; Cooper i in., 2001; Yan i Hunt, 2001; Annicchiarico, 2002; Yan i in., 2002; Navabi i in., 2006) oraz (2) o liczbach miejscowości, lat i powtórzeń, koniecznych do uzyskania założonej dokładności (sprawdzalności w masowej uprawie) oceny średnich genotypowych oraz parametrów stabilności w dużym rejonie, przy selekcji genotypów o szerokiej adaptacji (Patterson i in., 1977; Brennan i in., 1981; Talbot, 1984, 1997; Westcott, 1987; Cullis i in., 1996; Haji i Hunt, 1999; Butler i in., 2000; Baker, 2002; Feyerherm i in., 2004) lub w podrejonach, przy selekcji genotypów o wąskiej adaptacji (Atlin i in., 2000 a, b; de la Vega i Chapman, 2006).

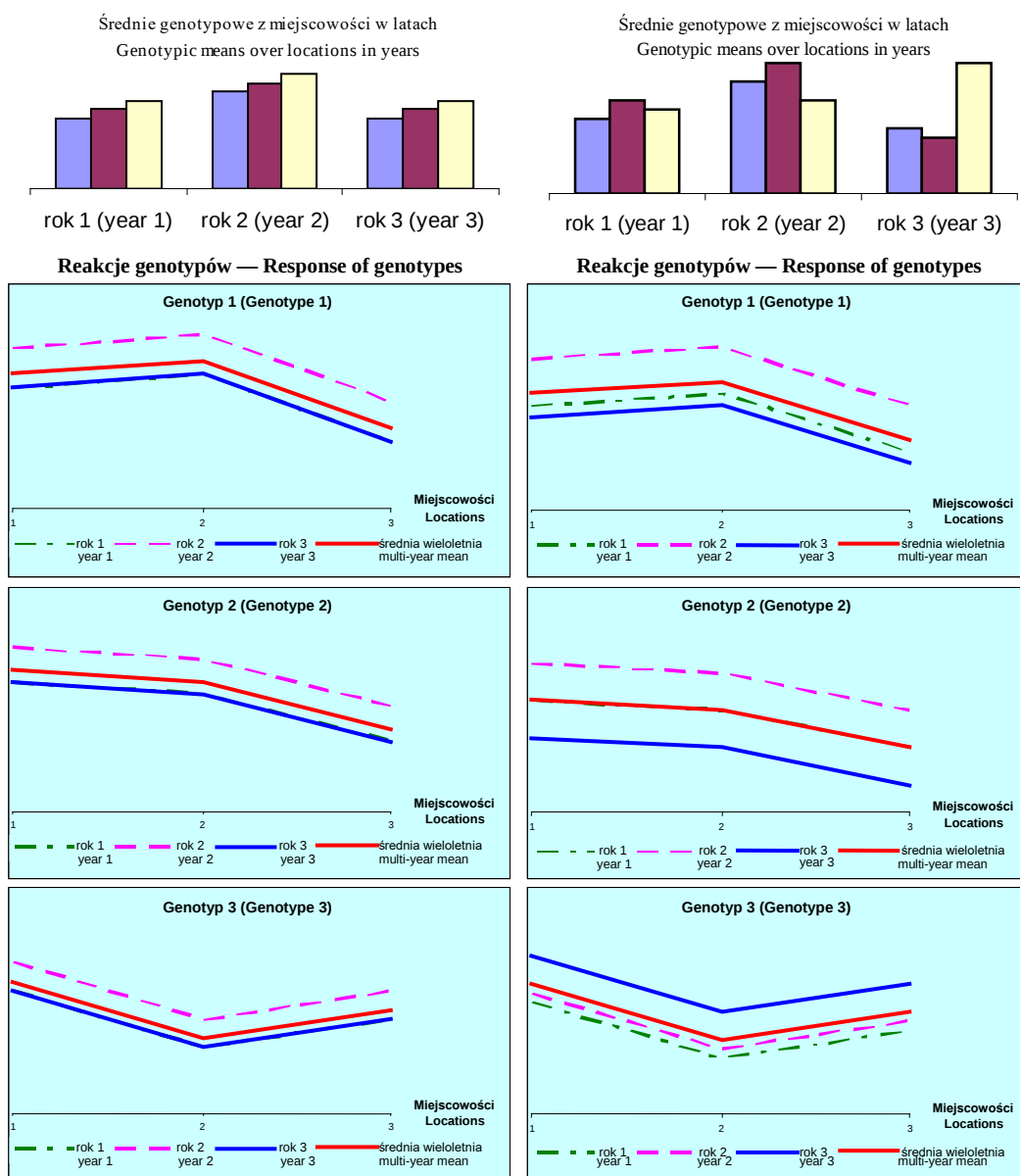
Podstawą tych decyzji metodycznych jest wiedza o (1) znaczeniu efektów genotypowych i różnych rodzajów interakcji genotypowo-środowiskowej (genotypy $\times$ miejscowości, genotypy $\times$ lata, genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata), a także interakcji środowiskowej (miejscowości $\times$ lata) w kształtowaniu rodzaju reakcji danej cechy (głównie plonu) genotypów na środowiska, zarówno miejscowościach rejonu, jak i latach, (2) relatywnym udziale zmienności tych efektów w uwarunkowaniu zmienności danej cechy, w obrębie badanej populacji hodowlanej (puli genotypowej) i populacji środowisk (miejscowości i lat) w rejonie uprawy, czyli systemu genotypowo-środowiskowego, jako przedmiotu hodowli (Patterson i in., 1977; Talbot, 1984, 1997; DeLacy i in., 1996; Annicchiarico, 1997; 2002; Basford i Cooper, 1998; Hill i in., 1998; Cooper, 1999; Cooper i in., 2001; Chapman i de la Vega, 2002; Grüneberg i in., 2004). Relatywny udział zmienności wymienionych efektów w uwarunkowaniu zmienności danej cechy w obrębie przedmiotu hodowli, można określić za pomocą ocen wariancji (komponentów wariancyjnych) tych efektów, na podstawie wyników z reprezentatywnej wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń z genotypami (Patterson i in., 1977; Talbot, 1984, 1997; Crossa, 1990; Atlin McRae, 1994; Cooper i Dalecy, 1994; Lin i Binns, 1994; Basford i Cooper, 1998; Hill i in., 1998; Butler i in., 2000; Chapman i in., 2000; Cooper i in., 2001; Annicchiarico, 1997, 2002; Baker, 2002; Chapman i de la Vega, 2002; Grüneberg i in., 2004).

W tej pracy przedstawiono podstawy i problemy teoretyczne, dotyczące znaczenia efektów genotypowych, interakcji genotypowo-środowiskowych i interakcji środowiskowej miejscowości $\times$ lata w programie hodowlanym roślin uprawnych, na etapie końcowej oceny rodów w doświadczeniach przedrejestrach, a także wyniki badań eksperymentalnych, obrazujących odniesienie i wykorzystanie tych rozważań do praktyki. Celem pracy jest: (1) przedstawienie rodzajów interakcji GE i interakcji środowiskowej oraz ich roli w reakcji genotypów w miejscowościach i latach, (2) zobrazowanie estymacji i interpretacji komponentów wariancyjnych efektów genotypowych, środowiskowych i ich interakcji oraz błędu na przykładzie danych dla plonu ziarna pszenicy ozimej z niekompletnej serii doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich, (3) ilustracja wykorzystania tych komponentów wariancyjnych do symulacji najważniejszych charakterystyk, określających dokładność średnich fenotypowych dla rodów hodowlanych w docelowym rejonie uprawowym, zależnie od liczby miejscowości, lat i powtórzeń w serii doświadczeń. Wyniki badań własnych przedstawiono w dwóch częściach, teoretycznej (cel 1) i eksperymentalnej (cel 2 i 3).

CZĘŚĆ TEORETYCZNA

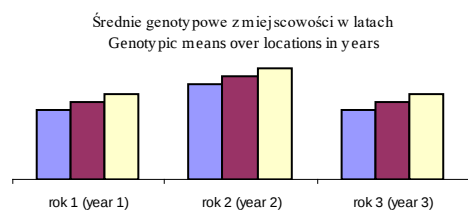
Rodzaje interakcji i ich rola w reakcji genotypów na środowiska w miejscowościach i latach

Interakcja genotypowo-środowiskowa jest zjawiskiem biologicznym, które definiuje się w kategoriach jego mechanizmów lub zazwyczaj jego efektów fenotypowych dla danej cechy (Hill i in., 1998; Annicchiarico, 2002; Baker, 2002; Kang, 2002; Yan i Kang, 2003).

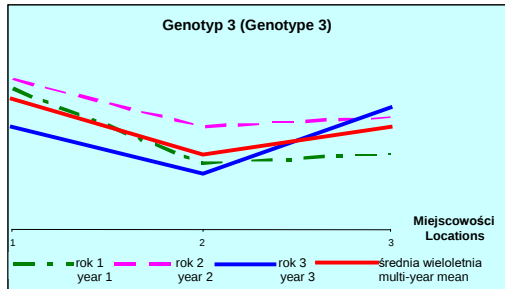
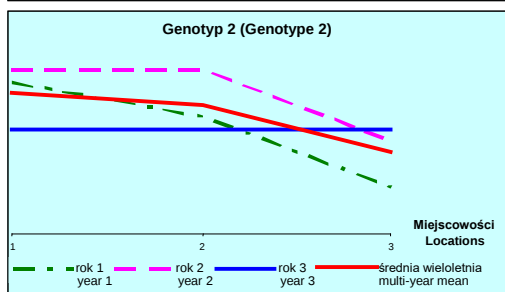
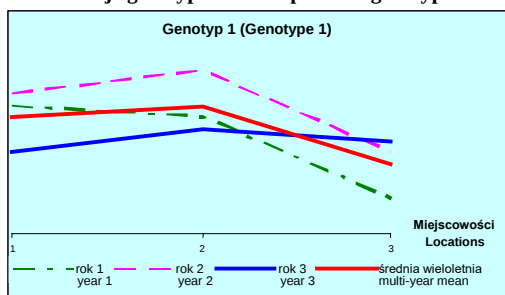


Rys. 1A. Jednakowe w latach zarówno reakcja genotypów na środowiska (miejscowości) oraz różnice średnich genotypowych z miejscowości, kiedy nie ma interakcji LY i GY oraz GLY
Fig. 1A. The same in years both genotypes' response to environments (locations) and differences of genotypic means across locations when there are no LY, GY and GLY interactions

Rys. 1B. Jednakowa w latach reakcja genotypów na środowiska (miejscowości) oraz niejednakowe różnice średnich genotypowych z miejscowości, kiedy nie ma interakcji LY i GLY, zaś jest GY
Fig. 1B. The same in years genotypes' response to environments (locations) and various differences of genotypic means across locations when there are no interactions LY and GLY but there is GY interaction

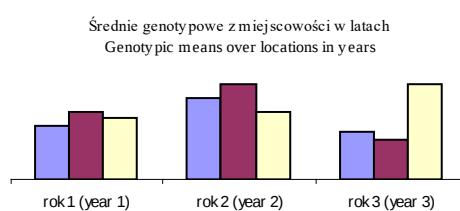


Reakcje genotypów — Response of genotypes

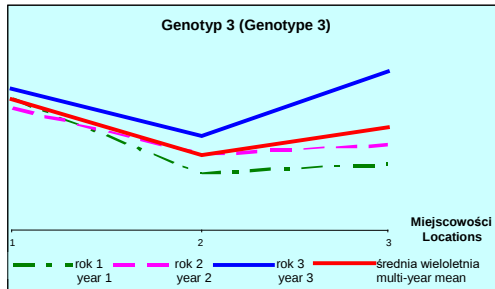
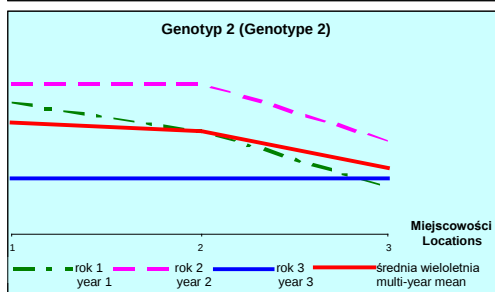
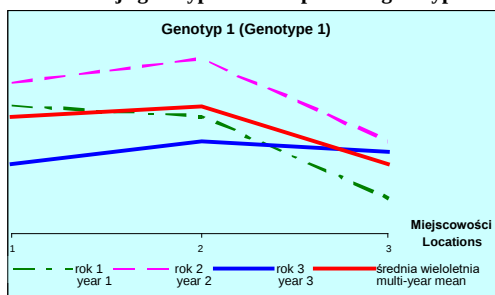


Rys. 1C. Niejednakowa w latach reakcja genotypów na środowiska (miejscowości) oraz jednakowe różnice średnich genotypowych z miejscowości, kiedy nie ma interakcji GY i GLY, zaś jest LY

Fig. 1C. Various in years genotypes' response to environments (locations) and the same differences of genotypic means across locations when there are no interactions GY and GLY but there is LY interaction



Reakcje genotypów — Response of genotypes



Rys. 1D. Niejednakowa w latach reakcja genotypów na środowiska (miejscowości) oraz jednakowe różnice średnich genotypowych z miejscowości, kiedy nie ma interakcji GLY, zaś jest LY i GY

Fig. 1D. Various in years genotypes' response to environments (locations) and various differences of genotypic means across locations when there is no GLY interaction but there are LY and GY interactions

Jest więc ona określana jako niejednakowa (nierównoległa) krzywa reakcji cechy genotypów na warunki środowiskowe (miejscowości w poszczególnych latach, miejscowości średnio w latach, lata w poszczególnych miejscowościach, lata średnio w miejscowościach) albo jako niejednakowe różnice średnich genotypowych w różnych środowiskach. Tak rozumiana interakcja pomiędzy genotypami i środowiskami jednego rodzaju nazywana jest interakcją GE podwójną, tj. interakcją genotypy $\times$ miejscowości (GL), odpowiednio w poszczególnych latach lub średnio w latach oraz interakcją genotypy $\times$ lata (GY), odpowiednio w poszczególnych miejscowościach lub średnio w miejscowościach. W wielokrotnych i wieloletnich seriach doświadczeń rozważa się interakcję GE potrójną, tj. genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata (GLY). Polega ona na modyfikacji reakcji cechy genotypów na środowiska w miejscowościach przez warunki wegetacji w różnych latach, i odwrotnie.

Interakcja GL jest niejednakową reakcją cechy genotypów na środowiska w miejscowościach. Jeśli jest ona rozumiana jako różna reakcja średniej wieloletniej cechy genotypów na środowiska w miejscowościach (rys. 1 A, B, C, D), wówczas nazywana jest powtarzalną lub użyteczną (wieloletnią) interakcją GL (*ang. repeatable, exploitable GL interaction*) — (Leon i Becker, 1988; Lin i Binns, 1994; Weber i Westermann, 1994; Yan i Hunt, 2001; Annicchiarico, 1997, 2002; Collaku i in., 2002; Yan i in., 2002; Russell i in., 2003; Yang i in., 2005; Annicchiarico i in., 2006 a, b; de la Vega i Chapman, 2006). Ma ona duże znaczenie praktyczne w hodowli i rejestracji odmian, zwłaszcza dla plonu (zwykle też dla innych cech rolniczych). Wynika to głównie z dwóch następujących powodów.

Po pierwsze, zerowe efekty użytecznej interakcji GL dla cechy rolniczej (zwłaszcza plonu) danego genotypu decydują o jego średnio w wieloleciu stabilnej reakcji w danym rejonie uprawy. Zatem, jeżeli w programie hodowlanym dla danego rejonu uprawy efekty użytecznej interakcji GL dla danej cechy mają stosunkowo niewielkie znaczenie (stosunek wariancji efektów interakcji GL do wariancji efektów genotypowych jest mały), wówczas w programie hodowlanym często pojawiają się genotypy o szerokiej adaptacji i hodowca może liczyć na dość efektywną selekcję takich genotypów (Troyer, 1996; Basford i Cooper, 1998; Cooper, 1999; Hill i in., 1998; Simmonds i Smartt, 1999; Cooper i in., 2001; Yan i Hunt, 2001; Annicchiarico, 2002; Yan i in., 2002; Yan i Rajcan, 2003; Mądry i Kang, 2005; de la Vega i Chapman, 2006; Navabi i in., 2006).

Po drugie, zwiększające się znaczenie efektów użytecznej interakcji GL na daną cechę, a zwłaszcza powiększający się stosunek zmienności tych efektów do zmienności efektów genotypowych w danej populacji hodowlanej i rejonie uprawy, zmniejsza częstość genotypów o szerokiej adaptacji i dlatego w programie hodowlanym redukuje szansę trafnego wyboru genotypów szeroko zaadaptowanych (Leon i Becker, 1988; Annicchiarico i Perenzin, 1994; Atlin i McRae, 1994; Atlin i in., 2000 a, b; Chapman i in., 2000; Cooper i in., 2001; Annicchiarico, 2002; Chapman i de la Vega, 2002). Dużą zmienność efektów użytecznej interakcji GL w programie hodowlanym, próbuje się wykorzystywać w hodowli, stosując dwa odrębne podejścia do selekcji genotypów pod kątem adaptacji. Pierwsze podejście polega na starannej ocenie rozpatrywanych genotypów jednocześnie

pod względem średnich genotypowych oraz reakcji na środowiska w miejscowościach całego (dużego) rejonu uprawowego. Na tej podstawie można wybrać dość rzadkie genotypy o szerokiej adaptacji w tym rejonie (Caliński i in., 1987 a, b; Lin i Binns, 1994; Weber i Westermann, 1994; Bramel-Cox, 1996; Annicchiarico, 1997, 2002; Basford i Cooper, 1998; Chapman i in., 2000; Cooper i in., 2001; Primomo i in., 2002; Mądry i in., 2003; Yan i Kang, 2003; Mądry i Kang, 2005; Navabi i in., 2006). Z racji na to, że w takich sytuacjach selekcja genotypów o szerokiej adaptacji staje się mało efektywna, proponowane jest drugie podejście do selekcji, polecane zwłaszcza dla rejonów uprawy zróżnicowanych przyrodniczo. Polega ono na podziale takiego rejonu na podrejon (tzw. megaśrodowiska), w których istnieje relatywnie mała zmienność efektów użytecznej interakcji GL. Wybiera się genotypy o szerokiej adaptacji w tych podrejonach, a więc o wąskiej adaptacji z punktu widzenia pierwotnego rejonu docelowego (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Atlin i McRae, 1994; Lin i Binns, 1994; Atlin i in., 2000 a,b; Yan i in., 2000; Cooper i in., 2001; Yan i Hunt, 2001; Annicchiarico, 2002; Collaku i in., 2002; Yan i in., 2002; Russell i in., 2003; Yan i Kang, 2003; Yang i in., 2005; Annicchiarico i in., 2006 a, b; de la Vega i Chapman, 2006).

Interakcję genotypy $\times$ lata (GY) definiujemy jako niejednakową reakcją średniej regionalnej cechy genotypów (średniej z populacji miejscowości w danym roku) na warunki pogodowe oraz presję chorób i szkodników w różnych latach. Przejawia się ona także w postaci niejednakowych w latach różnic genotypowych średnich z miejscowości (rys. 1B,D). Efekty tej interakcji są nieprzewidywalne i dlatego ich zmienność stanowi rodzaj szumu losowego, zatem nie może być ona użyteczna w hodowli roślin. Jednakże wariancja efektów interakcji GY powinna być oceniana w programie hodowlanym. Jest ona przydatna zarówno do przewidywania powtarzalności zróżnicowania (głównie rankingu) średnich genotypowych w latach uprawy oraz ryzyka nie sprawdzenia się w produkcji zarejestrowanej odmiany, jak i do wyznaczania wymaganej liczby lat w serii doświadczeń.

Interakcja miejscowości $\times$ lata (LY) polega na niejednakowym w warunkach poszczególnych lat, zróżnicowaniu średnich danej cechy pomiędzy miejscowościami. Średnie te są określone poprzez badane genotypy. Mimo, że jest to współdziałanie dwóch czynników środowiskowych, to jednak okazuje się, że jego efekty przyczyniają się do niejednakowej w latach reakcji genotypów na środowiska w miejscowościach (Brennan, i in., 1981; Westcott, 1987; Leon i Becker, 1988; Lin i Binns, 1994; Navabi i in., 2006; zobacz też rys. 1C, D). Z wielu badań wynika, że zmienność efektów interakcji LY ma duży udział w zmienności plonu pszenicy ozimej (tab. 1), a także plonu i innych ważnych cech rolniczych wielu roślin uprawnych (Patterson i in., 1977; Talbot, 1984; Westcott, 1987; Leon i Becker, 1988; Hill i in., 1998; Annicchiarico, 2002). Zatem, z powodu znaczącej interakcji LY, ilościowa reakcja cech genotypów na środowiska w miejscowościach (stabilność genotypów), jest w małym stopniu powtarzalna w latach (Leon i Becker, 1988; Annicchiarico, 2002; Navabi i in., 2006).

Interakcja GE potrójna, genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata (GLY), polega na zmianie interakcji podwójnej GL w latach (interakcja GL w latach, czyli GL(Y) jest inna)

i jednocześnie na zmianie interakcji podwójnej GY w miejscowościach (interakcja GY w miejscowościach, czyli GY(L) jest inna). Zatem interakcja GLY sprawia, że efekty interakcji GL, i przez to reakcja cechy genotypów na środowiska w miejscowościach (stabilność) stają się niepodobne (niepowtarzalne) w pojedynczych latach. Dlatego też reakcja genotypów na środowiska miejscowości w poszczególnych latach może być inna, niż ich reakcja przeciętna z lat (stabilność wieloletnia, użyteczna). Także, na skutek interakcji GLY, odpowiednio odmienne zróżnicowanie średnich genotypowych w latach staje się niepodobne w pojedynczych miejscowościach. Zatem, wtedy genotypy o przeważających średnich w pewnych latach, mogą nie posiadać tej własności we wszystkich miejscowościach rejonu docelowego. Zmienność efektów interakcji GLY dla plonu pszenicy ozimej i innych roślin uprawnych jest relatywnie duża, dominuje ona wyraźnie wśród zmienności innych efektów interakcji GE (Patterson i in., 1977; Talbot, 1984; Leon i Becker, 1988; Westcott, 1987; Hill i in., 1998; Atlin i in., 2000 a, b; Butler i in., 2000; Gravois i Bernhardt, 2000; Primomo i in., 2000; Annicchiarico, 2002; Chapman i de la Vega, 2002; Yan i in., 2002; Yan i Rajcan, 2003; Grüneberg i in., 2004; de la Vega i Chapman, 2006).

Przedstawione rozważania teoretyczne i wyniki badań doświadczalnych nad efektami interakcyjnymi dla różnych cech roślin wskazują, że z powodu zwykle dużej zmienności efektów interakcji środowiskowej LY oraz interakcji potrójnej GLY (tab. 2), należy się liczyć z częstym zróżnicowaniem (małą powtarzalnością) w latach stabilności cech genotypów. Potwierdzają to jednoznacznie badania doświadczalne dla plonu ziarna pszenicy (Leon i Becker, 1988; Weber i Westermann, 1994; Yan i in., 2000, 2002; Yan i Rajcan, 2003; Navabi i in., 2006). Natomiast, z racji na relatywnie mniejszą wariację efektów interakcji GY, niż łączna wariacja efektów interakcji LY i GLY (tab. 2), powtarzalność w latach zróżnicowania (głównie rankingu) genotypowych średnich z miejscowości jest zwykle większa, niż powtarzalność stabilności genotypów (Leon i Becker, 1988; Weber i Westermann, 1994; Yan i in., 2000, 2002; Yan i Rajcan, 2003).

Na rysunkach 1A,B,D przedstawiono ilustrację wpływu interakcji GY na relacje średnich genotypowych z miejscowości w różnych latach (powtarzalność w latach relacji średnich genotypowych z miejscowości). Natomiast na rysunkach 1A,C,D zobrazowano wpływ interakcji LY na reakcję genotypów na środowiska miejscowości w różnych latach (powtarzalność w latach stabilności genotypów). Rysunki te wykonano na podstawie sztucznych, generowanych, wyników. Utworzono cztery zestawy danych (średnich) w klasyfikacji trójkierunkowej genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata, w których tylko efekty interakcji GY i LY były zróżnicowane lub nie. Dla ułatwienia zobrazowania wpływu interakcji podwójnych GY i LY na podane wyżej atrybuty reakcji genotypów, we wszystkich czterech przypadkach założono zerowe efekty interakcji potrójnej GLY. Wiadomo, że ta interakcja zmniejsza stopień powtarzalności w latach zarówno relacji średnich genotypowych z miejscowości, jak i stabilności genotypów. Efekty interakcji użytecznej GL były niezerowe i jednakowe w każdym z czterech zestawów tych danych, więc wieloletnie reakcje trzech genotypów na środowiska miejscowości są różne.

Z dotychczasowych rozważań i relacji podanych na rysunkach 1A,B,C,D wynika, że w jednorocznych seriach wielokrotnych doświadczeń z genotypami nie można wiarygodnie określić użytecznej (przeciętnej w wieloleciu) interakcji GL, i przez to, wieloletniej średniej stabilności cech genotypów w rejonie docelowym, jeśli efekty interakcji LY lub GLY (zwłaszcza oba rodzaje efektów interakcji jednocześnie) dla tych cech są bardzo zróżnicowane. Także, na podstawie jednorocznych serii doświadczeń nie można poprawnie określić zróżnicowania i rankingu wieloletnich średnich genotypowych w rejonie uprawy, jeśli efekty interakcji GY lub GLY (zwłaszcza oba rodzaje efektów interakcji jednocześnie) dla tych cech są bardzo zróżnicowane.

CZĘŚĆ EKSPERYMENTALNA

Estymacja oraz interpretacja komponentów wariancyjnych efektów genotypowych i interakcji dla plonu ziarna pszenicy ozimej

Materiał doświadczalny

W przedstawianych badaniach wzięto pod uwagę serie doświadczeń przedrejestrowych (wstępnych) z rodami pszenicy ozimej, pochodzącymi z różnych ośrodków hodowlanych w Polsce.

Tabela 1

Genotypy pszenicy ozimej i liczebności środowisk w niekompletnej, wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń
Genotypes of winter wheat and numbers of environments in an incomplete multi-environment series of trials (MET)

Genotypy Genotypes	Liczba miejscowości w latach badań, z których pochodziły analizowane dane The testing location numbers in studied years from which the data were collected													
	1991	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004
Begra	14	14	14	14	14	14	14	14	11	7	8	7		
CHD 463	14				14	14								
EMIKA	14	14	14	14	14									
KOC 2769/87	14	14	14											
Parada	14	14	14											
Almari		14	14	14	14	14	14	14						
AND 166		14	14	14				14						
DED 315/89				14	14	14								
STH 8659					14	14	14							
Elena						14	14	14	11	7	8			
CHD 349							14	14				7		
POB 8894/91							14	14	11					
POB 858/94								14	11	7				
DAD 619									11	7		7		
Kobra									11	7	8	7	7	7
STH 321									11		8	7		
SZD 383										7	8		7	
POB 654/95											8		7	7
KORWETA												7	7	7
MOB 2355/97												7	7	7
Tonacja												7	7	7

Doświadczenia te przeprowadzono w latach 1991–2004, których koordynatorem jest Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział w Krakowie. Liczba rodów badanych w latach była różna, od 47 do 86. Natomiast liczba miejscowości w latach zmieniała się od 7 do 14 (tab. 1), były one wybierane spośród 15 miejscowości, reprezentujących przestrzeń rolniczą Polski.

Pojedyncze doświadczenia były zakładane w układzie bloków niekompletnych w 3 lub 4 powtórzeniach, zależnie od lat badań. W każdym roku układ czynnikowy stanowił kompletną klasyfikację dwukierunkową genotypy $\times$ miejscowości. Klasyfikacja trójkierunkowa genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata była bardzo niekompletna i niespójna, ponieważ w kolejnych latach badano prawie całkowicie inny zbiór rodów, otrzymywanych systematycznie w hodowli twórczej. Jednak niektóre z rodów uczestniczyły w doświadczeniach przez co najmniej dwa lata, zaś odmiany wzorcowe przez więcej, niż od 3 do 12 lat. Ten fakt umożliwił przygotowanie niekompletnej, spójnej klasyfikacji kombinacji o postaci genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata, wybranej z 14 serii jednorocznych doświadczeń wstępnych, wykonanych w wymienionych wyżej latach. W tej klasyfikacji uwzględniono 21 genotypów, w tym 13 rodów hodowlanych, badanych przez 3 lata, i 8 odmian wzorcowych, badanych od 3 do 12 lat (tab. 1). Rozpatrywane genotypy traktujemy jako próbę reprezentatywną z populacji hodowlanej (puli genowej) pszenicy ozimej, z której wyprowadzane są polskie odmiany tego gatunku.

Analiza statystyczna

Ocenę omawianych w pracy komponentów wariancyjnych efektów genotypowych, środowiskowych i interakcyjnych dla plonu ziarna, przeprowadzimy na podstawie średnich poprawionych, $\bar{x}_{ijk}$ (uzyskanych w analizie wariancji danych z doświadczeń pojedynczych w n powtórzeniach), uporządkowanych w niekompletnej, spójnej klasyfikacji genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata. Jest ona oparta na następującym liniowym modelu losowym (Cullis i in. 1996; Annicchiarico 1997, 2002; Haji i Hunt 1999; Gravois i Bernhardt 2000; Collaku i in. 2002; Grüneberg i in. 2004):

$$\bar{x}_{ijk} = m + g_i + l_j + y_k + ly_{jk} + gl_{ij} + gy_{ik} + gly_{ijk} + \bar{e}_{ijk}$$

gdzie: m jest średnią ogólną, g_i , l_j , y_k są efektami głównymi, odpowiednio i -tego genotypu ($i=1, \dots, I$), j -tej miejscowości ($j=1, \dots, J$) oraz k -tego roku ($k=1, \dots, K$), ly_{jk} jest efektem interakcji LY dla j -tej miejscowości z k -tym rokiem, gl_{ij} , gy_{ik} , ly_{jk} są efektami podwójnej interakcji GE, tj. GL, GY i LY dla odpowiednich poziomów par czynników, gly_{ijk} jest efektem interakcji GE potrójnej, tj. GLY dla odpowiednich poziomów trzech czynników, $\bar{e}_{ijk}$ jest błędem średniej poprawionej z n powtórzeń dla danej (ijk)-tej kombinacji (podklasy).

W tym modelu wszystkie efekty, oprócz średniej ogólnej, są traktowane jako zmienne losowe, dla których przyjmujemy standardowe założenia. Zakładamy więc, że efekty losowe każdego rodzaju mają wzajemnie niezależne rozkłady normalne ze średnimi równymi zero i jednakowymi wariancjami, odpowiednio dla kolejnych efektów w modelu

liniowym, równymi $\sigma_g^2, \sigma_l^2, \sigma_y^2, \sigma_{ly}^2, \sigma_{gl}^2, \sigma_{gy}^2, \sigma_{gly}^2$ i σ_e^2 . Zakładamy także niezależność efektów różnego rodzaju (Searle, 1987; Searle i in., 1992; Gravois i Bernhardt, 2000).

Estymację komponentów wariancyjnych wszystkich efektów w tym modelu wykonano za pomocą metody REML (Searle, 1987; Searle i in., 1992; Gravois i Bernhardt, 2000), posługując się pakietem GENSTAT. (2002). Wariancję błędu średniego, σ_e^2 , można

$$\text{oszacować za pomocą estymatora } \hat{\sigma}_e^2 = s_e^2 = \frac{\sum_{j=1, k=1}^{J, K} s_{e(jk)}^2}{JKn},$$

gdzie $s_{e(jk)}^2$ jest średnim kwadratem dla błędu w pojedynczym doświadczeniu wykonanym w j -tej miejscowości i k -tym roku (Annicchiarico 2002). Jednakże, w naszych rozważaniach potrzebna jest wariancja błędu, σ_e^2 , określona przy klasycznym założeniu równości wariancji błędu w pojedynczych doświadczeniach. Oszacowano ją za pomocą

$$\text{optymalnego estymatora o postaci } \hat{\sigma}_e^2 = s_e^2 = \frac{\sum_{j=1, k=1}^{J, K} s_{e(jk)}^2}{JK} \quad (\text{Annicchiarico, 2002}).$$

Obliczono także błędy standardowe ocen komponentów wariancyjnych, które wykorzystano do testowania ich istotności za pomocą przybliżonego (asymptotycznego) testu z , opartego na standaryzowanym rozkładzie normalnym zmiennej Z (Searle, 1987; Magari i Kang, 1997; Magari i in., 1997). Funkcja testowa tego testu ma postać

$$z_{emp} = \frac{\hat{\sigma}_*^2}{SE(\hat{\sigma}_*^2)}, \text{ gdzie } \hat{\sigma}_*^2 \text{ jest oceną danego komponentu wariancyjnego, otrzymaną}$$

za pomocą metody REML, zaś $SE(\hat{\sigma}_*^2)$ jest oszacowanym błędem standardowym estymatora tego komponentu wariancyjnego.

WYNIKI I DYKUSJA

W tabeli 2 podano oceny komponentów wariancyjnych dla wszystkich efektów modelu liniowego w rozważanym przykładzie oraz ich błędy standardowe (w nawiasach). W tabeli podano także wyniki podobnych badań, przeprowadzonych w innych rejonach świata. Wariancja efektów interakcji LY dla plonu ziarna pszenicy ozimej w Polsce była dominująca, nawet dwukrotnie większa od wariancji efektów głównych miejscowości i lat. Podobna relacja wariancji tych efektów środowiskowych była jeszcze bardziej wyraźna w warunkach brytyjskich i niemieckich (Talbot, 1984; Leon i Becker, 1988). Wynika stąd, że przeciętna reakcja plonu genotypów pszenicy ozimej na siedliska różnych obszarów rolniczych jest bardzo często odmienna w latach. Jej konsekwencją jest niezgodność (mała

powtarzalność) w latach reakcji genotypów (stabilności) na warunki przestrzenne rejonu rolniczego. Potwierdzili to empirycznie Leon i Becker (1988), Weber i Westermann (1994) oraz Navabi i wsp. (2006) dla pszenicy, Yan i Rajcan (2003) dla soi oraz De Ron i wsp. (2004) dla fasoli.

Tabela 2

Oceny komponentów wariancyjnych efektów genotypowych, środowiskowych i interakcyjnych dla plonu ziarna pszenicy ozimej w warunkach Polski i innych krajów
Variance components of genotypic, environmental and their interaction effects for winter wheat grain yield in Poland and other countries

Źródła zmienności Source of variation	Komponenty wariancyjne (t/ha) ² Variance components (t/ha) ²							
	Polska Poland ¹ (1991- 2004)	Wielka Brytania UK ² (1967- 1978)	Niemcy Germany ³ (1975- 1985)	Kanada Canada ⁴ (1987- 1991)	Kanada Canada ⁵ (1993- 1994)	Włochy Italy ⁶ (1990- 1992)	Australia ⁷ (1982- 1991)	Australia ⁸ (1988- 1989)
Genotypy Genotypes (G)	0,115 (0,045) ⁺	0,099	0,08-0,14	0,409	0,038	0,117	0,023	0,068
Miejscowości Locations (L)	0,495 (0,223)	0,104	0,21-1,46					
Lata Years (Y)	0,338 (0,172)	0,055	0,05-0,51					
Miejsc. × Lata (LY)	0,884 (0,114)	0,976	0,46-0,84		1,081			
Genotypy × Miejsc. (GL)	0,015 (0,009)	0,007	0,01-0,07	0,037	0,013	0,043	0,008	0,064
Genotypy × Lata (GY)	0,047 (0,014)	0,022	0,04-0,12	0,020	0,014	0,024	0,010	0,001
Genotypy × Miejsc. × Lata (GLY)	0,179 (0,014)	0,113	0,09-0,25	0,323	0,058	0,179	0,053	0,056
GE=GL+ GY +GLY	0,241	0,142	0,14-0,44	0,380	0,085	0,246	0,071	0,121
Błąd Error (E)	0,218	0,128		0,343	0,171	0,250	0,087	0,175

¹ Wyniki własne own results, ² Talbot 1984, ³ Leon i Becker 1988, ⁴ Atlin i McRae 1994,

⁵ Haji i Hunt 1999, ⁶ Annicchiarico and Perenzin 1994, ⁷ Cullis i in., 1996, ⁸ Cooper i in, 2001

⁺ W nawiasach podano błędy standardowe ocen komponentów wariancyjnych; In brackets are given standard errors for the variance components' estimates

Wariancja efektów interakcji GL (powtarzalnej, użytecznej) dla plonu ziarna pszenicy ozimej w badaniach własnych była około 7-krotnie mniejsza, niż wariancja głównych efektów genotypowych. Podobne relacje tych wariancji stwierdzono w badaniach w Wielkiej Brytanii, Niemczech i Kanadzie (Talbot, 1984; Leon i Becker, 1988; Atlin i McRae, 1994; Haji i Hunt, 1999), zaś trochę odmienne, we Włoszech i Australii (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Cullis i in., 1996). Wskazywałoby to, że w cytowanych programach hodowli pszenicy i docelowych rejonach uprawy, uporządkowanie średnich genotypowych (średnich wieloletnich) rodów hodowlanych jest dość podobne w różnych środowiskach tych przestrzeni. Dlatego też, dość skuteczna może być hodowla odmian plonujących stabilnie i szeroko zaadaptowanych średnio w latach. Jednakże, w innych

badaniach australijskich (Cooper i in., 2001) zmienność genotypowa plonu ziarna pszenicy była podobna do zmienności efektów interakcji GL, co nakazywałoby patrzeć sceptycznie na selekcję odmian o szerokiej adaptacji i skłaniałoby do prób wyboru genotypów wąsko zaadaptowanych do podrejonów. Taką właśnie doktrynę hodowli wdraża się z dobrym skutkiem w Australii.

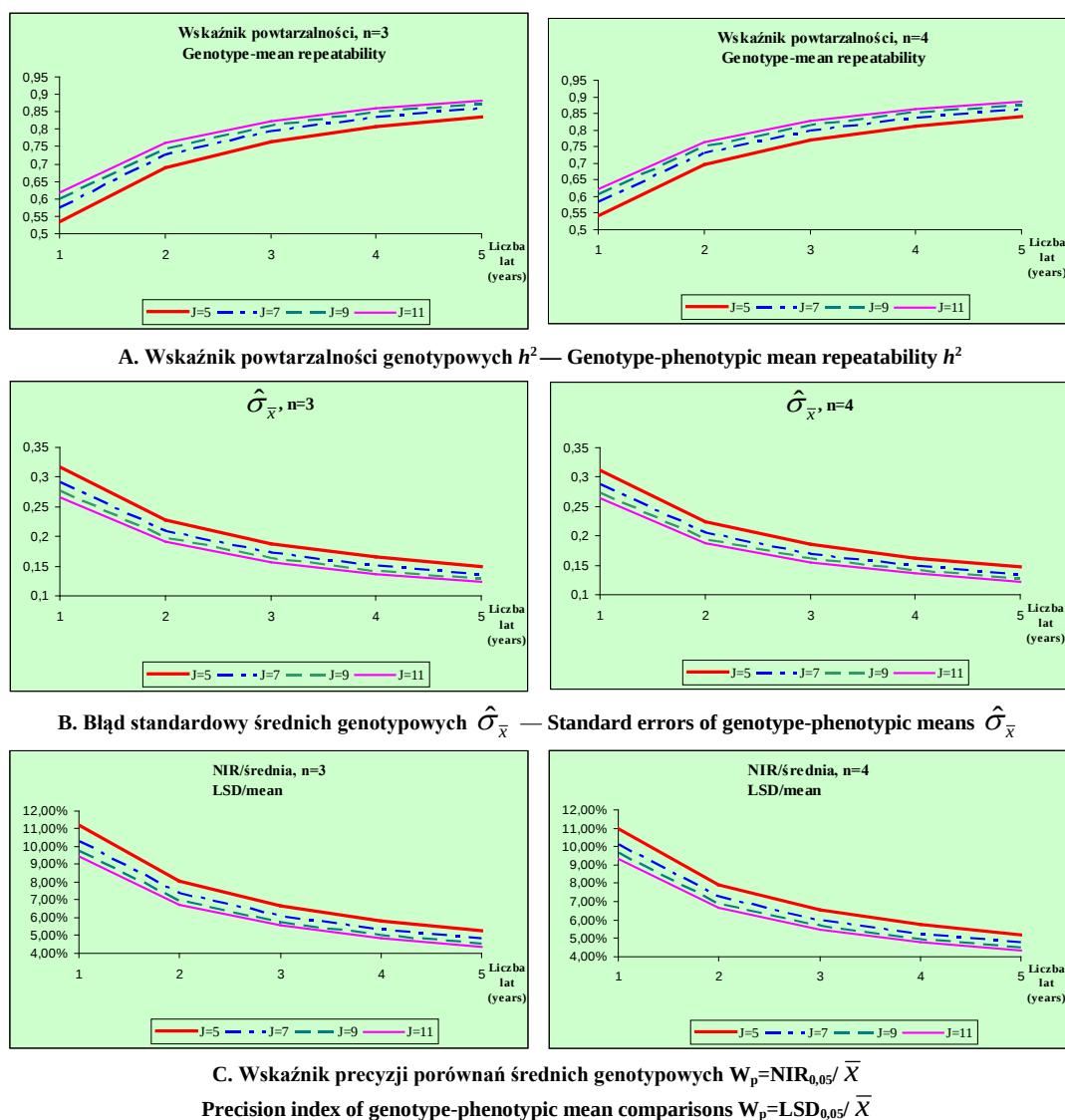
Wariancja efektów interakcji GY w badaniach własnych oraz badaniach brytyjskich i niemieckich była około 3-krotnie większa, niż wariancja efektów interakcji GL. Sugeruje to, że w tych programach hodowlanych większa jest szansa znalezienia genotypów pszenicy ozimej o wieloletniej szerokiej adaptacji dla plonu, niż o wysokim średnim plonowaniu w rejonie, powtarzalnym w latach.

Zarówno w badaniach własnych, jak i innych na świecie stwierdzono dominację wariancji efektów potrójnej GLY w całkowitej wariancji efektów interakcyjnych GE dla plonu ziarna pszenicy ozimej. Biorąc więc pod uwagę dużą zmienność efektów interakcji środowiskowej LY oraz efektów interakcji potrójnej GLY, należy się poważnie liczyć z różną w latach reakcją plonu genotypów pszenicy na warunki środowiskowe w miejscowościach badanych rejonów uprawy. Dlatego, tak bardzo ważna jest ocena użytecznej (wieloletniej) interakcji GL oraz średniej wieloletniej stabilności genotypów w docelowym rejonie uprawy (Caliński i in., 1987 a, b; Leon i Becker, 1988; Annicchiarico i Perenzin, 1994; Lin i Binns 1994; Bramel-Cox 1996; Annicchiarico 1997; 2002; Russell i in., 2003; Yan i Rajcan 2002; Yan i in. 2002; Yang i in. 2005; Annicchiarico i in., 2006 a, b).

Uwagę zwraca relatywnie duża wariancja błędu doświadczalnego (zmienność efektów czynników niekontrolowanych poletek) na plon ziarna pszenicy, zarówno w doświadczeniach polskich, jak i zagranicznych. Zatem, mimo stosowania niekompletnych układów blokowych oraz nierzadko wysublimowanych metod, usuwających efekty sąsiedzkie i efekty współzawodnictwa z błędu doświadczalnego, jego wariancja jest nadal bardzo duża, zwykle większa, niż wariancja efektów genotypowych lub interakcyjnych.

Wykorzystanie ocen komponentów wariancyjnych do badania precyzji średnich fenotypowych genotypów

Omawiane w pracy komponenty wariancyjne mogą być wykorzystane do różnorodnego wnioskowania o ogólnych prawidłowościach reakcji cech ilościowych genotypów w obrębie zasobów genowych programu hodowlanego i rejonu docelowego. W poprzednim rozdziale przedstawiono pierwsze, najbardziej generalne zastosowanie interesujących komponentów wariancyjnych w przewidywaniu efektywności selekcji genotypów szeroko lub wąsko zaadaptowanych i wprowadzaniu ewentualnych zmian priorytetów w danym programie hodowlanym. W takich badaniach wnioskowanie oparte jest na (a) wartościach ocen komponentów wariancyjnych efektów genotypowych, różnych efektów interakcji GE oraz efektów interakcji środowiskowej (miejscowość $\times$ lata) oraz (b) wzajemnych relacjach wymienionych komponentów wariancyjnych.



Rys. 2. Charakterystyki dokładności średnich fenotypowych genotypów dla plonu ziarna pszenicy ozimej przy różnej liczbie badanych miejscowości, lat i powtórzeń
Fig. 2. Characteristics of genotype-phenotypic mean precision for winter wheat grain yield at different number of testing locations, years and replicates

Drugie zastosowanie rozważanych komponentów wariancyjnych jest podane i zilustrowane w tym rozdziale. Polega ono na wykorzystaniu ich ocen do (1) estymacji charakterystyk dokładności szacowania średnich genotypowych danej cechy, za pomocą

średnich fenotypowych (średnich $\bar{x}_i = \left(\sum_{j=1, k=1}^{J, K} \bar{x}_{ijk} \right) / JK$, obliczonych z obserwacji w serii

doświadczeń, wykonanej w wylosowanych I miejscowościach, J latach i n powtórzeniach, w obrębie docelowego rejonu rolniczego oraz (2) wyznaczenia przewidywanego postępu genetycznego przy selekcji genotypów na podstawie serii doświadczeń z wymienionymi liczebnościami środowisk i powtórzeń (Patterson i in. 1977; Talbot, 1984; 1997; Cullis i in., 1996; DeLacy i in., 1996; Atlin i in., 2000; Gravois i Bernhardt, 2000; Cooper i in., 2001; Annicchiarico, 2002; Baker, 2002; Feyerherm i in., 2004; de la Vega i Chapman, 2006) oraz (3) określenia optymalnej, wśród praktycznie możliwych, alokacji zasobów hodowlanych w systemie doświadczeń testowych.

Ze względu na ograniczenia objętości tej pracy, zajmiemy się tylko charakterystykami dokładności średnich fenotypowych genotypów w rejonie. Rozpatrzmy wskaźnik powtarzalności (wskaźnik odziedziczalności w szerszym sensie) średnich fenotypowych genotypów, błąd standardowy tych średnich oraz wskaźnik precyzji ich porównań. Estymator wskaźnika powtarzalności średnich fenotypowych genotypów, h^2 , jest następujący (Fehr 1987; Cullis i in. 1996; Gravois i Bernhardt 2000; Cooper i in. 2001; Annicchiarico 2002; Baker 2002; Chapman i de la Vega 2002; de la Vega i Chapman 2006):

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\hat{\sigma}_g^2 + \frac{\hat{\sigma}_{gl}^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_{gy}^2}{K} + \frac{\hat{\sigma}_{gly}^2}{JK} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{JKn}}$$

Jest on oceną współczynnika regresji liniowej nieobserwowalnej prawdziwej wartości genotypowych od obserwowalnych wartości średnich fenotypowych genotypów w obrębie danej populacji hodowlanej i środowisk, stanowiącym miarę zgodności różnic średnich fenotypowych i genotypowych w tej populacji (Simmonds i Smartt, 1999; Baker, 2002). Wskaźnik powtarzalności średnich fenotypowych, h^2 , jest także interpretowany jako miara szansy stwierdzenia tej samej różnicy średnich fenotypowych między genotypami w innych seriach doświadczeń lub w masowej praktyce rolniczej (Fehr, 1987; Cooper i in., 2001; Chapman i de la Vega, 2002).

Błąd standardowy średnich fenotypowych genotypów może być oceniony następująco:

$$\hat{\sigma}_{\bar{x}_i} = \sqrt{\frac{\hat{\sigma}_{gl}^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_{gy}^2}{K} + \frac{\hat{\sigma}_{gly}^2}{JK} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{JKn}}$$

Natomiast klasyczny wskaźnik precyzji porównań. średnich fenotypowych genotypów, jako iloraz NIR i średniej ogólnej z doświadczenia, $\bar{x}$, ocenia się następująco:

$$W_p = \frac{NIR}{\bar{x}} 100\% = \frac{\sqrt{2\hat{\sigma}_{\bar{x}_i}^2} \times t_{v,\alpha}}{\bar{x}} 100\% = \frac{\sqrt{2\left(\frac{\hat{\sigma}_{gl}^2}{J} + \frac{\hat{\sigma}_{gy}^2}{K} + \frac{\hat{\sigma}_{gly}^2}{JK} + \frac{\hat{\sigma}_e^2}{JKn}\right)} \times t_{v,\alpha}}{\bar{x}} 100\%$$

Korzystając z ocen komponentów wariancyjnych dla plonu ziarna pszenicy ozimej (tab. 2), obliczono wartości wskaźnika powtarzalności średnich fenotypowych genotypów (h^2), błędu standardowego tych średnich ($\hat{\sigma}_{\bar{x}_i}$) oraz wskaźnika precyzji ich porównań (W_p) przy różnej liczbie miejscowości, lat i powtórzeń, zastosowanych w serii doświadczeń. Wyniki tych symulacji przedstawiono odpowiednio na rysunku 2 A, B i C (Cooper i in., 2001; de la Vega i Chapman, 2006). Wynika z nich, w jaki sposób następuje kompensacja zmniejszonej liczby lat przez zwiększoną liczbę miejscowości i powtórzeń w serii doświadczeń w osiąganiu rozsądnych wartości charakterystyk precyzji średnich fenotypowych genotypów w rejonie. Na podstawie tych wykresów można wybrać takie kombinacje liczb miejscowości, lat i powtórzeń w serii doświadczeń, przy których uzyska się wystarczająco wiarygodną ocenę średnich genotypowych genotypów (Patterson i in., 1977; Brennan i in., 1981; Talbot, 1984, 1997; Westcott, 1987; Cullis i in., 1996; Haji i Hunt, 1999; Atlin i in., 2000 a, b; Butler i in., 2000; Cooper i in. 2001; Baker 2002; de la Vega i Chapman, 2006). Przykładowo, na podstawie danych z co najmniej dwuletniej serii doświadczeń z 3 powtórzeniami, wykonanej w co najmniej 5 miejscowościach, wylosowanych z docelowego rejonu uprawy, osiąga się powtarzalność średnich fenotypowych genotypów, równą co najmniej 0,7, zaś błąd standardowy tych średnich nie większy, niż 3% średniej ogólnej, a wskaźnik precyzji ich porównań równy co najwyżej 8% średniej ogólnej.

WNIOSKI

1. Efekty interakcji środowiskowej (miejscowości $\times$ lata), LY, są ważne przy ocenie genotypów w hodowli roślin, podobnie jak efekty interakcji genotypy $\times$ środowiska, GE — pojawienie się efektów LY zmniejsza powtarzalność w latach stabilności genotypów w obrębie rejonu rolniczego.
2. W zmiennych warunkach przyrodniczych Polski oraz wielu innych krajów na świecie, wariancja efektów interakcji środowiskowej (miejscowości $\times$ lata) ma największy udział w zmienności plonu ziarna zasobów genowych w hodowli pszenicy ozimej, zaś efekty interakcji potrójnej genotypy $\times$ miejscowości $\times$ lata mają największe znaczenie wśród wszystkich efektów interakcji GE; efekty interakcji genotypy $\times$ miejscowości są często mniej zmienne, niż efekty genotypowe i efekty interakcji genotypy $\times$ lata.
3. W jednorocznych seriach wielokrotnych doświadczeń z genotypami nie można określić wiarygodnie użytecznej (przeciętnej w wieloleciu) interakcji GL i, przez to, wieloletniej (użytecznej) stabilności cech genotypów w docelowym rejonie uprawy, jeśli efekty interakcji środowiskowej, LY, lub interakcji potrójnej GLY (zwłaszcza oba rodzaje wymienionych efektów interakcji jednocześnie) dla tych cech mają relatywnie dużą zmienność.
4. W jednorocznych seriach wielokrotnych doświadczeń z genotypami nie można też określić wiarygodnie zróżnicowania i rankingu wieloletnich średnich genotypowych cech w rejonie uprawy, jeśli efekty interakcji GY lub GLY (zwłaszcza oba rodzaje wymienionych efektów jednocześnie) dla tych cech mają relatywnie dużą zmienność.

5. Analiza komponentów wariacyjnej efektów genotypowych oraz interakcyjnych dla plonu i innych cech użytkowych roślin mogłaby być rutynowym kierunkiem badań programów hodowlanych i testowania genotypów na użytek ich rejestracji jako odmian, ponieważ jest ona nietrudnym i przydatnym narzędziem do przewidywania efektywności różnych celów w hodowli roślin (hodowla genotypów o szerokiej lub wąskiej adaptacji) oraz do doskonalenia alokacji testowanych genotypów w przestrzeni i czasie (ustalenie odpowiednich, spośród realnie możliwych, liczb miejscowości, lat i powtórzeń w serii doświadczeń).

LITERATURA

- Annicchiarico P. 1997. Joint regression vs AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica* 94: 53 — 62.
- Annicchiarico P. 2002. Genotype $\times$ Environment Interactions — Challenges and Opportunities for Plant Breeding and Cultivar Recommendations. FAO, Rome. Plant Production and Protection Paper — 174.
- Annicchiarico P., Bellah F., Chiari T. 2006a. Repeatable genotype-location interaction and its exploitation by conventional and GIS-based cultivar recommendation on for durum wheat in Algeria. *Eur. J. Agron.* 24: 70 — 81.
- Annicchiarico P., Perenzin M. 1994. Adaptation patterns and definition of macro-environments for selection and recommendation of common wheat genotypes in Italy. *Plant Breeding* 113: 197 — 205.
- Annicchiarico P., Russi L., Piano E., Veronesi F. 2006 b. Cultivar adaptation across Italian locations in four turfgrass species. *Crop Sci.* 46: 264 — 272.
- Atlin G. N., McRae K. B., Lu X. 2000 a. Genotype $\times$ region interaction for two-row barley yield in Canada. *Crop Sci.* 40: 1 — 6.
- Atlin G. N., Baker R. J., McRae K. B., Lu X. 2000 b. Selection response in subdivided target regions. *Crop Sci.* 40: 7 — 13.
- Atlin G. N., McRae K. B. 1994. Resource allocation in Maritime cereal cultivar trials. *Can. J. Plant Sci.* 74: 501 — 505.
- Baenziger P. S., Clements R. L., McIntosh M. S., Yamazaki W. T., Starling T. M., Sammons D. J., Johnson J. W. 1985. Effects of cultivar, environment and their interaction and stability analyses on milling and baking quality of soft red winter wheat. *Crop Sci.* 22: 5 — 8.
- Baker R. J. 2002. Genotype-environment interaction. <http://homepage.usask.ca/~rjb609/gxe.html>.
- Basford H. E., Cooper M. 1998. Genotype $\times$ environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. *Aust. J. Agric. Res.* 49: 153 — 174.
- Bernardo R. 2002. Breeding for quantitative traits in plants. Stemma Press, Woodbury, USA.
- Bramel-Cox P. J. 1996. Breeding for reliability of performance across unpredictable environments. In: M. S. Kang and H. G. Gauch (ed.) Genotype-by-environment interaction CRC Press, Boca Raton, FL: 309 — 339.
- Brennan P. S., Byth D. E., Drake D. W., DeLacy I. H., Butler D. G. 1981. Determination of the location and number of test environments for a wheat cultivar evaluation program. *Aust. J. Agric. Res.* 32: 189 — 201.
- Butler D. G., Redden R. J., DeLacy I. H., Usher T. 2000. Analysis of line $\times$ environment interactions for yield in navy beans. 1. Components of variance. *Austr. J. Agric. Res.* 51: 597 — 605.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 a. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. *Biul. Oceny Odmian* 17/18: 7 — 33.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 b. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Example. *Biul. Oceny Odmian* 17/18: 35 — 71.
- Chapman S. C., Cooper M., Butler D. G., Henzell R. G. 2000. Genotype by environment interactions affecting grain sorghum. I. Characteristics that confound interpretation of hybrid yield. *Austr. J. Agric. Res.* 51: 197 — 208.

- 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.
- Collaku A., Harrison S. A., Finney P. L., Van Sanford D. A. 2002. Clustering of environments of southern soft red winter wheat region for milling and baking quality attributes. *Crop Sci.* 42: 58 — 63.
- Cooper M. 1999. Concepts and strategies for plant adaptation research in rainfed lowland rice. *Field Crops Research* 64: 13 — 34.
- 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.
- Cullis B. R., Thomson F. M., Fisher J. A., Gilmour A. R., Thompson R. 1996. The analysis of the NSW wheat variety database. II. Variance component estimation. *Theor. Appl. Genet.* 92: 28 — 39.
- de la Vega A. J., Chapman S. C. 2006. Defining sunflower selection strategies for a highly heterogeneous target population of environments. *Crop Sci.* 46: 136 — 144.
- De Ron A. M., Casquero P. A., González A. M., Santalla M. 2004. Environmental and genotypic effects on pod characteristics related to common bean quality. *J. Agron. Crop Sci.* 190: 248 — 255.
- DeLacy I. H., Basford K. E., Cooper M., Bull J. K., McLaren C. G. 1996. Analysis of multi-environment trials a historical perspective. In: M. Cooper and G. L. Hammer (Ed.) *Plant adaptation and crop improvement*. CAB Int., Wallingford, Oxon, UK: 39 — 124.
- Fehr W. R. 1987. *Principles of cultivar development: Theory and technique*. Vol. 1. MacMillan, New York.
- Feyerherm A. M., Paulsen G.M., Fritz A. K. 2004. A statistical method for summarizing results of cultivar performance trials. *Agron. J.* 96: 992 — 996.
- GENSTAT. 2002. *The guide to Genstat. Release 6.1*. VSN International. Oxford, UK.
- Grausgruber H., Oberforster M., Werteker M., Ruckebauer P., Vollmann J. 2000. Stability of quality traits in Austrian-grown winter wheats. *Field Crops Research* 66: 257 — 267.
- Gravois K. A., Bernhardt J. L. 2000. Heritability and genotype x environment interactions for discolored rice kernels. *Crop Sci.* 40: 314 — 318.
- Grüneberg W. J., Abidin E., Ndolo P., Pereira C. A., Hermann M. 2004. Variance component estimations and allocation of resources for breeding sweet potato under East African conditions. *Plant Breeding* 123: 311 — 315.
- Haji H. M., Hunt L.A. 1999. Genotype × environment interactions and underlying environmental factors for winter wheat in Ontario. *Can. J. Plant Sci.* 79: 497 — 505.
- Hill J., Becker H. C., Tigerstedt P. M. A. 1998. *Quantitative and ecological aspects of plant breeding*. Chapman and Hall, London.
- Kang M.S. 2002. Genotype-environment interaction: Progress and prospects. In: M. S. Kang (Ed), *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*, CAB International Wallingford, UK 221 — 243.
- Leon J., Becker H. C. 1988. Repeatability of some statistical measures of phenotypic stability. Correlations between single - year results and multi-years results. *Plant Breeding* 100: 137 — 142.
- Lin C. S., Binns M. R. 1994. Concepts and methods for analyzing regional trial data for cultivar and location selection. *Plant Breeding Reviews* 12: 271 — 297.
- Mądry W., Drzazga T., Laudański Z., Rajfura A., Krajewski P., Sieczko L. 2003. Statystyczna analiza adaptacji genotypów pszenicy ozimej na podstawie mieszanych modeli genotypowo-środowiskowych. *Fragmenta Agronomica* 80: 10 — 31.
- Mądry W. 2004. Modele i metody statystyczne analizy interakcji genotypowo-środowiskowej, stabilności i adaptacji genotypów. *Post. Nauk Roln.* 2/308: 29 — 43.
- Mądry W., Kang M. S. 2005. Scheffé-Caliński and Shukla models: their interpretation and usefulness in stability and adaptation analyses. *Journal of Crop Improvement*, 14:325 — 369.
- Magari R., Kang M. S. 1997. SAS-STABLE: stability analysis of balanced and unbalanced data. *Agron. J.* 89: 829 — 832.
- Magari R., Kang M.S., Zhang Y. 1997. Genotype by environment interaction for ear moisture loss rate in corn. *Crop Sci.* 37: 774 — 779.
- Navabi A., Yang R. C., Helm J., Spaner D. M. 2006. Can spring wheat-growing megaenvironments in the Northern Great Plains be dissected for representative locations or niche-adapted genotypes? *Crop Sci* 46:1107 — 1116

- Patterson H. D., Silvey V., Talbot M., Wheatherup T. C. 1977. Variability of yields of cereal varieties in U.K. trials. *J. Agric. Sci. Camb.* 89: 239 — 245.
- Peterson C. J., Graybosch R. A., Shelton D. R., Baenziger P. S. 1998. Baking quality of hard winter wheat: Response of cultivars to environment in the Great Plains. *Euphytica* 100: 157 — 162.
- Primomo V. S., Falk D. E., Ablett G. R., Tanner J. W., Rajcan I. 2002. Genotype $\times$ environment interactions, stability, and agronomic performance of soybean with altered fatty acid profiles. *Crop Sci.* 42: 37 — 44.
- Russell W. K., Eskridge K. M., Travnicek D. A., Guillen-Portal F. R. 2003. Clustering environments to minimize change in rank of cultivars. *Crop Sci.* 43: 858 — 864.
- Searle S. R. 1987. Linear models for unbalanced data. J. Wiley & Sons, New York.
- Searle S. R., Casella G., McCulloch C. E. 1992. Variance components. John Wiley & Sons, New York.
- Simmonds N.W., Smartt J. 1999. Principles of Crop Improvement. Blackwell Science, Oxford.
- Sudarić A., Šimic D., Vratarić M. 2006. Characterization of genotype by environment interactions in soybean breeding programmers of southeast Europe. *Plant Breeding* 125: 191 — 194.
- Talbot M. 1984. Yield variability of crop varieties in the UK. 1984. *J. Agric. Sci.* 102: 315 — 321.
- Talbot M. 1997. Resource allocation for selection systems. In: "Kempton R. A., Fox P. N., (Ed). Statistical methods for plant variety evaluation", Chapman and Hall, London: 162 — 174.
- Troyer A. F. 1996. Breeding for widely adapted popular maize hybrids. *Euphytica* 92: 163 — 174.
- Weber W. E., Westermann T. 1994. Prediction of yield for specific locations in German winter-wheat trials. *Plant Breeding* 113: 99 — 105.
- Westcott B. 1987. Yield assessment. In: Lupton F. G. H. (Ed.) *Wheat breeding its scientific basis*. Chapman and Hall, London: 339 — 368.
- Yan W. Kang M. S. 2003. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Yan W., Hunt L. A. 2001. Interpretation of genotype-environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci.* 41: 19 — 25.
- Yan W., Hunt L.A., Johnson P., Stewart G., Lu X. 2002. On-farm strip trials vs. replicated performance trials for cultivar evaluation. *Crop Sci.* 42: 385 — 392.
- Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavniks Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40: 597 — 605.
- Yan W., Rajcan I. 2002. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11 — 20.
- Yan W., Rajcan I. 2003. Prediction of cultivar performance based on single versus multiple-year tests in soybean. *Crop Sci.* 43: 549 — 555.
- Yang R. C., Blade S. F., Crossa J., Stanton D., Bandara M. S. 2005. Identifying isoyield environments for field pea production. *Crop Sci.* 45: 106 — 113.

RYSZARD WEBER¹**DARIUSZ ZALEWSKI**²¹ Instytut Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa w Puławach, Zakład Technik Uprawy Roli i Nawożenia, Jelcz-Laskowice² Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Wrocław

Wpływ interakcji genotypowo-środowiskowej na plonowanie pszenicy ozimej*

The effect of genotype-environment interaction on yielding of winter wheat

Analizowano zmienność plonowania 8 odmian pszenicy ozimej na Dolnym Śląsku w latach 2001–2003 na podstawie Krajowego Programu Porejstrowego doświadczałnictwa Odmianowego. Plony odmian z pięciu miejscowości — środowisk Polski południowo-zachodniej porównywano w warunkach intensywnej i standardowej uprawy roli. Odmiany Kris, Jawa i Kobra odznaczały się istotnie wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów zarówno w systemie intensywnej uprawy jak również w wariancie standardowym i powinny być zalecane do uprawy na terenie Dolnego Śląska. Natomiast znaczne obniżenie plonowania odnotowano u odmian Zyta i Soraja w systemie uprawy charakteryzującym się niższą dawką nawożenia azotowego i brakiem stosowania fungicydów. Analiza dyskryminacyjna wykazała zróżnicowany wpływ środowiska (miejscowości) na zmienność plonowania odmian pszenicy. Na kompleksach psennym bardzo dobrym i dobrym uzyskano istotnie wyższe plony w porównaniu do kompleksu psennego wadliwego i żytniego bardzo dobrego.

Słowa kluczowe: analiza dyskryminacyjna, interakcja $G \times E$, plony pszenicy ozimej

Yields of eight cultivars of winter wheat were evaluated in post-registration (recommended list) trials in Lower Silesia in the years 2001–2003. The experiments were conducted in standard and intensive cropping systems at five locations differing in weather and soil conditions. Wheat cultivars Kris, Jawa and Kobra were the best yields in both systems. A low level of nitrogen fertilization and no treatment with fungicides resulted in low yields of cvs Zyta and Soraja in a standard cropping system. Discriminatory analysis revealed the influence of environmental conditions (locations) upon yield variation. The cultivars yielded significantly higher on highly fertile very good or good wheat complexes (soils suitable for growing wheat and rye) than on defective wheat complex or very good rye complex.

Key words: discriminatory analysis, $G \times E$ interaction, winter wheat yields

* Praca wykonana w ramach Krajowego Programu Porejstrowego Doświadczałnictwa Odmianowego koordynowanego przez COBORU

WSTĘP

Znaczna intensyfikacja uprawy zbóż oraz związane z nią duże nakłady na środki ochrony roślin i nawozy spowodowały, że obecnie w celu obniżenia kosztów produkcji wprowadza się przyjazne środowisku zróżnicowane metody gospodarowania. Programy rolno-środowiskowe jako instrument polityki rolnej w krajach Unii Europejskiej propagują stosowanie metod niskonakładowych — rolnictwo zrównoważone lub ekologiczne (Duer i in., 2004). Wysokie dawki nawożenia azotowego powodują nagromadzenie się mineralnych form azotu w glebie i przyczyniają się do zanieczyszczenia wód gruntowych i powierzchniowych (Chwil, 2004; Blankenau i in., 2002; Olness i in., 1998). Również stosowanie różnorodnych środków ochrony roślin może spowodować wyższe nagromadzenie się substancji aktywnych zarówno w glebie, jak i w ziarnie uprawianych odmian pszenicy (Domaradzki, 2004). Odmiany pszenicy ozimej wykazują zróżnicowaną reakcję na nawożenie azotem (Budzyński i in., 2004). Badania Podolskiej (2004) wyróżniły dwie grupy odmian pszenicy ozimej reagujących wysokim plonowaniem przy stosowaniu wysokich lub średnich dawek nawożenia azotowego. Wykazano również, że dawki powyżej 160 N/ha nie warunkowały istotnych wyżek plonów (Sieling i in., 1998). Plony odmian pszenicy ozimej w dużym stopniu uzależnione są od warunków środowiska. Stwierdzono, że odmiany różnią się odpornością na deficyt wody szczególnie w krytycznych fazach rozwoju (Gupta i in., 2001; Camara i in., 2003; Foulkes i in., 2001). Badania Jończyka (2002) wykazały zmienną reakcję odmian na intensywny i ekstensywny system produkcji. Istotność interakcji genotypowo-środowiskowej szczególnie w warunkach suszy stwierdzono również w innych doniesieniach (Domitruk i in., 2001; Vraga i in., 2000). Natomiast inni autorzy stwierdzili, że odmiany odznaczające się wysokim plonem w konwencjonalnym — płużnym systemie uprawy roli plonowały również na zadawalającym poziomie w warunkach stosowania bezpłużnych metod (Weisz i in., 1999). Celem było określenie zmienności plonowania i ocena interakcji genotypowo-środowiskowej wybranych odmian pszenicy ozimej w zróżnicowanych środowiskach Dolnego Śląska.

MATERIAŁ I METODY

W badaniach wykorzystano plony 8 odmian pszenicy ozimej uzyskane w doświadczeniach Porejstrowego Doświadczalnictwa Polowego (PDO) na Dolnym Śląsku (tab. 1). Spośród doświadczeń PDO wytypowano 5 miejscowości (środowisk) odznaczających się zróżnicowanymi warunkami glebowymi.

Kompleksy glebowo — rolnicze poszczególnych doświadczeń — środowisk:

- Jelcz Laskowice — kompleks żytni bardzo dobry,
- Krościna — kompleks pszeniczny dobry,
- Kobierzyce — kompleks pszeniczny bardzo dobry,
- Tarnów — kompleks pszeniczny dobry,
- Tomaszów Bolesławiecki — kompleks pszeniczny wadliwy.

Tabela 1

Sumy opadów (mm) i średnia dobową temperatura powietrza (°C) w okresie wegetacji
Rainfall (mm) and mean twenty-four hrs air temperature (°C) during the vegetation

Wyszczególnienie Specification	Miesiąc Month						Okres Period
	III	IV	V	VI	VII	VIII	III–VIII
Opady — średnie z wielolecia Many-years mean precipitation	30,3	36,1	63,7	70,8	77,4	69,9	348,2
Odchylenia od średnich (mm) Deviation from means (mm)							
2001	+3,0	+4,8	+5,1	+0,4	+3,4	+10,1	+26,8
2002	-18,4	+22,1	+15,7	-17,1	-22,6	-13,4	-33,7
2003	-14,1	-16,5	+6,0	-43,2	+0,7	-10,5	-77,6
Temperatura — średnie z wielolecia Many-years mean temperature	3,1	8,0	13,3	16,6	17,8	17,3	+12,7
Odchylenia od średnich (°C) Deviation from means							
2001	+0,1	+0,3	+1,5	+1,5	+1,4	+1,3	+1,0
2002	+1,9	-0,3	+3,9	+1,5	+2,6	+2,8	+2,1
2003	+0,1	+0,5	+2,4	+3,1	+1,9	+2,6	+10,6

Analizowano 3-letni okres uprawy odmian pszenicy w latach 2001–2003. Powierzchnia poletka w każdym doświadczeniu wynosiła 15 m². Łagodne zimy w latach 2000/2001 i 2001/2002 wpłynęły na bardzo dobre przezimowanie badanych odmian. Natomiast niskie temperatury na przełomie roku 2002 i 2003, brak okrywy śnieżnej oraz mroźne wschodnie wiatry spowodowały wymarzenie roślin. Czynnikiem znacznie różnicującym plony badanych odmian były niewyrównane opady deszczu w analizowanych środowiskach. Rok 2001 odznaczał się w trakcie wegetacji pszenicy zbliżonymi średnimi temperaturami i opadami deszczu w porównaniu do średnich z wielolecia. W maju 2001 roku zanotowano jednak obniżone opady deszczu w miejscowościach Jelcz Laskowice, Tomaszów i Kobierzyce. Natomiast w 2002 roku w Jelczu Laskowicach i Tomaszowie wystąpiły niedobory opadów w okresie letnim (koniec czerwca — lipiec). Przejściowa susza w 2003 roku w fazie końca krzewienia i strzelania w źdźbło spowodowała również znaczne obniżenie plonów w Tomaszowie, Tarnowie i Jelczu Laskowicach w porównaniu do pozostałych miejscowości (tab. 1). Doświadczenia te założono w dwu powtórzeniach metodą pasów prostopadłych porównując wariant standardowy z intensywnym systemem uprawy roli. System intensywny różnił się od standardowego wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, pełną ochroną chemiczną przed chorobami grzybowymi, stosowaniem antywylegacza oraz dolistnym dokarmianiem roślin preparatem wieloskładnikowym (tab. 2). Nawożenie pozostałymi makroelementami oraz inne zabiegi agrotechniczne wykonywano w jednakowym zakresie na wszystkich poletkach analizowanych doświadczeń. Wytypowane odmiany badano w dwu powtórzeniach rozważając oddzielnie wariant intensywny lub podstawowy jako metodę losowanych bloków. Obliczenia przeprowadzono biorąc za podstawę średni plon uzyskany z każdego poletka w 5 miejscowościach przez okres 3 lat. W celu oceny zmienności plonowania analizowanych odmian pszenicy wykorzystano wielozmienną analizę wariancji

(MANOVA) oraz metodę analizy dyskryminacyjnej, którą opisano w opracowaniach Krzyński (1990), Mądrego (1993) oraz Calińskiego i Chudzik (1980).

Tabela 2

Warunki w analizowanych środowiskach w latach 2001–2003
Environmental conditions in 2001–2003

Wyszczególnienie Specificaion	Tarnów	Kobierzyce	Tomaszów	Krościna	Jelcz-Laskowice
Kompleks gleb Soil complex	2	1	3	2	4
Klasa bonitacyjna gleby Soil bonitation class	IIIa	II	Ivb	IIIb	Iva
Zasobność gleby P ₂ O ₅ P ₂ O ₅ content in soil	14,0	26,0	25,0	51,5	19,2
Zasobność gleby K ₂ O K ₂ O content in soil	24,5	32,0	16,0	24,8	17,6
Zasobność gleby Mg Mg content in soil	15,0	2,5	3,3	5,2	7,10
pH gleby pH of soil	5,9	6,8	7,0	6,6	5,7
Przedplon Forecrop	Rzepak ozimy	Kukurydza	Groch	Rzepak ozimy	Rzepak ozimy
Nawożenie N - a1 Nitrogen rates-a1(kg ha ⁻¹)	110	94	120	102	90
Nawożenie N - a2 Nitrogen rates-a2(kg ha ⁻¹)	150	134	160	143	130
Nawożenie P ₂ O ₅ Phosphate rates (kg ha ⁻¹)	80	36	40	78	100
Nawożenie K ₂ O Potassium rates (kg ha ⁻¹)	90	96	90	108	150
Zaprawa nasienna Seed dressing	Funaben T	Oxafun T	Oxafun T	FunabenT	Oxafun T
Herbicyd Herbicide	Huzar 0,2 l ha ⁻¹	Glean 25g ha ⁻¹	Quazar 1,5 l ha ⁻¹	Glean 25g ha ⁻¹	Glean 25g ha ⁻¹
Fungicydy a2 dawka l ha ⁻¹ Fungicide a2	Artel0,5l;Folicur-0,7l	Artel-0,5l; Folicur-0,7l	Juvel-1,5l, Tango-1,0l	Juvel-1,5l;Amistar- 0,5l	Juvel-1,5l, Tango-1,0l
Regulator wzrostu — a2 Plant growth regulant –a2	Cykocel 2 l ha ⁻¹	Stabilan 2 l ha ⁻¹	Cykocel 2 l ha ⁻¹	Cykocel 2 l ha ⁻¹	Cykocel 2 l ha ⁻¹
Nawóz dolistny na a2 Foliar fertilization –a2	Basfoliar 10 l ha ⁻¹	Siarczan Mg	Basfoliar 12 l ha ⁻¹	Plonovit 1 l ha ⁻¹	Basfoliar 10 l ha ⁻¹

W przedstawionej analizie wariancji (MANOVA) każda miejscowość jest centroidą — wektorem wartości średnich plonów badanych odmian z okresu trzech lat. Analiza ta pozwala na kompleksową ocenę obiektów z uwzględnieniem istotnych różnic między genotypami w przestrzeni utworzonej przez analizowane zmienne środowiska. Zastosowano również metodę analizy skupień (pełnego wiązania) w celu porównania rozmieszczenia plonów analizowanych odmian w przestrzeni euklidesowej z wynikami uzyskanymi przy pomocy analizy dyskryminacyjnej. Wymienione analizy statystyczne przeprowadzono przy pomocy programu komputerowego Statistica 6.

WYNIKI I DYSKUSJA

Wstępna analiza wariancji dla każdego środowiska wykazała znaczne różnice w plonowaniu badanych odmian (tab. 3). Stwierdzono wyższe plony pszenicy w wariancie intensywnym w porównaniu do standardowego systemu uprawy niezależnie od warunków glebowych i atmosferycznych panujących w analizowanych miejscowościach. W środowiskach bardziej sprzyjających odmianom pszenicy ozimej (Tarnów, Kobierzyce, Krościna) w obu systemach uprawy uzyskano istotnie wyższe plony odmian niż w miejscowościach Jelcz Laskowice i Tomaszów. Szczególnie niskie plonowanie pszenicy w Tomaszowie Bolesławieckim było związane ze znacznymi niedoborami opadów w analizowanych latach w okresie końca krzewienia i początku strzelania w źdźbło. Kris, Jawa i Kobra odznaczały się istotnie wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych obiektów zarówno w systemie intensywnej uprawy jak również w wariancie standardowym i powinny być zalecane do uprawy na terenie Dolnego Śląska. Wymienione odmiany wykazywały także dobre przystosowanie do gorszych warunków środowiskowych w miejscowościach Jelcz Laskowice (kompleks żytni bardzo dobry) i Tomaszów Bolesławiecki (kompleks pszeniczny wadliwy). Natomiast szczególne znaczne spadki plonów w środowisku charakteryzującym się niższą dawką nawożenia azotowego i brakiem stosowania fungicydów odnotowano u odmian Zyta i Soraja.

Tabela 3

Wartości średnie plonów w (kg/poletko) poszczególnych genotypów w doświadczeniach
Mean yields of the tested genotypes (kg/plot)

Środowiska; wariant standardowy — Standard cultivation variant						
Genotyp Genotype	Jelcz-Laskowice	Krościna	Kobierzyce	Tarnów	Tomaszów	Średnia Mean
Kris	10,67	15,78	12,50	12,15	8,52	11,92
Zyta	8,81	12,66	11,41	11,44	6,83	10,23
Kobra	9,22	12,86	12,58	12,07	8,13	10,97
Jawa	9,77	15,37	11,87	13,41	8,52	11,79
Sakwa	9,49	13,94	10,58	11,71	6,72	10,48
Soraja	10,08	14,11	12,28	12,31	7,63	11,28
Mewa	9,34	13,43	10,96	11,84	7,80	10,67
Korweta	9,02	13,35	11,52	11,19	6,83	10,38
Średnia — Mean	9,55	13,94	11,71	12,02	7,62	10,97
NIR /LSD odmiany / cultivars = 0,71; NIR / LSD środowiska / environments = 2,43 NIR / LSD odmiany / cultivars × środowiska / environments = 3,28						
Środowiska; Wariant intensywny — Intensive cultivation variant						
Genotyp Genotype	Jelcz-Laskowice	Krościna	Kobierzyce	Tarnów	Tomaszów	Średnia Mean
Kris	11,87	17,47	13,46	13,64	8,19	12,93
Zyta	11,42	15,26	14,55	12,14	6,93	12,06
Kobra	11,07	15,28	16,09	13,94	9,78	13,23
Jawa	12,46	17,03	14,98	15,31	9,10	13,78
Sakwa	11,72	15,53	13,95	12,60	7,12	12,18
Soraja	11,39	15,37	14,05	13,40	8,00	12,44
Mewa	11,79	15,51	13,08	12,14	7,72	12,05
Korweta	10,64	15,70	12,69	11,87	6,94	11,57
Średnia — Mean	11,55	15,89	14,11	13,°13	7,97	12,53
NIR/LSD odmiany / cultivar = 1,05; NIR/LSD — środowiska / environments = 2,78 NIR/LSD odmiany / cultivars × środowiska/ environments = 3,46						

Weryfikację wielowymiarowej hipotezy zerowej o braku różnic w plonach badanych odmian w pięciu zróżnicowanych środowiskach w warunkach intensywnego i standardowego systemu uprawy przeprowadzono przy pomocy analizy wariancji MANOVA. Statystyka lambda Wilksa całkowitej dyskryminacji obliczona jako stosunek wyznacznika macierzy wariancji i kowariancji wewnątrz grupowej do wyznacznika macierzy wariancji i kowariancji całkowitej wykazała istotną zmienność plonowania odmian w wariancie standardowym (tab. 4). Znaczny wpływ na zmienność plonów wywarły środowiska — miejscowości Tarnów i Krościna. Mniejsze zróżnicowanie plonów badanych odmian stwierdzono w wariancie intensywnym (tab. 5). Po wyeliminowaniu z analizy dwu miejscowości — środowisk wykazujących mniejszą zmienność plonowania odmian, uzyskano istotne różnice pomiędzy środowiskami Krościna, Tarnów i Tomaszów (tab. 5).

Tabela 4

Zestawienie analizy funkcji dyskryminacyjnej – poziom ekstensywny
Discriminant function analysis – standard cultivation variant

Środowiska Environments	Lambda Wilksa Wilk's lambda	Częstkowa Lambda Wilksa Partial Wilk's lambda	F	Poziom p Level p
Jelcz Laskowice	0,084	0,537	1,47	0,26
Krościna	0,217	0,209	6,46	0,02
Kobierzyce	0,052	0,875	0,24	0,96
Tarnów	0,141	0,322	3,59	0,02
Tomaszów	0,085	0,535	1,48	0,25

Lambda Wilksa: 0,045; Przybliżone F: 1,64; $p < 0,05$

Wilk's lambda: 0,045; Approximation F: 1.64; $p < 0.05$

Tabela 5

Zestawienie analizy funkcji dyskryminacyjnej — poziom intensywny
Discriminant function analysis — intensive cultivation variant

Zmienne w modelu — Variables in the model				
środowiska environments	lambda Wilksa Wilk's lambda	częstkowa lambda Wilksa partial Wilk's lambda	F	poziom p level p
Krościna	0,201	0,680	0,939	0,507
Tarnów	0,404	0,338	3,901	0,014
Tomaszów	0,242	0,568	1,534	0,234
Zmienne poza modelem — Variables out of model				
Jelcz Laskowice	0,121	0,889	0,230	0,970
Kobierzyce	0,108	0,789	0,494	0,822

Lambda Wilksa: 0,136; przybliżone F: 1,93; $p < 0,34$

Wilk's lambda: 0.136; Approximation F: 1.93; $p < 0.34$

Największe zróżnicowanie plonów w systemie standardowym wykazano w miejscowości Tarnów. Dalsza analiza pozwoliła uzyskać 5 liniowo niezależnych funkcji w wariancie standardowym i 3 w intensywnym systemie uprawy, które określają wielo cechowe zróżnicowanie plonów odmian w przestrzeni zmiennych kanonicznych (tab. 6). Dwie pierwsze zmienne kanoniczne wyjaśniają w 97,2% (system standardowy) i 98,8% (system intensywny) całkowitą zmienność między odmianami. Na podstawie testu χ^2 -kwadrat stwierdzono, że rzeczywisty wymiar przestrzeni dyskryminacyjnej dla systemu standardowego i intensywnego określa pierwszy pierwiastek kanoniczny.

Tabela 6

Współczynniki standaryzowane zmiennych kanonicznych
Standardized coefficients for canonical variables

Zmienne Variables	Pierwiastek — Root							
	wariant standardowy standard cultivation variant					wariant intensywny intensive cultivation variant		
	1	2	3	4	5	1	2	3
Krościna	-1,636	0,705	0,214	0,044	-0,321	0,156	-1,104	-0,522
Tarnów	-1,213	-0,036	-0,760	-0,109	0,096	0,963	-0,328	0,341
Tomaszów	-0,112	-1,320	0,432	0,199	-0,020	0,603	0,947	-0,415
Jelcz Laskowice	-0,778	1,288	0,112	-0,95	0,840	—	—	—
Kobierzyce	-0,225	-0,321	0,604	-0,856	-0,422	—	—	—
Wartość własna Eigen value	7,687	1,013	0,209	0,021	0,015	3,38	0,59	0,047
Skumulowany % Cumulating percent	0,859	0,972	0,995	0,998	1,000	0,841	0,988	1,000

Tabela 7

Kwadraty odległości Mahalanobisa pomiędzy plonami odmian pszenicy ozimej
Squared Mahalanobis distances between cultivars

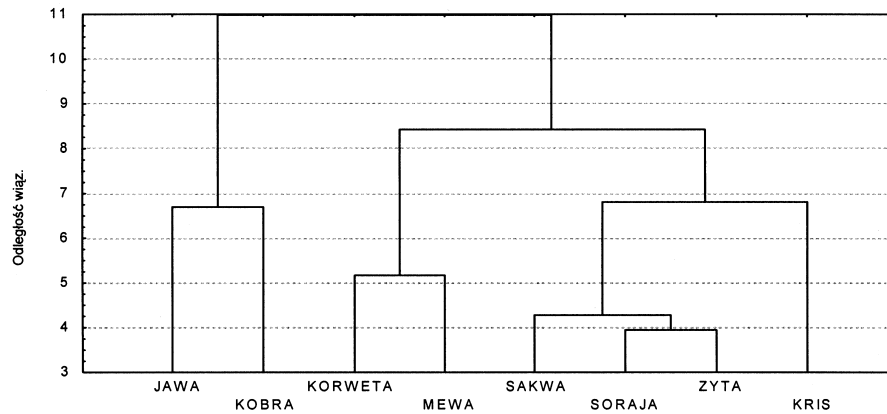
Odmiany Cultivars	Wariant intensywny — Intensive cultivation variant						
	Kris	Zyta	Kobra	Jawa	Sakwa	Soraja	Mewa
Krys	—	—	—	—	—	—	—
Zyta	8,82	—	—	—	—	—	—
Kobra	8,44	16,94*	—	—	—	—	—
Jawa	6,60	27,70**	7,76	—	—	—	—
Sakwa	5,15	0,53	12,97*	20,67**	—	—	—
Soraja	2,59	4,64	4,65	10,53*	2,32	—	—
Mewa	7,58	0,60	12,20*	24,20**	0,74	3,06	—
Korweta	9,90	0,18	19,67**	30,59**	1,05	6,19	1,02
Odmiany Cultivars	Wariant standardowy — Standard cultivation variant						
	Kris	Zyta	Kobra	Jawa	Sakwa	Soraja	Mewa
Krys	—	—	—	—	—	—	—
Zyta	51,98**	—	—	—	—	—	—
Kobra	33,84**	7,56	—	—	—	—	—
Jawa	5,01	68,34**	43,06**	—	—	—	—
Sakwa	23,39*	9,38	13,60	36,51**	—	—	—
Soraja	8,27	20,26*	12,77	15,72	4,93	—	—
Mewa	26,29*	5,64	1,87	36,85**	5,76	6,79	—
Korweta	41,78**	1,07	8,25	59,31**	5,12	14,70	1,87

*Odległość istotna na poziomie $\alpha = 0.05$; Distance — significant level $\alpha = 0.05$

** Odległość istotna na poziomie $\alpha = 0.01$; Distance — significant level $\alpha = 0.01$

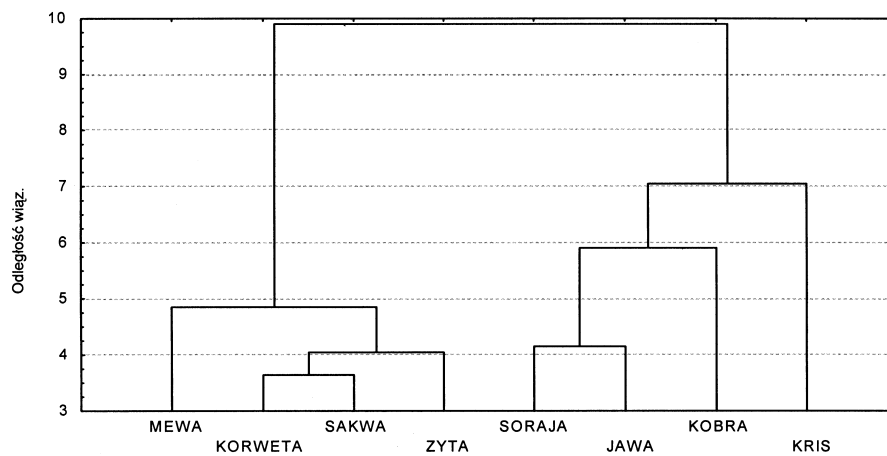
Pierwiastki te różnią się istotnie od zera na poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Wysokie bezwzględne wartości współczynników kanonicznych oraz znaczące korelacje pomiędzy badanymi środowiskami i zmiennymi kanonicznymi wskazują, że miejscowości Tarnów i Kobierzyce wykazywały największą moc dyskryminacyjną w różnicowaniu plonów badanych odmian w wariancie standardowym. Natomiast w środowisku intensywnej uprawy roli największy wkład w tworzeniu pierwszej zmiennej kanonicznej miały Tarnów i Tomaszów. Zróżnicowane opady deszczu w badanym trzyleciu w wymienionych środowiskach były główną przyczyną zmienności plonów zarówno w wariancie

standardowym jak i intensywnym sposobie uprawy. W tabeli 7 przedstawiono kwadraty odległości Mahalanobisa, które stanowią miary odległości pomiędzy plonami poszczególnych odmian w przestrzeni utworzonej przez pięć miejscowości.



Rys. 1. Dendrogram analizy skupień plonów odmian pszenicy ozimej w sześciu miejscowościach.
Wariant intensywny

Fig. 1. Dendrogram of the cluster analysis for yields of winter wheat cultivars in different environments



Rys. 2. Dendrogram analizy skupień plonów odmian pszenicy ozimej w sześciu analizowanych miejscowościach.
Wariant standardowy

Fig. 2. Dendrogram of the cluster analysis for yields of winter wheat cultivars in different environments

Znaczne odległości Mahalanobisa w wariancie standardowym pomiędzy grupą odmian Kris i Jawa, a pozostałymi obiektami wskazują na odmienną reakcję tych genotypów na

zróznicowane środowiska w latach 2001–2003. Kris i Jawa charakteryzowały się istotnie wyższym plonem w porównaniu do pozostałych badanych odmian. Również w intensywnym systemie uprawy porównanie plonowania w przestrzeni pięciowymiarowej wykazało duże odległości Mahalanobisa między grupą odmian Jawa i Kobra, a pozostałymi analizowanymi obiektami. Wymienione genotypy odznaczały się istotnie wyższym plonem w tym wariancie uprawy niż odmiany Sakwa, Mewa, Soraja, Zyta, i Korweta. Porównując zmienność plonowania odmian określoną poprzez odległości Mahalanobisa z wynikami uzyskanymi na podstawie dendrogramów (rys. 1 i 2), można zauważyć pewne rozbieżności. Różnice są spowodowane innym sposobem obliczeń. Odległości Mahalanobisa uwzględniają korelację między zmiennymi określającymi przestrzeń 5-wymiarową. Natomiast przedstawione dendrogramy ujmujące odległości euklidesowe pomiędzy odmianami nie zakładają zależności korelacyjnych pięciu analizowanych środowisk. Pomimo tych rozbieżności można stwierdzić, że w systemie intensywnym Jawa i Kobra tworzą grupę o znacznej odległości euklidesowej w stosunku do pozostałych odmian. Znaczne odległości euklidesowe pomiędzy odmianami Jawa i Kobra a innymi badanymi obiektami wykazano również w systemie standardowym. Na uwagę zasługuje odmiana Kris, która zarówno na dendrogramie systemu standardowego jak również intensywnego tworzy odrębną jednoelementową grupę. Genotyp ten jest niemiecką odmianą zarejestrowaną w kraju, która pomimo wysokich plonów, charakteryzuje się inną reakcją na zmienne środowiska Dolnego Śląska w porównaniu do pozostałych polskich odmian.

Przedstawione wyniki badań wskazują na znacznie zróznicowaną reakcję badanych odmian na zmienne warunki środowiskowe. Powyższy wniosek potwierdzają publikacje innych autorów (Kulig i in., 2001). Głównym powodem niższych plonów odmian pszenicy na glebach lekkich był deficyt wody w okresie wegetacji pszenicy, co wykazał również w swych badaniach Mittler (2000). Stwierdzono jednak, że odmiany pszenicy bardziej tolerancyjne na stres wodny w krytycznych fazach rozwoju odznaczają się istotnie wyższym plonem w porównaniu do innych genotypów (Gupta i in., 2001; Foulkes i in., 2001). Analizując stabilność fenotypową pszenic kanadyjskich w różnych środowiskach wykazano szczególny wpływ zróznicowanych opadów deszczu na ujawnianie się zmienności plonowania badanych odmian (Domitruk i in., 2001).

WNIOSKI

1. Analizowane odmiany wykazywały istotnie wyższe plonowanie w środowiskach zaliczanych do kompleksów pszennego bardzo dobrego i dobrego. Znaczny wpływ na zmienność plonowania odmian wywarły niewyrównane opady w okresie wegetacji w miejscowości Tarnów i Krościna.
2. Jawa i Kobra odznaczały się wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych odmian zarówno w wariancie intensywnym jak i standardowym.
3. Kris pomimo wysokich plonów w środowisku intensywnej i standardowej uprawy odznaczała się odmienną reakcją na zmienność warunków środowiskowych na obszarze Dolnego Śląska w porównaniu do pozostałych odmian. Uprawa odmian

wywodzących się z ósrodków hodowlanych Zachodniej Europy może nastroczać większe trudnoći z powodu mniejszego przystosowania tych genotypów do zmien-nych warunków glebowo-klimatycznych Polski.

LITERATURA

- Blankenau K., Olfs H. W., Kuhlmann H. 2002. Strategies to improve the use efficiency of mineral fertilizer nitrogen applied to winter wheat. *J. Agronomy Crop Sci.* 188: 146 — 154.
- Budzyński W., Borysiewicz J., Bielski S. 2004. Wpływ poziomu nawożenia azotem na plonowanie i wartość technologiczną ziarna pszenicy ozimej. *Pam. Puł.* 135: 33 — 44.
- Caliński T., Chudzik H. 1980. Grupowanie populacji na podstawie wyników wielozmiennej analizy wariancji. *Algorytmy Biometryczne i Statystyczne.* 9: 139 — 167.
- Camara K. M., Payne W. A., Rasmussen P. E. 2003. Long-term effects of tillage, nitrogen and rainfall on winter wheat yields in the Pacific Northwest. *Agron. J.* 95: 828 — 835.
- Chwil S. 2004. Ocena skutków nawożenia azotem pszenicy ozimej. *Fragm. Agron.* 1 (81): 19 — 28.
- Domaradzki K. 2004. Wpływ terminu, dawki i sposobu stosowania herbicydów na stężenie pozostałości substancji aktywnych w ziarnie zbóż. *Pam. Puł.* 135: 45 — 54.
- Domitruk D. R., Duggan B. L., Fowler D. B. 2001. Genotype-environment interaction of no-till winter wheat in Western Canada. *Can. J. Plant. Sci.* 81: 7 — 16.
- Duer I., Faber A., Feledyn-Szewczyk B., Gałazka R. 2004. Programy rolno środowiskowe jako instrument wsparcia rolników. *Warsztaty szkoleniowe Puławy 18.11.2004:* 2 — 69.
- Foulkes M. J., Scott R. K., Sylvester-Bradley R. 2001. The ability of wheat cultivars to withstand drought in UK conditions: resource capture. *J. Agric. Sci., Cambride* 137: 1 — 16.
- Gupta N. K., Gupta S., Kumar A. 2001. Effect of water stress on physiological attributes and their relationship with growth and yield of wheat cultivars at different stages. *J. Agron. Crop Sci.* 186: 55 — 61.
- Jończyk K. 2002. Reakcja wybranych odmian pszenicy ozimej na uprawę w różnych systemach produkcji roślinnej. *Pam. Puł.* 130 (1): 339 — 345.
- Kulig B., Kania S., Szafrński W., Zajac T. 2001. Reakcja wybranych odmian pszenicy ozimej na intensywność uprawy. *Biul. IHAR* 218/219: 117 — 126.
- Krzyśko M. 1990. *Analiza Dyskryminacyjna.* Wydawnictwa Naukowo-Techniczne Warszawa.
- Mądry W. 1993. *Studia statystyczne nad wielowymiarową oceną zróżnicowania cech ilościowych w kolekcjach zasobów genowych zbóż.* Wydawn. SGGW, Warszawa.
- Mittler S. 2000. *Ökovariabilität von Winterweizen unter Standortbedingungen Nordostdeutschlands.* Dissertation Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät der Humboldt Universität zum Berlin, 4 — 155.
- Olness A., Evans S. D., Alderfer R. 1998. Calculation of optimal fertilizer rates: A comparison of three response models. *J. Agron. Crop Sci.* 180: 215 — 222.
- Podolska G. 2004. Efektywność agrotechnicznych oddziaływań w wykorzystaniu potencjału plonowania pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 231: 55 — 64.
- Sieling K., Schröder H., Finck M., Hanns H. 1998. Yield, N uptake and apparent N — use efficiency of winter wheat and winter barley grown in different cropping systems. *J. Agric. Sci. Cambridge* 131: 375 — 387.
- Vraga B., Svecjak Z., Pospisil A. 2000. Grain yield and yield components of winter wheat grown in two management systems. *Die Bodenkultur* 3: 145 — 150.
- Weisz R., Bowman D.T. 1999. Influence of tillage system on soft red winter wheat cultivar selection. *J. Prod. Agric.* 12 (3): 415 — 418.

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI ¹ZYGMUNT NITA ²EDWARD WITKOWSKI ³¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Kraków² Hodowla Roślin Strzelce Sp. z o.o.³ Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.

Ocena współzależności cech pszenicy ozimej na podstawie analizy ścieżek

Estimation of the interrelationships between different traits of winter wheat using the path analysis

Celem pracy było poznanie zmienności, genetycznego zróżnicowania oraz zależności i współzależności pomiędzy 19 cechami pszenicy ozimej. Przebadano 112 rodów pszenicy ozimej w warunkach laboratoryjnych i polowych, w doświadczeniach wstępnych, w roku 2004, w 7 miejscowościach. Badano następujące cechy: plon, mrozoodporność, termin kłoszenia i dojrzewania, wysokość roślin, wyrównanie, odporność na mączniaka, rdzę brunatną i żółtą, septorię liści i kłosa, wyleganie, fusarium kłosa, odporność na porastanie, masę 1000 ziaren, liczbę sedymentacji, zawartość glutenu mokrego oraz białka. Stwierdzono zróżnicowane współczynniki zmienności (CV) dla badanych cech pszenicy ozimej mieszczące się w zakresach od wysokich (29%) dla liczby sedymentacji do niskich dla rdzy żółtej (1,7% i dojrzewania (2,5%). Stwierdzono wysokie współczynniki (h^2) genetycznego zróżnicowania dla większości badanych cech, z wyjątkiem porażenia kłosów przez septorię. Stwierdzono nieliczne wysoce istotne współczynniki korelacji pomiędzy badanymi cechami. Istotne, ale niskiej wartości korelacje odnotowano pomiędzy plonem a stopniem porażenia kłosów przez septorię (0,230*), plonem a zawartością glutenu (-0,239*) plonem a zawartością białka (-0,232*), a także plonem a wysokością (0,232*), plonem a wyleganiem (0,190*). Przeprowadzona analiza ścieżek pomiędzy plonem a mrozoodpornością, terminem kłoszenia i dojrzewania, wysokością roślin, stopniem odporności na septorię liści, masą 1000 ziaren, odpornością na porastanie wykazała wysoce istotny bezpośredni efekt wysokości roślin z plonem (0,393**), wysoki stopień odporności na septorię liści i plonu (0,393**) oraz wysoce istotny, ale ujemny efekt terminu dojrzewania i plonu (-0,371**). Ten ostatni zaskakujący wysoce istotny bezpośredni efekt był zamaskowany stosunkowo silnym pośrednim efektem „septorii liści” (0,244). Stwierdzono niskie wartości współczynników korelacji między plonem a zawartością białka (-0,232*) oraz plonem a zawartością glutenu mokrego (-0,239*). Analiza ścieżkowa ujawniła wysoce istotne bezpośrednie efekty (-0,341**) między plonem a wartością białka oraz plonem a liczbą sedymentacji (0,336**), pomimo słabszej korelacji pomiędzy tymi cechami.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek, pszenica ozima, cechy rolnicze i technologiczne

The aim of the work was to estimate variability, genetic differentiation and correlation between 19 traits in 112 strains of the winter wheat grown in 2004 in a preliminary trial in 7 localities. The estimation was performed both in the field and under laboratory conditions. The following traits were

evaluated: grain yield, winter hardiness, earliness (days to heading), time to maturity (days), height of plants, canopy uniformity, weight of 1000 grains, sedimentation value, wet gluten and protein contents, as well as resistance to lodging and preharvest sprouting, and that to infection with: powdery mildew, brown rust, yellow rust, stem rust, leaf septoria, ear septoria and head blight (*Fusarium culmorum*). The coefficients of variability (CV) for the investigated traits varied from high for the value of sedimentation (29%) to low for the resistance to stem rust (1.7%) and for the time to maturity (2.5%). The coefficients of genetic differentiation (h^2) were high for all the traits, except for the resistance to ear septoria. In most cases, the coefficients of correlation between the analysed traits were low. Statistically significant correlation between grain yield and the following traits: resistance to ear septoria (0.230*), gluten content (-0.232*), protein content (-0.239*), plants height (0.232*) and lodging (0.190*), was recorded. The path analysis was used to estimate interrelationships between grain yield and the following traits: winter hardiness, time to heading, time to maturity, plants height, weight of 1000 grains, resistance to preharvest sprouting, and resistance to leaf septoria. Statistically significant direct effects of plants height and winter wheat resistance to leaf septoria upon grain yield were found (0.393** in both cases). The effect of the time of maturity on grain yield was highly significant but negative (-0.371**). This surprising effect was masked by a relatively strong (0.244) indirect effect of leaves infestation by septoria. The coefficients of correlation between grain yield and protein and wet gluten contents were low (-0.232* and -0.239*, respectively). Highly significant direct relationships between the grain yield and both the protein content and the sedimentation value, were revealed (-0.341** and 0.336**, respectively), despite the low correlation between these traits.

Key words: agricultural and technological traits, path analysis, winter wheat

WSTĘP

Plonowanie odmian i rodów pszenicy w silnym stopniu uzależnione jest od wielu cech użytkowych zarówno botanicznych, jak i agrotechnicznych, pozostających ze sobą często w ścisłych bezpośrednich i pośrednich związkach. Poznanie tych zależności może przyczynić się do ich wykorzystania w postępie hodowlanym pszenicy. W tym celu wielu autorów Akanda i wsp. (1996), Deczew (1990), Donaldson (2001), Drzazga, (2000), Garcia i wsp. (2003), Kadłubiec i wsp. (1989), Ługowska i wsp. (2003), Paroda (1974), Pochaba i wsp. (2000), Sidwell (1976), Singh i wsp. (1977) i Węgrzyn i wsp. (2002) proponują wykorzystanie analizy ścieżek do poznania współzależności pomiędzy plonem ziarna lub słomy a wybranymi cechami anatomicznymi liści, morfologicznymi kłosa, struktury plonu lub innymi ważnymi cechami agrotechnicznymi jak odporność na wyleganie lub choroby. Silną korelacją charakteryzują się również cechy decydujące o jakości technologicznej pszenicy ozimej. Bichoński, (1995) i Cygankiewicz, (1995, 1997), opisali zależności pomiędzy 9 cechami jakości wypiekowej dla rodów hodowlanych pszenicy. Z tych badań wynika, że przełamanie niekorzystnych korelacji pomiędzy plonem a jakością stanowi jeden z ważniejszych procesów hodowlanych. Cytowani autorzy nie uwzględnili jednak związków przyczynowo-skutkowych zarówno pomiędzy cechami jakości wypiekowej jak plonem.

Zatem kierując się opisanymi w literaturze wynikami badań w oparciu o przeprowadzone doświadczenia podjęto się poznania zmienności oraz zależności obserwowanych pomiędzy cechami pszenicy ozimej, następnie wyjaśnienie za pomocą analizy ścieżek współzależności między wybranymi cechami na tle zmienności i genetycznego zróżnicowania.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 112 rodów, które podzielono na 2 grupy po 56 obiektów, zasianych w 7 miejscowościach w 2 doświadczeniach w bezpośredniej bliskości. Wspólnymi obiektami w każdym doświadczeniu były wzorce: Tonacja, Kobra i Korweta. Do założenia doświadczenia zastosowano metodę niekompletnych bloków. Wielkość poletek wynosiła 10 m². Doświadczenia wsiewano w trzech powtórzeniach w Dębinie, Kobierzcach, NAGRADOWICACH, Polanowicach, Smolicach, Strzelcach i Szelejewie. W trakcie wegetacji stosowano ochronę przed chorobami i chwastami odpowiednią dla każdej miejscowości. Badano 19 cech: wczesność kłoszenia i dojrzewania, wysokość roślin, wyrównanie, wyleganie, stopień porażenia mączniakiem, rdzą brunatną, rdzą żółtą, rdzą żółtą, rdzą żółtą, septyorię liści i kłosa, fuzarium kłosa.

W Smolicach oceniono w komorach chłodniowych mrozoodporność siewek a po zbiorach w prowokacyjnych warunkach porastanie kłosów. W Strzelcach wykonano ocenę zawartości białka w ziarnie pszenicy, następnie określono zawartość glutenu mokrego oraz liczbę sedymentacji. W 3 stacjach hodowlanych zbadano masę 1000 ziaren. Ocenę chorób i wylegania wykonano w skali dziewięciostopniowej, w której 1 — oznacza najslabszą, a 9 — najlepszą wartość. Obliczenia statystyczne wykonano w zakładzie Oceny Jakości i Metod Hodowli Zboż IHAR w Krakowie. W oparciu o wykonaną syntezę wyników doświadczeń polowych i laboratoryjnych wyliczono średnie arytmetyczne badanych cech, współczynniki zmienności i stopień genetycznego zróżnicowania cech „ h^2 ” oraz współczynniki korelacji, które następnie wykorzystano do analizy ścieżek. Oceniano współzależność między plonem a mrozoodpornością, terminem kłoszenia i dojrzewania, wysokością roślin, stopniem porażenia septyorią liści, masą 1000 ziaren, odpornością na porastanie a także plonem a liczbą sedymentacji, zawartością glutenu mokrego oraz białka w ziarnie. Analizę współczynników ścieżek wykonano wg metody opisanej przez Deweya (1956).

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie przeprowadzonych obserwacji cech bonitacyjnych oraz pomiarów laboratoryjnych stwierdzono zróżnicowaną zmienność cech badanych rodów pszenicy ozimej. Najwyższe współczynniki zmienności stwierdzono dla liczby sedymentacji (CV = 29,9%) najniższe dla rdzy żółtawej (CV = 1,7%) i terminu dojrzewania (CV = 2,5%) (tab. 1).

Współczynniki genetycznego zróżnicowania cech (h^2) dla większości badanych cech okazały się wysokie (przekraczały wartość współczynnika 0,7) z wyjątkiem porażenia kłosów septyorią ($h^2 = 0,029$) (tab. 1). Podobne wyniki publikują Pochaba i Węgrzyn w 2000 roku oraz Węgrzyn i wsp. W 2002 roku. Wymienieni Autorzy również uzyskali niskiej wartości współczynniki genetycznego zróżnicowania cech dla odporności na niektóre choroby pszenicy ozimej.

Tabela 1

Parametry statystyczno-genetyczne badanych cech pszenicy ozimej
Statistical-genetic parameters of the investigated traits in winter wheat

Cechy Traits	Liczba miejscowości Number of lo- calities	Średnia wartość Mean value	Współczynniki zmienności (%) Coefficients of variability (%)	Współczynniki genetycznego zróżnicowania cech „ h^2 ” Coefficients of heritability	Błąd stand. „ h^2 ” Standard error S.E.
Plon ziarna Grain yield (dt/ha)	7	100,8	5,5	0,769	0,019
Mrozoodporność Winter hardiness (%)	1	98,0	7,2	—	—
Termin kłoszenia (liczba dni od 1 V do kłoszenia) Heading time	7	34	6,8	0,957	0,020
Termin dojrzwania (liczba dni od 1 maja do dojrzwania) Maturity time (days from May 1 st to maturity)	3	86	2,5	0,618	0,050
Wysokość roślin Plants height (cm)	7	110	6,2	0,971	0,019
Wyrównanie Uniformity score (1–9)	1	7,6	4,5	—	—
Wyleganie Lodging score (1–9)	4	7,4	13,9	0,787	0,034
Mączniak Powdery mildew (score 1–9)	7	7,4	11,5	0,756	0,019
Rdza brunatna Brown rust (score 1–9)	5	8,2	6,9	0,777	0,027
Rdza żółta Yellow rust (score 1–9)	1	8,1	8,4	—	—
Rdza żółta Stem rust (score 1–9)	1	9,0	1,7	—	—
Septorioza liści Leaf septoria (score 1–9)	6	6,9	8,1	0,774	0,023
Septorioza kłosa Ear septoria (score 1–9)	2	7,3	5,6	0,029	0,094
Fusarium kłosa Head blight score (1–9)	1	8,9	3,2	—	—
Masa 1000 ziaren 1000 grains weight (g)	3	50,5	6,6	0,839	0,045
Porastanie kłosów Preharvest sprouting (score 1–9)	1	6,1	22,2	—	—
Liczba sedymentacji Sedimentation value (cm ³)	1	26,7	29,9	—	—
Zawartość białka Proteins content (%)	1	12,8	5,7	—	—
Zawartość glutenu mokrego Wet gluten content (g)	1	27,3	9,6	—	—

W celu poznania zależności pomiędzy plonem a pozostałymi cechami wykonano obliczenia współczynników korelacji (tab. 2). Stwierdzono nieliczne istotne, ale niskiej wartości współczynniki korelacji pomiędzy plonem a badanymi cechami: wysokością roślin (0,232), wyleganiem (0,190), stopniem porażenia kłosów septorią (0,230), zawartością

glutenu (-0,239), zawartością białka (-0,232) (tab. 2). Przedstawione w niniejszej pracy współczynniki korelacji różniły się od podanych w pracy Węgrzyna i wsp. (2002), szczególnie dotyczących zależności plonu od wysokości roślin, masy 1000 ziaren i wczesności kłoszenia.

Tabela 2

Współczynniki korelacji pomiędzy plonem a badanymi cechami pszenicy ozimej
Coefficients of correlation among the crop and investigated traits of the winter wheat

Cechy skorelowane z plonem ziarna Traits correlated with grain yield	Współczynniki korelacji Coefficients of correlation
Mrozoodporność — Winter hardiness	-0,060
Termin kłoszenia — Heading time	0,050
Termin dojrzwania — Maturity time	0,040
Wysokość roślin — Plants height	0,232*
Wyrównanie — Uniformity	0,120
Wyleganie — Lodging	0,190*
Mączniak — Powdery mildew	0,120
Rdza brunatna — Brown rust	0,060
Rdza żółta — Yellow rust	0,080
Rdza żdźbłowa — Stem rust	0,130
Septoria liści — Leaf septoria	0,138
Septoria kłosa — Ear septoria	0,230*
Fusarium kłosa — Head blight	0,080
Masa 1000 ziaren — 1000 grains weight	0,071
Porastanie kłosów — Preharvest sprouting	0,023
Liczba sedymencji — Sedimentation vaule	0,057
Zawartość białka — Proteins content	-0,232*
Zawartość glutenu mokrego — Wet gluten content	-0,239**

Wyniki uzyskane w 2004 roku wskazują, że udało się przełamać niekorzystne współzależności w procesie hodowlanym. Na trudności z połączeniem korzystnych cech w potomstwie zwraca uwagę Węgrzyn (1989) uzasadniając je poglądem, że prawdopodobieństwo wyboru z populacji osobnika łączącego odpowiednie cechy rodziców jest odwrotnie proporcjonalne do wielkości współczynnika korelacji.

Na podstawie współczynników korelacji przeprowadzono 2 analizy ścieżek. Pierwsza wyjaśniała współzależności między plonem a 7 cechami pszenicy ozimej: mrozoodpornością, terminem kłoszenia i dojrzwania, wysokością roślin, porażenie septorią liści, masą 1000 ziaren, odpornością na porastanie. Wykazała ona, że wysoce istotny dodatni bezpośredni wpływ na plon wywiera wysokość roślin (0,393), stopień porażenia liści septoriozą (0,393) oraz wysoce istotny, ale ujemny wpływ wywiera dojrzwania (-0,371) (tab. 3). Ten ostatni zaskakujący bezpośredni efekt był zamaskowany stosunkowo silnym dodatnim, pośrednim efektem porażenia liści septoriozą (0,244), chorobą, która powodując zasychanie liści niekorzystnie skraca okres wegetacji (tab. 3). Uzyskane wyniki są zgodne wykonanymi wcześniej badaniami Pochaby i wsp. (2000), w których analiza ścieżkowa przeprowadzona została w oparciu o 3-letnie doświadczenia z rodami pszenicy ozimej i wykazała również istotny silny bezpośredni wpływ na plon ziarna wysokości roślin i porażenia przez choroby (liści i kłosa). Podobne rezultaty dotyczące silnego bezpośredniego wpływu chorób na wydajność plonu pszenicy ozimej opisali Akanda i wsp.

(1996). W niniejszej pracy nie stwierdzono zależności plonu od mrozoodporności, masy 1000 ziaren i porastania a więc cech, których kosztowną ocenę przeprowadza się w laboratoriach stacji hodowli roślin. Inna analiza ścieżkowa dla pszenicy jarej wykonana przez Drzazgę (2000), również nie wykazała istotnych współczynników korelacji oraz efektów bezpośrednich pomiędzy plonem a masą 1000 ziaren.

Tabela 3

Efekty bezpośredniego i pośredniego współdziałania pomiędzy wybranymi cechami pszenicy ozimej a plonem

Direct and indirect effects among some traits and winter wheat yielding

Cechy Traits	Efekty bezpośred- nie Directs effects	Efekty pośrednie — Indirect effects							Współczyn- niki korelacji ¹ Coefficients correlation ¹
		mrozood- porność winter hardiness	wysokość plant height	termin kłoszenia heading time	termin dojrzewa- nia maturity time	septoria liści leaf septoria	MTZ TKW	porastanie preharvest sprouting	
Mrozoodporność Winter hardiness	-0,012	—	-0,035	0,005	0,019	-0,051	0,018	-0,004	-0,060
Wysokość Plants height	0,393**	0,001	—	-0,023	-0,163	0,055	-0,022	-0,009	0,232*
Termin kłoszenia Heading time	-0,066	0,001	0,138	—	-0,289	0,224	0,043	-0,001	0,050
Termin dojrzewa- nia Maturity time	-0,371**	0,001	0,173	-0,051	—	0,244	0,052	-0,007	0,040
Septoria liści Leaf septoria	0,393**	0,003	0,056	-0,038	-0,230	—	-0,039	-0,007	0,138
MTZ TKW	-0,180	0,001	0,047	0,016	0,108	0,083	—	-0,004	0,071
Porastanie Preharvest sprouting	0,065	0,001	-0,055	0,001	0,041	-0,039	0,009	—	0,023

¹ Współczynniki korelacji pomiędzy plonem a wybranymi cechami pszenicy ozimej

¹ Coefficients of correlation between grain yield and some traits in winter wheat

** Istotne odpowiednio dla P = 0,05 lub 0,01; Significant at P = 0.05 and 0.01, respectively

Druga analiza ścieżkowa uwzględniała plon i 3 cechy technologiczne. Ujawniła ona między plonem a zawartością białka ujemną współzależność (-0,341**) (tab. 4) i okazała się wyższa od współczynnika korelacji (-0,232*). Ujemna korelacja pomiędzy plonem a zawartością białka tylko nieznacznie maskowana była przez dodatni pośredni wpływ jakości białka wyrażony liczbą sedymentacji (0,213) (tab. 4). Pomiedzy plonem a liczbą sedymentacji stwierdzono bezpośredni związek (0,336**) silniejszy od słabej korelacji ($r = 0,057$), ale jak się okazało pomniejszanej ujemnym pośrednim wpływem zawartości białka (-0,216) (tab. 4). Przeprowadzona analiza nie ujawniła silnego bezpośredniego związku pomiędzy plonem a zawartością glutenu mokrego (-0,106) (tab. 4), związku charakteryzującego się również ujemnym współczynnikiem korelacji (-0,239**).

Tabela 4

Efekty bezpośredniego i pośredniego współdziałania pomiędzy plonem ziarna a cechami jakości wypiekowej pszenicy ozimej**Direct and indirect effects among grain yield and baking traits in winter wheat**

Cechy wyjaśniane Traits explained	Efekty bezpośrednie Direct effects	Efekty pośrednie Indirects effects			Współczynniki korelacji pomiędzy plonem a cechami jakości wypiekowej Coefficients of correlation Between grain yield and baking traits
		liczba sedymentacji sedimentation value	zawartość glutenu mokrego wet gluten content	zawartość białka protein content	
Liczba sedymentacji Sedimentation value	0,336**	—	-0,063	-0,216	0,057
Zawartość glutenu mokrego Wet gluten content	-0,106	0,200	—	-0,333	-0,239**
Zawartość białka Protein content	-0,341**	0,213	-0,104	—	-0,232*

*, ** Istotne odpowiednio dla poziomu $P = 0,05$ lub $0,01$; Significant at $P = 0.05$ and 0.01 , respectively

W tym przypadku wartość współczynnika korelacji (-0,239**) maskował dodatni pośredni efekt liczby sedymentacji (0,200), (tab. 4). Zjawiska te wyjaśniają jak duże znaczenie dla jakości technologicznej pszenicy ozimej ma zawartość białka, cechy podlegające silnym wahaniom spowodowanych wpływem środowiska, na co wskazują badania Bichońskiego (1995) i Cygankiewicza (1995, 1997) i Garcii (2003).

WNIOSKI

1. Analizy statystyczne wykonane w oparciu o wyniki wstępnych doświadczeń polowych i laboratoryjnych 112 rodów pszenicy ozimej umożliwiły ocenę zmienności, genetycznego zróżnicowania i zależności i współzależności 19 ważnych cech rolniczych i technologicznych.
2. Stwierdzono na ogół niską zmienność badanych cech. Wyższe współczynniki zmienności odnotowano dla liczby sedymentacji i porastania kłosów, najniższe dla rdzy żdźbłowej i dojrzewania roślin.
3. Wysokimi współczynnikami genetycznego zróżnicowania h^2 charakteryzowała się większość badanych cech pszenicy ozimej z wyjątkiem porażenia kłosów przez septoriozę. Na tej podstawie można przypuszczać, że badane cechy pszenicy odznaczały się stabilnością i nie podlegały większym wpływom zróżnicowanych warunków właściwych miejscowościom, w których lokalizowano doświadczenia wstępne.
4. Przeprowadzona analiza ścieżkowa wykazała, że pomiędzy badanymi cechami istnieją bezpośrednie i pośrednie wpływy. Bezpośredni wpływ na plon pszenicy wywierały wysokość roślin, dojrzewanie roślin i stopień porażenia liści przez septoriozę.
5. Analiza ścieżkowa dla cech technologicznych wykazała, że pomiędzy plonem a cechami technologicznymi obserwuje się bezpośrednie i pośrednie wpływy. Stwierdzono istotny dodatni bezpośredni związek między plonem a liczbą sedymentacji oraz istotny ujemny z zawartością białka. Efekty pośrednie zawartości białka i liczby sedymentacji wpływały na efekty bezpośrednie pomiędzy plonem a tymi cechami.

LITERATURA

- Akanda S. I., Mundt. C. C. 1996. Path coefficient analysis of the effects of stripe rust and cultivar mixtures on yield and yield components of winter wheat. *Theor. Appl. Gen.* 92/8: 666 — 672.
- Bichoński. A. 1995. Cechy technologiczne wybranych krajowych i zachodnioeuropejskich form pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 193: 19 — 28.
- Cygankiewicz A. 1995. Ocena niektórych cech jakościowych nowych rodów hodowlanych pszenicy ozimej i jarej. *Biul. IHAR* 194: 139 — 147.
- Cygankiewicz A. 1997. Skuteczność wstępnej oceny ziarna rodów i odmian wzorcowych pszenicy w oparciu o wartość liczby sedimentacji i procentowej zawartości białka w porównaniu do wartości współczynników pełnej oceny. *Biul. IHAR* 204: 237 — 243.
- Deczev. D. 1990. Path analysis of yield components in durum wheat. *Genetica i Selekcija* 23: 213 — 216.
- Dewey D. R., Lu K. H. 1959. A correlation and path-coefficient analysis of components of creased wheatgrass seed production. *Agron. J.*: 515 — 517.
- Donaldson E., Schillinger, Dofing S. M. 2001. Straw production and grain yield relationships in winter wheat. *Yield Sci.* 41: 100 — 106.
- Drzazga T. 2000. Zastosowanie analizy współczynników ścieżek dla ocen wpływu komponentów plonu pszenicy jarej. *Biul. IHAR* 216 /2/: 329 — 323.
- Garcia M., Rharrabti D., Villegas C. R., Royo C. 2003. Evaluation of grain yield and its components in durum wheat under Mediterranean conditions. *Agron. J.* 95: 266 — 274.
- Kadłubiec W., Jedyński S., Lonc W., Strugała J. 1989. Analiza ścieżek Wrighta komponentów plonu linii i mieszańców F₁ pszenicy ozimej. *PNR* 382: 127 — 132
- Ługowska B., Banaszak Z., Wójcik. W., Grzmil W. 2004. Zależność plonu ziarna pszenicy ozimej o skróconym źdźble od jego składowych. *Biul. IHAR* 231: 5 — 10.
- Paroda R. S., Joshi. A. B., Slanki K. R. 1974. Path, coefficient analysis for ear characters in Wheat. *Cereal Research Comm.* 2: 77 — 84.
- Pochaba L., Węgrzyn S. 2000. Zmienność i współzależność kilku cech pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 216/2/: 261 — 272.
- Sidwell. R. J., Smith E. L., McNew R. W. 1976. Inheritance and interrelationships of grain yield and selected yield-related traits in a Hard Red Winter Wheat cross. *Yield Sci.* 16: 650 — 654.
- Singh D., Singh M., Sharma K. C. 1977. Correlations and path coefficient analysis among flag area yield and yield attributes in wheat. *Cereal Research Comm.* 7: 145 — 152.
- Węgrzyn S. 1989. Możliwości wykorzystania genetyki ilościowej w hodowli roślin. *Biul. IHAR* 171/172: 135 — 142.
- Węgrzyn S., Wojas T., Śmiałowski T. 2002. Zróżnicowania genetyczne oraz współzależność plonu i wybranych cech użytkowych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). *Biul. IHAR* 223/224: 77 — 86.

PAWEŁ JANKOWSKI
ANDRZEJ ZIELIŃSKI
WIESŁAW MĄDRY

Katedra Biometrii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Analiza interakcji genotyp-środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplot typu GGE Część I. Metodyka

Analysis of genotype-environment interaction for winter wheat using graphical GGE biplot method Part I. The method

Biplot typu GGE jest graficzną metodą analizy tzw. efektów GGE, tzn. efektów głównych genotypów połączonych z efektami interakcji genotypowo-środowiskowych. Odpowiednio skonstruowany rysunek składa się z punktów (wektorów) na płaszczyźnie, z których część reprezentuje genotypy, a część środowiska. Efekty typu GGE są funkcjami długości wektorów i kątów między nimi. Zatem analiza interakcji genotypowo-środowiskowych polega na interpretacji własności geometrycznych i trygonometrycznych obiektów płaszczyzny. W pracy przedstawiony został proces konstrukcji biplotu typu GGE oraz podstawowe możliwości interpretacyjne tego biplotu (porządkowanie efektów GGE, szukanie genotypu o największym efekcie GGE w danym środowisku, wyznaczanie genotypów stabilnych oraz tzw. genotypu idealnego). Metoda została przedstawiona na przykładzie analizy danych dla plonu czterech rodów pszenicy ozimej w jednorocznej serii doświadczeń w siedmiu miejscowościach.

Słowa kluczowe: biplot, interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenica ozima

GGE biplot is a graphical method of analysis of the so-called GGE effects, i.e. main genotype effects combined with genotype-environment interaction effects. A suitably constructed graph consists of points (vectors) on a plane, some of them representing genotypes, the other environments. GGE effects are functions of vector lengths and angles between the vectors. Therefore, analysis of genotype-environment interactions is based on interpretation of geometrical and trigonometric properties of plane objects. In the paper the process of constructing GGE biplot was presented together with some examples of interpretation of the biplot (sorting GGE effects, searching for the genotype with maximum GGE effect in a fixed location, determining stable genotypes and the so called ideal genotype). The method has been illustrated by data concerning yield of four genotypes of winter wheat in one-year multi-environmental trials (7 locations).

Key words: biplot, genotype-environment interaction, winter wheat

WSTĘP

Interakcja genotypowo-środowiskowa, uwzględniająca ewentualną różną reakcję genotypów na zmienne warunki środowiska, jest jednym z najważniejszych elementów oceny genotypów w procesie hodowli roślin. Istnieje wiele metod analizy interakcji genotypowo-środowiskowej, wśród których ważną rolę odgrywają metody graficzne. Względnie nową metodą graficzną jest tzw. biplot typu GGE. Metoda ta została zaproponowana i szczegółowo zaprezentowana przez Yana i Kanga (2003; zob. też Yan i in., 2000; Yan, 2001; Yan i Hunt, 2001), chociaż sama idea tej metody była znana wcześniej (np. Krzanowski, 1988).

Biplot typu GGE jest wykresem z naniesionymi na płaszczyznę punktami reprezentującymi genotypy i środowiska. Rysunek wykonany jest w taki sposób, by przez odpowiednią jego interpretację można było badać różnorakie relacje pomiędzy efektami GGE, tzn. połączonymi efektami głównymi genotypów i efektami interakcji genotypowo-środowiskowej. Taka analiza może służyć z jednej strony do wyboru najlepszych genotypów do rejonu docelowego, z drugiej strony może umożliwiać wydzielanie grup środowisk jednorodnych względem efektów GGE. Biplot typu GGE pozwala także wskazać zarówno genotypy stabilne, czyli niewykazujące interakcji genotypowo-środowiskowej, jak i genotypy niestabilne, o silnie zróżnicowanych efektach tej interakcji. Istnieje również możliwość zidentyfikowania genotypu o najwyższym (lub najniższym) średnim plonie poprzez wszystkie środowiska. Połączenie powyższych analiz prowadzi do wskazania położenia tak zwanego idealnego genotypu, będącego hipotetycznym genotypem, stabilnym i o największym średnim plonie spośród wszystkich badanych genotypów.

Celem pracy jest zaprezentowanie procesu tworzenia biplotu typu GGE oraz pokazanie wybranych możliwości jego interpretacji. Metoda została przedstawiona na przykładzie analizy danych dla plonu czterech rodów pszenicy ozimej w jednorocznej serii doświadczeń w siedmiu miejscowościach. Rody zostały wybrane w sposób arbitralny spośród kilkudziesięciu badanych. Ich niewielka liczba umożliwia przejrzystą prezentację metody. Pełna analiza uwzględniająca wszystkie rody zostanie przedstawiona w części II.

PRZYGOTOWANIE DANYCH DO BIPLOTU TYPU GGE

Podstawy teoretyczne konstrukcji biplotu typu GGE zawarte są w twierdzeniu o rozkładzie macierzy według wartości osobliwych (np. Rao 1982, str. 60). Teoria ta ma wiele wspólnego z analizą składowych głównych (Zieliński i in., 2005). W niniejszej pracy sposób konstrukcji, a następnie interpretacji biplotu typu GGE przedstawimy na przykładzie danych rzeczywistych dotyczących plonów pszenicy ozimej 4 rodów wybranych spośród kilkudziesięciu rodów badanych w 7 miejscowościach (w dalszym ciągu będziemy zamiennie używać terminów miejscowość i środowisko). Ze względu na małą liczbę rodów, wybranych w dodatku dość arbitralnie, nie należy przykładać zbytnej wagi do uzyskanych wyników. Przykład ma charakter wyłącznie ilustracyjny, a mała liczba

rodów daje możliwość w miarę czytelnej prezentacji omawianej teorii. Pełną analizę wraz z wnioskowaniem zawiera druga część pracy.

Plony pszenicy przedstawia tabela 1. Przyjmując model stały, ocenę efektu GGE, czyli łącznego efektu genotypu oraz interakcji genotypowo-środowiskowej, otrzymamy odejmując od odpowiedniej obserwacji średnią ze wszystkich obserwacji dla danej miejscowości. Oceny efektów GGE przedstawia tabela 2.

Tabela 1

Plony pszenicy ozimej 4 rodów w 7 miejscowościach
Yield of 4 genotypes of winter wheat in 7 locations

Rody Genotypes	Miejscowości Locations						
	DED	KOC	NAD	POB	SMH	STH	SZD
MOB_3926/99	10,764	12,366	9,412	10,769	10,804	10,866	9,566
SZD_597	9,494	11,289	9,569	11,296	10,651	10,072	8,828
NAD_038/98	9,121	11,365	10,023	10,275	8,96	8,602	7,571
AND_418/99	10,993	12,077	10,732	10,42	11,014	10,106	9,271

Tabela 2

Oceny efektów GGE 4 rodów w 7 miejscowościach
Estimates of the GGE effects of 4 genotypes in 7 locations

Rody Genotypes	Miejscowości Locations						
	DED	KOC	NAD	POB	SMH	STH	SZD
MOB_3926/99	0,671	0,592	-0,522	0,079	0,447	0,954	0,757
SZD_597	-0,599	-0,485	-0,365	0,606	0,294	0,160	0,019
NAD_038/98	-0,972	-0,409	0,089	-0,415	-1,397	-1,310	-1,238
AND_418/99	0,900	0,303	0,798	-0,270	0,657	0,195	0,462

Oznaczmy przez ψ_{ij} , $i = 1, \dots, 4$, $j = 1, \dots, 7$, oceny efektów GGE (dalej będziemy mówić po prostu - efekty GGE) z tabeli 2 i niech $\mathbf{Y} = (\psi_{ij})$ będzie macierzą tych efektów o wymiarach 4×7 . Przez λ_i , gdzie, $i = 1, \dots, 4$, oznaczmy uporządkowane w ciąg nierosnący tzw. wartości osobliwe, czyli pierwiastki kwadratowe wartości własnych macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ ($\mathbf{Y}'$ oznacza transpozycję macierzy $\mathbf{Y}$). Mamy $\lambda_1 = 3,144$, $\lambda_2 = 1,451$, $\lambda_3 = 0,875$, $\lambda_4 = 0$. W ogólnym przypadku podajemy tyle wartości osobliwych, ile wynosi mniejszy z wymiarów macierzy $\mathbf{Y}$ (pozostałe wartości osobliwe, o ile istnieją, są równe zero).

Wektory własne $\mathbf{u}_i$ macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ odpowiadające wartościom własnym λ_i nazywamy genotypowymi składowymi głównymi. Macierz $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$ ma te same co macierz $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ niezerowe wartości własne. Odpowiadające wartościom własnym macierzy $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$ wektory własne $\mathbf{v}_j$ (formalnie jest ich 7, ale bierzemy pierwsze cztery według zasady sformułowanej wyżej) nazywamy środowiskowymi składowymi głównymi. Mamy

$$\mathbf{U} = [\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2, \mathbf{u}_3, \mathbf{u}_4] = \begin{bmatrix} 0,484 & 0,195 & 0,691 & 0,500 \\ -0,031 & 0,683 & -0,532 & 0,500 \\ -0,802 & -0,203 & 0,257 & 0,500 \\ 0,349 & -0,675 & -0,416 & 0,500 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{V} = [\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \mathbf{v}_3, \mathbf{v}_4] = \begin{bmatrix} 0,457 & -0,474 & 0,181 & -0,382 \\ 0,234 & -0,233 & 0,498 & 0,801 \\ -0,011 & -0,625 & -0,544 & 0,155 \\ 0,082 & 0,479 & -0,300 & 0,289 \\ 0,495 & 0,088 & -0,549 & 0,238 \\ 0,501 & 0,296 & 0,179 & -0,160 \\ 0,483 & 0,069 & 0,003 & -0,150 \end{bmatrix}.$$

Biorąc dwa pierwsze wektory własne macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ i mnożąc je przez odpowiednie wartości osobliwe, tworzymy macierz $\mathbf{G}$, natomiast z dwóch pierwszych wektorów własnych macierzy $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$ tworzymy macierz $\mathbf{E}$, czyli

$$\mathbf{G} = [\lambda_1 \mathbf{u}_1; \lambda_2 \mathbf{u}_2] = \begin{bmatrix} 1,52 & 0,28 \\ -0,10 & 0,99 \\ -2,52 & -0,29 \\ 1,10 & -0,98 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{E} = [\mathbf{v}_1; \mathbf{v}_2] = \begin{bmatrix} 0,46 & -0,47 \\ 0,23 & -0,23 \\ -0,01 & -0,63 \\ 0,08 & 0,48 \\ 0,50 & 0,09 \\ 0,50 & 0,30 \\ 0,48 & 0,07 \end{bmatrix}.$$

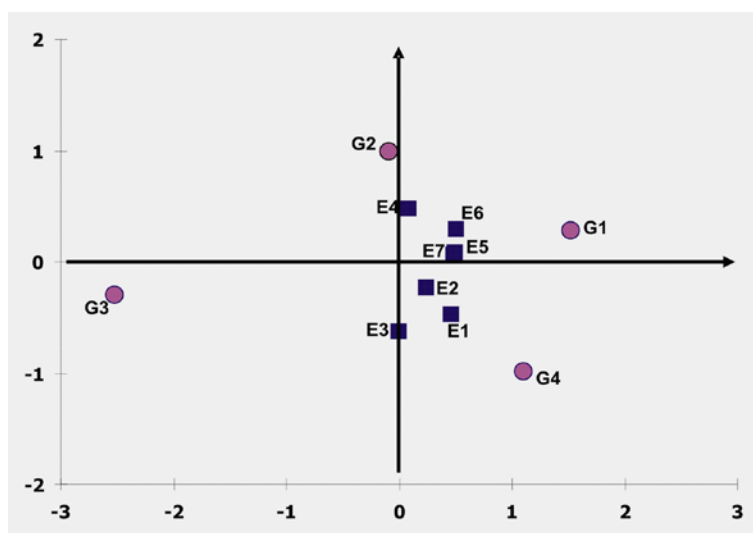
Macierze $\mathbf{G}$ i $\mathbf{E}$ tworzą rozkład (według wartości osobliwych) macierzy $\mathbf{Y}$ w tym sensie, że zachodzi przybliżona równość $\mathbf{Y} \approx \mathbf{G}\mathbf{E}'$ (dokładną równość otrzymalibyśmy biorąc pełny zestaw wektorów własnych zarówno macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$, jak i macierzy $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$). Jak dokładne jest to przybliżenie, możemy sprawdzić bezpośrednio, wyznaczając macierz $\mathbf{G}\mathbf{E}'$ i porównując ją z macierzą $\mathbf{Y}$. Można też obliczyć wartość wskaźnika

$$d_2 = (\lambda_1^2 + \lambda_2^2) / (\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2 + \lambda_4^2),$$

określającego, jaką część zmienności wszystkich danych wyjaśniają dwie pierwsze składowe główne (patrz np. Krzyśko, 2000; Sieczko i in., 2004). W naszym przypadku $d_2 = 0,94$, co oznacza, że wzięcie tylko dwóch pierwszych składowych zamiast wszystkich czterech przyniesie utratę 6% informacji.

Ponieważ zarówno każdy wiersz macierzy $\mathbf{G}$ jak i każdy wiersz macierzy $\mathbf{E}$ składa się z dwóch współrzędnych, możemy wszystkie wiersze obu macierzy potraktować jako punkty płaszczyzny. Mamy wobec tego 4 wiersze macierzy $\mathbf{G}$, czyli punkty $\mathbf{G}_1, \dots, \mathbf{G}_4$ reprezentujące genotypy i 7 wierszy macierzy $\mathbf{E}$, czyli punkty $\mathbf{E}_1, \dots, \mathbf{E}_7$ reprezentujące środowiska (w tym przypadku miejscowości).

Rysunek z zaznaczonymi wszystkimi punktami G_i i E_j nazywa się biplotem typu GGE (rys. 1).



Rys. 1. Biplot typu GGE reprezentujący 4 genotypy w 7 środowiskach
Fig. 1. GGE biplot representing 4 genotypes in 7 locations

INTERPRETACJA BIPLITU TYPU GGE

Współrzędne każdego punktu na płaszczyźnie są takie same jak współrzędne wektora, którego końcem jest ten punkt, a zaczepionego w początku układu współrzędnych. Wobec tego na punkty G_i i E_j możemy patrzeć również jako na wektory zaczepione w początku układu współrzędnych.

Z przybliżonej równości $\mathbf{Y} \approx \mathbf{G}\mathbf{E}'$ wynika, że każdy element ψ_{ij} macierzy $\mathbf{Y}$ (czyli efekt GGE) jest iloczynem skalarnym wektorów G_i i E_j , tzn. możemy go zapisać w postaci $\psi_{ij} \approx |G_i| \cdot \cos \alpha_{ij} \cdot |E_j|$, gdzie $|G_i|$, $|E_j|$ oznaczają długości wektorów G_i i E_j , a α_{ij} jest kątem (niezorientowanym) między tymi wektorami. (W dalszym ciągu będziemy pisać zwykłą równość zamiast przybliżonej). Oznacza to, że mając dany biplot typu GGE, możemy na jego podstawie odtworzyć efekty GGE poprzez zmierzenie długości wektorów i kątów między tymi wektorami.

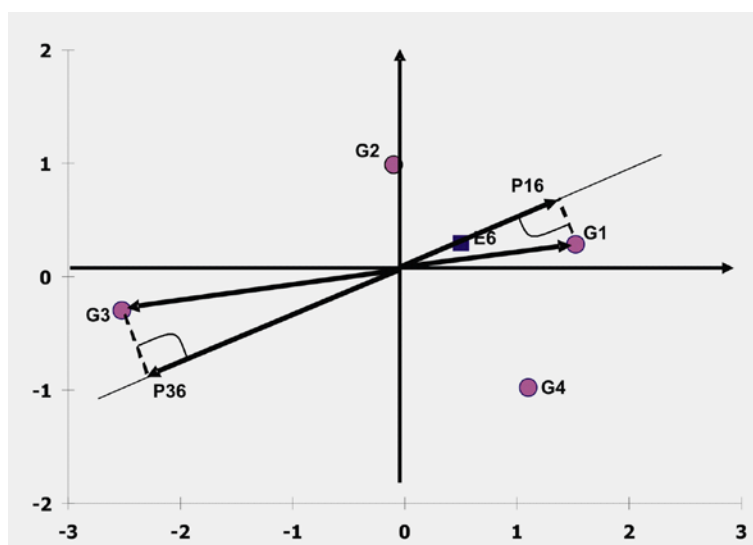
W rzeczywistości większe znaczenie, zamiast rachunkowego odtwarzania efektów GGE, miałoby wskazanie na rysunku takich obiektów, które by te efekty reprezentowały. Załóżmy, że chcemy porównać wszystkie efekty GGE w środowisku E_6 (STH). Oznaczając $p_{ij} = |G_i| \cdot \cos \alpha_{ij}$ mamy $\psi_{16} = p_{16} \cdot |E_6|$, ..., $\psi_{46} = p_{46} \cdot |E_6|$.

Widać więc, że porównanie efektów ψ_{ij} (w ustalonej miejscowości E_j) sprowadza się do porównania odpowiednich wielkości p_{ij} . Z elementarnej trygonometrii wynika, że wartość bezwzględna p_{ij} jest długością wektora będącego rzutem prostopadłym wektora G_i

na prostą równoległą do wektora E_j . Oznaczmy ten rzut przez P_{ij} . Wielkość p_{ij} jest dodatnia, jeśli wektory E_j i P_{ij} mają ten sam zwrot, ujemna, gdy E_j i P_{ij} mają przeciwne zwroty.

Wobec tego wektory P_{ij} , będące rzutami prostopadłymi wektorów G_i na prostą równoległą do E_j , mogą być uznane za obiekty reprezentujące efekty GGE w ustalonej miejscowości E_j .

Na rysunku 2 zaznaczona jest prosta przechodząca przez początek układu i punkt E_6 (a więc równoległa do wektora E_6). Rzuty prostopadłe na tę prostą wektorów $G_1, \dots, G_4$ są wektorami $P_{16}, \dots, P_{46}$. Trzy z nich mają zwrot zgodny z E_6 . Są to P_{16}, P_{26}, P_{46} , wobec czego p_{16}, p_{26} i p_{46} są dodatnie, przy czym największą długość ma wektor P_{16} . Zatem w miejscowości E_6 największy efekt GGE daje genotyp G_1 .



Rys. 2. Porównanie efektów GGE w miejscowości E_6
Fig. 2. Comparison of the GGE effects in the location E_6

Wektor P_{36} ma zwrot przeciwny do wektora E_6 , wobec tego $p_{36} < 0$, czyli jedyny ujemny efekt GGE w miejscowości E_6 daje genotyp G_3 . Na rysunku 2 zaznaczone są wektory P_{16} i P_{36} , reprezentujące skrajne efekty GGE w miejscowości E_6 .

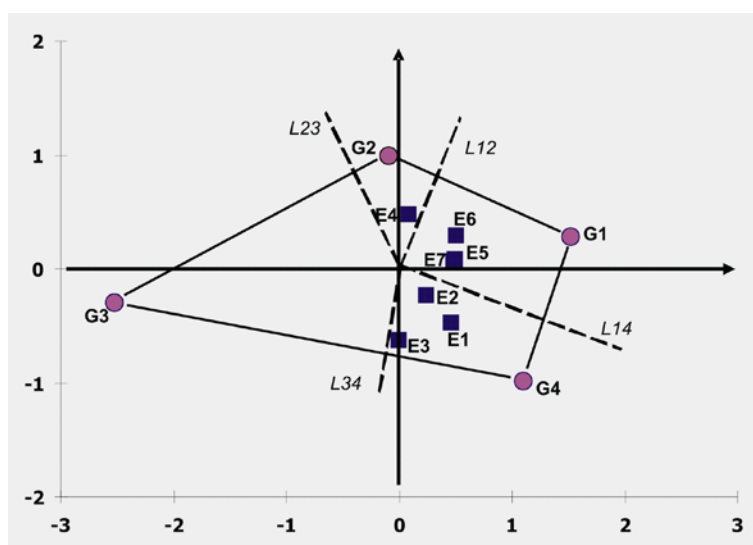
Dokładniejsza analiza rysunku 2 prowadzi do następującego uszeregowania wielkości p_{i6} : $p_{36} < 0 < p_{46} < p_{26} < p_{16}$, a co za tym idzie do następującego uszeregowania efektów GGE w miejscowości E_6 : $\psi_{36} < 0 < \psi_{46} < \psi_{26} < \psi_{16}$.

Dane w tabeli 2 potwierdzają ten wniosek wynikający z analizy biplotu typu GGE. Należy jednak pamiętać, że biplot pozwala na odtworzenie efektów GGE w sposób przybliżony, a więc — zwłaszcza przy niewielkiej różnicy pomiędzy tymi efektami (np. $\psi_{26} = 0,160$, $\psi_{46} = 0,195$) — biplot może wskazać inną kolejność niż w rzeczywistości.

W podobny sposób można porównywać efekty GGE dla ustalonego genotypu w różnych miejscowościach. Trzeba tylko brać rzuty prostopadłe wektorów E_j na prostą równoległą do ustalonego wektora G_i .

Z powyższych rozważań wynika, że w miejscowości E6 największy efekt GGE daje genotyp G1. W celu znalezienia dla każdej miejscowości genotypu o największym w niej efekcie GGE nie jest konieczne specyfikowanie wielkości wszystkich efektów GGE w każdej miejscowości.

Połączmy prostą punkty G1 i G4 (linia ciągła na rys. 3), a następnie narysujmy półprostą do niej prostopadłą, zaczepioną w początku układu współrzędnych (linia przerywana L14 na rysunku 3). Punkty G1 i G4 znalazły się po przeciwnych stronach prostej L14, przy czym punkt E1 znalazł się po tej samej stronie prostej L14 co punkt G4. Wynika z tego, że genotyp G4 ma większy efekt GGE w miejscowości E1 niż genotyp G1 w tej miejscowości. (Gdyby punkt E1 leżał na prostej L14, to oba efekty byłyby takie same).



Rys. 3. Szukanie genotypu o największym efekcie GGE w każdej miejscowości
Fig. 3. Searching for the genotype with maximum GGE effect in each location

Podobne rozumowanie można przeprowadzić dla pozostałych miejscowości i powtórzyć je również w przypadku półprostych L12, L23 i L34 (rys. 3). Liczba rozpatrywanych przypadków jest dość duża, okazuje się jednak, że całość rozważań można zreasumować w dość zwięzły i przejrzysty sposób.

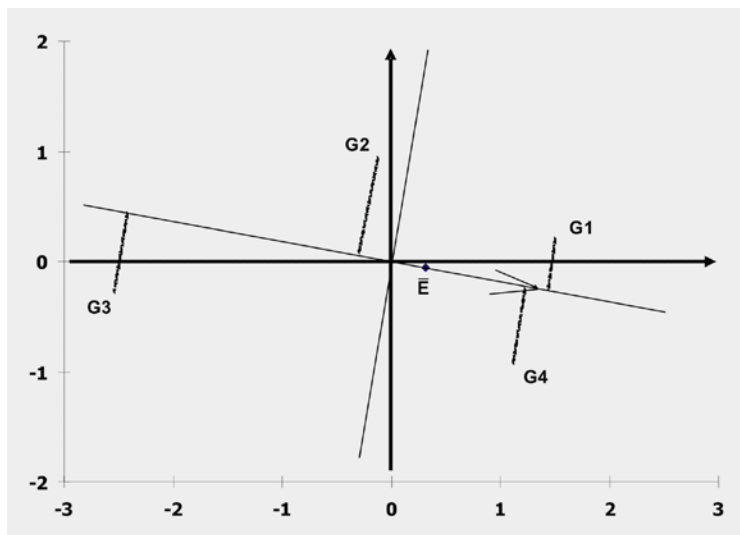
Zauważmy, że półproste L14, L12, L23 i L34 dzielą płaszczyznę na cztery obszary, przy czym każdy obszar zawiera dokładnie jeden genotyp. W obszarze zawierającym genotyp G1 znajdują się miejscowości E5, E6 i E7. Oznacza to, że genotyp G1 daje największy efekt GGE w każdej z tych miejscowości. Podobnie genotyp G4 daje największy efekt GGE w każdej z miejscowości E1, E2, E3. Genotyp G2 daje największy efekt GGE tylko

w miejscowości E4, nie ma natomiast miejscowości, w której genotyp G3 dawałby największy efekt GGE.

Z powyższego wynika więc, że szukanie dla każdej miejscowości genotypu o największym w niej efekcie GGE umożliwia przy okazji dokonanie podziału wszystkich miejscowości na podgrupy.

Kolejnym zagadnieniem, w którego analizie pomocne mogą być wykresy typu biplot, jest badanie stabilności genotypów. Rozważamy najczęściej dwa rodzaje stabilności: statyczną oraz dynamiczną (Annicchiarico, 2002; Yan, Kang, 2003). Genotyp stabilny statycznie zachowuje stałą wysokość plonu we wszystkich środowiskach. Genotyp stabilny dynamicznie w każdym ze środowisk daje plon różniący się od średniego plonu wszystkich genotypów w danym środowisku o stałą wielkość. Inaczej mówiąc, genotyp ten nie wykazuje żadnej interakcji genotypowo-środowiskowej.

Biplot typu GGE pozwala w łatwy sposób ocenić stabilność typu dynamicznego rozważanych genotypów. W tym celu definiuje się tak zwane średnie środowisko, o średnich wartościach plonów badanych genotypów poprzez środowiska. Na wykresie jest ono przybliżane przez punkt, którego współrzędne są średnimi wartościami odpowiednio pierwszej i drugiej składowej głównej dla środowisk. Odpowiedni wykres dla rozważanego w pracy przykładu przedstawiony jest na rysunku 4.



Rys. 4. Analiza stabilności genotypów oraz poszukiwanie genotypu idealnego
Fig. 4. Analysis of the genotype stability and searching for the ideal genotype

Prosta przechodząca przez punkt średniego środowiska ($\bar{E}$) oraz początek układu współrzędnych tworzy tzw. oś średniego środowiska. Rzuty wektorów G_i na tę oś reprezentują efekty główne genotypów G_i , a tym samym ustalają ranking średnich (poprzez środowiska) plonów tych genotypów. Strzałka na osi średniego środowiska wskazuje kierunek wzrostu średniego plonu. Według wykresu kolejność genotypów pod

względem średniego plonu jest następująca: $G1 > G4 > G2 > G3$. W rzeczywistości średnie plony przybierają wartości: 10,66 (G4) > 10,65 (G1) > 10,17 (G2) > 9,42 (G3). Widać więc, że wykres bardzo dobrze przybliży zależności między średnimi plonami genotypów, a jedyna niedokładność związana jest z tym, że średnie plony genotypów G1 i G4 są prawie takie same.

Genotypy leżące na osi średniego środowiska charakteryzują się brakiem interakcji genotypowo-środowiskowej, a więc są stabilne. Odległości poszczególnych genotypów od osi średniego środowiska związane są ze zmiennością efektów interakcji genotypowo-środowiskowej. Im większa odległość, tym genotyp wykazuje większe zróżnicowanie efektów tej interakcji. Odległości poszczególnych genotypów od osi średniego środowiska na rysunku 4 są do siebie zbliżone, z czego wynika, że wszystkie cztery genotypy są mniej więcej jednakowo stabilne.

W końcu rysunek 4 pozwala wyznaczyć tak zwany genotyp idealny definiowany jako stabilny i o największym średnim plonie pośród badanych genotypów (Yan., Kang, 2003). Położenie genotypu idealnego na rysunku 4 wskazuje dokładnie koniec strzałki na osi średniego środowiska (tej samej, która wskazuje dodatkowo kierunek wzrostu średniego plonu genotypów). Wykresy typu biplot jedynie przybliżają rzeczywiste zależności, stąd z rysunku 4 wynika, że genotyp G4 ma mniejszy, a G1 większy średni plon niż genotyp idealny. Z pewnością można jednak powiedzieć, iż oba te genotypy są najbardziej zbliżone do poszukiwanego genotypu idealnego.

WNIOSKI

1. Analiza biplotu typu GGE polega na odpowiedniej interpretacji dobrze znanych obiektów geometrycznych (takich jak punkty, proste, wektory) i wyciąganiu wniosków z ich elementarnych własności trygonometrycznych. Podstawą tej analizy jest stwierdzenie, że efekt GGE jest iloczynem skalarnym dwóch wektorów, z których jeden reprezentuje genotyp, a drugi środowisko.
2. Podstawowe możliwości interpretacyjne biplotu typu GGE:
 - uporządkowanie efektów GGE według wielkości dla ustalonego środowiska,
 - wyznaczanie genotypu o największym efekcie GGE w danym środowisku,
 - podział środowisk na grupy,
 - badanie stabilności genotypów oraz wskazanie genotypu idealnego.
3. W przypadku gdy analiza obejmuje dużą liczbę genotypów (np. kilkadziesiąt rodów) konstrukcja i interpretacja biplotu typu GGE nie jest praktycznie możliwa bez odpowiedniego programu komputerowego. W. Yan, jeden z twórców metody biplotu typu GGE, jest również autorem programu komputerowego do obsługi tej metody (Yan, 2001–2004).

LITERATURA

- Annicchiarico P. 2002. Genotype $\times$ environment interactions — challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO Plant Production and Protection Paper — 174. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.

- Krzanowski W. 1988. Principles of multivariate analysis. A user's perspective. Clarendon Press, Oxford.
- Krzyśko M. 2000. Wielowymiarowa analiza statystyczna. Wydawnictwo Naukowe UAM, Poznań.
- Rao C.R. 1982. Modele liniowe statystyki matematycznej. PWN, Warszawa.
- Sieczko L., Mądry W., Zieliński A., Paderewski J., Urbaś-Szwed K. 2004. Zastosowanie analizy składowych głównych w badaniach nad wieloocelową charakterystyką zmienności genetycznej w kolekcji zasobów genowych pszenicy twardej (*Triticum durum* L.). XXXIV Coll. Biom.: 223 — 239.
- Yan W. 2001. GGE biplot — a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. Agron. J. 93: 1111 — 1118.
- Yan W., Hunt L. A. 2001. Interpretation of genotype-environment interaction for winter wheat yield in Ontario. Crop Sci. 41: 19 — 25.
- Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavnics Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Sci. 40: 597 — 605.
- Yan W., Kang M. S. 2003. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Yan W. 2001–2004. Strona World Wide Web: <http://www.ggebiplot.com/biplot.htm>.
- Zieliński A., Jankowski P., Mądry W. 2005. Biplot typu GGE jako narzędzie do graficznej analizy danych z serii doświadczeń z genotypami. XXXV Coll. Biom.: 207 — 224.

PAWEŁ JANKOWSKI**ANDRZEJ ZIELIŃSKI****WIESŁAW MĄDRY**

Katedra Biometrii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Analiza interakcji genotyp-środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplot typu GGE Część II. Grupy środowisk i stabilność genotypów

Analysis of genotype-environment interaction for winter wheat using graphical GGE biplot method

Part II. Groups of environments and stability of genotypes

Biplot typu GGE jest graficzną metodą analizy tzw. efektów GGE, tzn. efektów głównych genotypów połączonych z efektami interakcji genotypowo-środowiskowych. W pracy metoda GGE biplot została zastosowana do interpretacji danych z 2004 roku, dotyczących plonów rodów pszenicy ozimej na terenie zachodniej Polski. Przedstawiono pewnego rodzaju analizę skupień badanych środowisk, polegającą na poszukiwaniu grup miejscowości (multiśrodowisk) o zbliżonym efekcie interakcji z wszystkimi analizowanymi genotypami. Metodę GGE biplot zastosowano następnie do oceny stabilności genotypów ze względu na wysokość plonu oraz do wskazania genotypów najbardziej zbliżonych do tzw. genotypu idealnego, definiowanego jako genotyp stabilny o największym średnim plonie poprzez środowiska.

Słowa kluczowe: biplot, efekty GGE, interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenica ozima, stabilność genotypów

GGE biplot is a graphical method of analysis of the so-called GGE effects, i.e. main genotype effects combined with genotype-environment interaction effects. In the paper the GGE biplot method has been used in order to interpret the 2004 data for grain yield of the winter wheat variety trials in western Poland. First, a kind of the cluster analysis of tested environments has been presented. It led to an indication of the so-called multi-environments characterized by the similar genotype-environment interaction with all analyzed genotypes. Next, the method has been applied to the genotype stability analysis. Genotypes closest to the so-called ideal genotype defined as stable and with highest average yield in all environments have been found.

Key words: biplot, genotype-environment interaction, GGE effects, stability of genotypes, winter wheat

WSTĘP

Praca stanowi kontynuację artykułu Jankowski i wsp. (2006) prezentującego ideę oraz podstawy teoretyczne metody graficznej biplot typu GGE, służącej do analizy interakcji genotypowo-środowiskowej w hodowli roślin, a co za tym idzie, do oceny wartości użytkowej genotypów. Taka ocena należy do najważniejszych i wymagających zadań w zaawansowanych etapach procesu hodowli roślin (Caliński i in., 1987 a, b 1995, 1997; Basford i Cooper, 1998; Yan i in., 2000; Annicchiarico, 2002). Musi być ona oparta na wynikach z wielośrodowiskowej serii doświadczeń genotypowych, czyli doświadczeń wielokrotnych jednorocznych lub wieloletnich. W pracy wykorzystano możliwości metody biplot typu GGE do analizy danych z serii doświadczeń z genotypami, przeprowadzonych w określonych miejscowościach.

Głównym celem oceny wartości użytkowej genotypów w serii doświadczeń wielośrodowiskowych może być wybór odmian najlepiej dostosowanych do większości warunków przyrodniczych danego rejonu docelowego, czyli odmian o szerokiej adaptacji, tzn. najbardziej produktywnych przeciętnie w tym rejonie oraz stabilnych w sensie dynamicznym, czyli reagujących zmianą plonu o taką samą wielkość, o jaką zmienia się średnia wydajność środowisk tego rejonu (Becker i Leon, 1988; Braun i in., 1996; Caliński i in., 1997; Annicchiarico, 2002; Kang, 2002; Mądry i in., 2003; Mądry i Kang, 2005). Wyniki wspomnianej oceny genotypów mogą być także podstawą rejonizacji odmian o wąskiej adaptacji, czyli wysoko produktywnych tylko w pewnych tak zwanych megaśrodkach, tzn. w podrejonach wydzielonych z całego rejonu docelowego (Lin i Binns, 1994; Yan i in., 2000; Yan i Hunt, 2001; Annicchiarico, 2002).

Zgodnie z powyższym główne cele analizy przeprowadzonej w pracy to: a) analiza skupień, czyli podział środowisk na multiśrodkach, w obrębie których poszczególne środowiska charakteryzują się podobnymi interakcjami ze wszystkimi badanymi genotypami; b) ocena stabilności genotypów pod względem wysokości plonu oraz wskazanie genotypów najbardziej zbliżonych do tak zwanego genotypu idealnego, czyli stabilnego o najwyższym średnim plonie spośród wszystkich badanych genotypów (Annicchiarico, 2002; Yan, Kang, 2003).

MATERIAŁ I METODY

W pracy analizie poddane zostały dane dotyczące plonu 56 rodów pszenicy ozimej w 7 miejscowościach (środowiskach). Środowiska różnią się typem gleby, przedplonem, nawożeniem oraz datą siewu i zbioru. Dane uzyskano w 2004 roku z doświadczeń przedrejestrów koordynowanych przez Oddział IHAR w Krakowie.

Oznaczenia miejscowości wraz z ich pełnymi nazwami i województwami, w których te miejscowości są położone, prezentuje tabela 1. Plony pszenicy ozimej w badanych miejscowościach przedstawione są w tabeli 2. Dane tworzą więc macierz o wymiarach 7×56 .

Tabela 1

Miejscowości (środowiska) Locations (environments)							
Oznaczenie Notation	DED	KOC	NAD	POB	SMH	STH	SZD
Miejscowość Location	Dębina	Kobierzyce	Nagradowice	Polanowice	Smolice	Strzelce	Szelejewo
Województwo Province	Pomor.	Dolnośl.	Wielkop.	Małop.	Wielkop.	Łódzkie	Wielkop.

Do analizy macierzy danych wykorzystana została metoda biplot typu GGE, będącą jednym z zastosowań metody graficznej biplot, zaproponowanej m.in. przez Gabriela (1971) i opartej na twierdzeniu o rozkładzie macierzy według wartości osobliwych (np. Rao, 1982, str. 60). Teoria ta ma wiele wspólnego z analizą składowych głównych (Zieliński i in. 2005). Każdy z wykresów biplot tworzony jest na podstawie pierwszych dwóch składowych głównych macierzy danych (w przypadku biplotu typu GGE są to tzw. środowiskowe składowe główne) i tłumaczy ten sam, co one, procent zmienności układu danych. Metoda biplot typu GGE, szczegółowo przedstawiona przez Yana i Kanga (2003; zob. też Yan i in., 2000; Yan, 2001; Yan i Hunt, 2001), bada tzw. efekty GGE (z ang. genotype + genotype-environment), będące sumą efektów głównych genotypów i efektów interakcji genotypowo-środowiskowej. Przez środowiska można w ogólności rozumieć miejscowości badane w jednym roku albo też miejscowości badane w ciągu kilku lat (każda kombinacja miejscowości i roku traktowana jest wówczas jako niezależne środowisko). W pracy przedmiotem analizy są wysokości plonów otrzymane w jednym roku. W takim przypadku uzasadnione jest wymienne stosowanie określeń środowisko i miejscowość (bądź lokalizacja), choć formalnie należałoby w miejsce GGE używać oznaczenia GGL (z ang. genotype + genotype-localization).

Podstawy teoretyczne, proces konstrukcji biplotu typu GGE oraz możliwości jego interpretacji zostały szczegółowo opisane w pierwszej części pracy (Jankowski i in., 2006). Biplot typu GGE składa się z punktów (wektorów) na płaszczyźnie, z których część reprezentuje genotypy, a część środowiska. Efekty typu GGE są funkcjami długości wektorów i kątów między nimi. Zatem analiza interakcji genotypowo-środowiskowej polega na odpowiedniej interpretacji własności geometrycznych i trygonometrycznych obiektów płaszczyzny.

Przy dużej liczbie danych do tworzenia wykresów typu GGE biplot najwygodniej jest zastosować jeden z wielu programów komputerowych. W pracy zostało wykorzystane specjalistyczne oprogramowanie GGEbiplot autorstwa Yana (Yan, 2001–2004), automatycznie generujące wykresy typu biplot dla kilku modeli GGE, opartych na standaryzowanej lub niestandaryzowanej macierzy danych. Posiada ono wiele narzędzi ułatwiających analizę wykresów i wyciąganie wniosków dotyczących zależności między genotypami a środowiskami. Dodatkowo program GGEbiplot umożliwia analizę modeli takich jak PCA czy AMMI. Przydatnym do tworzenia wykresów GGE biplot może być również bezpłatny mikroprogram, działający w arkuszu Excel, stworzony przez Lipkovicha i Smitha (Lipkovich, Smith, 2002).

Tabela 2

Plony pszenicy ozimej 56 rodów w 7 miejscowościach
Yield of 56 genotypes of winter wheat in 7 locations

Miejscowość Location	DED	KOC	NAD	POB	SMH	STH	SZD
Ród Genotype							
1	2	3	4	5	6	7	8
CHD_342/98	10,72	12,50	10,17	10,13	11,63	9,64	8,75
DAD_2522/00	10,31	11,26	10,29	9,99	10,81	9,81	8,16
CHD_507/00	10,33	10,77	10,39	10,48	10,66	9,09	7,91
DAD_408/99	10,05	11,57	10,55	11,39	10,56	9,72	7,05
LAD_425/99	10,03	11,45	10,20	9,50	10,50	10,75	8,21
DAD_128/00	10,17	10,71	9,82	9,20	10,74	9,72	7,85
LAD_758/00	9,85	11,86	9,84	10,67	11,09	10,06	8,64
LAD_317/99	9,23	10,60	9,62	10,82	10,80	8,50	7,29
AND_886/98	9,18	10,17	9,68	9,25	10,02	9,25	7,99
AND_418/99	10,99	12,08	10,73	10,42	11,01	10,11	9,27
AND_981/97	9,72	12,08	10,54	10,45	9,943	10,12	8,09
AND_1237/99	10,10	11,37	10,66	10,15	11,47	9,70	8,28
NAD_016/98	9,53	11,35	10,63	10,59	10,11	10,58	8,24
NAD_017/98	9,73	10,78	10,98	9,80	10,74	10,44	7,73
NAD_038/98	9,12	11,37	10,02	10,28	8,96	8,60	7,57
NAD_088/98	9,74	11,92	10,63	10,86	10,36	9,34	8,73
HEC_659/99	10,31	11,98	10,39	10,47	11,12	9,55	8,36
HEC_780/00	10,47	11,56	10,53	11,14	10,89	9,63	8,21
KOC_1437/01_RS.9	10,05	11,80	10,37	11,33	11,00	9,20	8,36
KOC_1491/01_926-	10,37	10,83	10,00	9,08	10,67	9,61	8,20
KOC_2047/01_949-	10,56	11,37	10,95	11,08	11,13	10,09	8,77
KOC_2267/01_RS.9	9,57	11,25	9,69	10,81	10,76	9,23	8,06
KOC_2374/01_991-	10,00	11,68	10,19	10,30	10,54	10,08	8,07
KOC_2339/01_984-	9,89	11,77	9,43	11,40	11,17	10,23	7,75
HRSM_26	10,33	11,39	10,38	11,81	11,23	10,09	7,39
HRSM_91	10,18	11,60	10,38	11,77	11,04	8,92	8,36
HRSM_111	10,00	10,52	10,17	8,84	11,12	9,52	7,49
HRSM_122	9,11	11,17	10,09	10,50	10,37	9,29	7,32
HRSM_204	10,38	10,63	10,25	9,69	10,33	10,23	7,09
HRSM_213	9,39	10,61	9,63	9,97	10,68	9,75	8,15
SMH_6847	10,33	10,98	10,48	10,71	11,56	10,09	8,00
SMH_6868	9,19	9,97	9,12	9,95	9,42	9,06	7,06
STH_5441	9,83	10,23	10,03	8,81	10,99	9,65	8,32
STH_1599	9,47	10,46	8,80	9,74	9,63	8,95	7,41
STH_1427	10,31	11,84	10,62	11,44	10,96	10,82	9,10
STH_1596	9,52	11,64	8,93	10,20	10,84	10,63	8,82
STH_5338	10,42	11,82	10,45	10,68	10,75	10,52	9,01
STH_5504	8,83	9,76	10,22	8,94	9,81	9,17	8,88
STH_43	10,23	10,24	9,85	9,53	10,45	9,34	8,80
STH_175	9,29	11,65	9,59	9,29	11,21	11,09	8,67
POB_126/00	10,52	11,77	10,71	9,83	10,62	10,48	8,19
POB_470/01	9,93	11,02	10,43	9,75	10,69	9,98	8,98
POB_495/01	10,17	11,57	10,89	10,45	10,91	9,76	7,52
POB_452/01	10,13	12,18	10,27	9,75	10,88	10,12	8,66
POB_654/95	10,10	12,06	10,40	8,99	10,79	10,76	9,00
MOB_3926/99	10,76	12,37	9,41	10,77	10,80	10,87	9,57
MOB_1737/00	9,16	11,63	9,47	10,23	10,07	8,79	7,86
MOB_2355/97	9,24	11,43	10,00	10,75	9,84	9,38	9,20
MOB_3191/99	10,19	12,24	10,25	10,27	10,80	9,95	9,85

c.d. Tabela 2

1	2	3	4	5	6	7	8
MOB_3963/99	10,41	11,63	9,73	9,50	10,41	10,40	8,11
MOB_3977/99	9,76	11,43	10,27	11,79	10,80	10,31	9,12
SZD_601	10,88	11,52	9,89	10,47	11,32	9,28	8,20
SZD_597	9,49	11,29	9,57	11,30	10,65	10,07	8,823
Tonacja	9,78	11,08	10,24	9,89	10,52	10,54	8,30
Kobra	10,03	11,22	9,87	9,70	10,83	9,71	7,83
Korweta	9,02	11,24	10,06	10,95	10,36	9,11	8,67

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza środowiskowych składowych głównych dla ocen efektów GGE otrzymanych na podstawie danych z tabeli 2 wskazuje, że powinno się uwzględnić trzy pierwsze składowe, tłumaczące razem 75% zmienności układu danych. Pominięcie pozostałych składowych głównych przyniesie utratę 25% informacji (tab. 3).

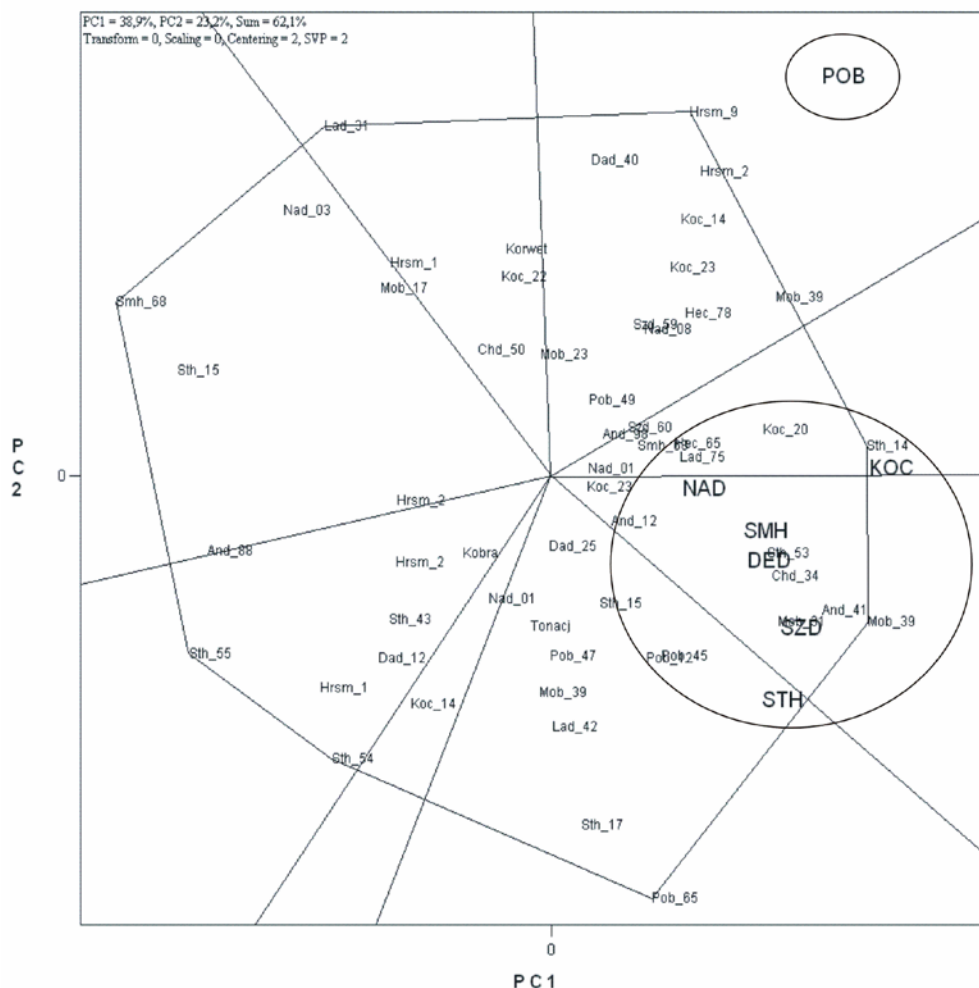
Tabela 3

Procent zmienności danych tłumaczony przez kolejne składowe główne macierzy danych
Percentage of the variability of the data explained by the successive principal components

Składowa główna — Principal component	1	2	3
Procent zmienności — Percentage of variability	39%	23%	13%

Metoda GGE biplot może być bardzo przydatna w końcowych etapach hodowli zbóż, a także innych gatunków roślin. Pierwszym z jej głównych zastosowań jest podział środowisk na grupy reprezentujące, możliwie wiernie, obszary potencjalnej uprawy wyhodowanych odmian, czyli tzw. rejonów docelowych. Innymi słowy wykresy typu GGE biplot umożliwiają wyznaczenie tzw. multiśrodowisk, w obrębie których środowiska cechują się podobnymi interakcjami ze wszystkimi badanymi genotypami.

Rysunek 1 jest wykresem typu biplot utworzonym na podstawie dwóch pierwszych składowych głównych i przedstawia podział wszystkich środowisk na dwa główne multiśrodowiska. Z powodu znacznej liczby badanych genotypów przypisywanie każdej z miejscowości rodu o największym w niej efekcie GGE odbywa się w sposób nieco bardziej złożony, niż było to przedstawione w części I pracy (Jankowski i in., 2006). Mianowicie odnajdywane są genotypy najbardziej oddalone od początku układu współrzędnych w ten sposób, by wielokąt, którego wierzchołkami będą te genotypy, zawierał w swoim wnętrzu wszystkie genotypy pozostałe. Linie prostopadłe oddzielają miejscowości, w których największy plon osiąga ród będący wierzchołkiem wielokąta zawartym w danej części wykresu. I tak z rysunku 1 wynika, że ród Hrsm_9 (Hrsm_91) daje najwyższy plon w miejscowości POB, zaś rody Sth_14 (STH_1427) oraz Mob_39 (Mob_3926/99) we wszystkich pozostałych miejscowościach. Z drugiej strony rody znajdujące się w pięciu pozostałych wierzchołkach są najgorszymi dla części lub dla wszystkich środowisk.



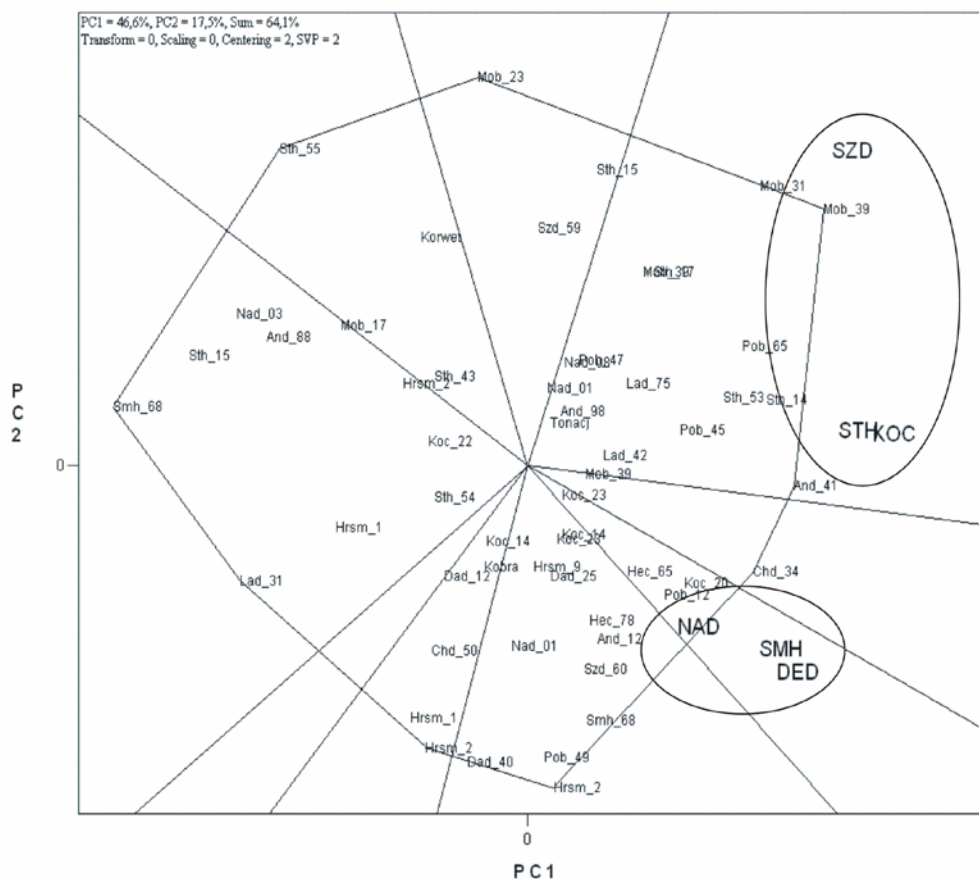
Rys. 1. Podział środowisk na dwa główne multiśrodowiska na podstawie wykresu biplot typu GGE opartego na pierwszej i drugiej składowej głównej

Fig. 1. Two multi-environments as the result of grouping based on the GGE biplot drawn by means of the first and second principal components

Przyjrzyjmy się dokładniej wyodrębnionej grupie środowisk. Na rysunku 2 sporządzonym po wyłączeniu z macierzy danych kolumny związanej ze środowiskiem POB ujawnia się głębsza struktura grupy, niewidoczna wcześniej z powodu znacznych różnic między pierwotnie otrzymanymi grupami. Okazuje się, że grupę sześciu miejscowości możemy podzielić na jeszcze dwie podgrupy, z których jedną tworzą środowiska KOC, SZD i STH, a drugą DED, NAD i SMH.

Otrzymane wyniki potwierdza dodatkowy biplot typu GGE sporządzony na podstawie drugiej i trzeciej składowej głównej i prezentowany na rysunku 3. Zasadność jego analizy

tłumaczy fakt, że pierwsza składowa główna nie ujawnia zróżnicowania miejscowości, wszystkie, bowiem koncentrują się wokół wartości pierwszej składowej głównej równej 3 (patrz rys. 1). Jak widać, dodatkowy biplot ukazuje ten sam podział na grupy środowisk jak przedstawiony powyżej.



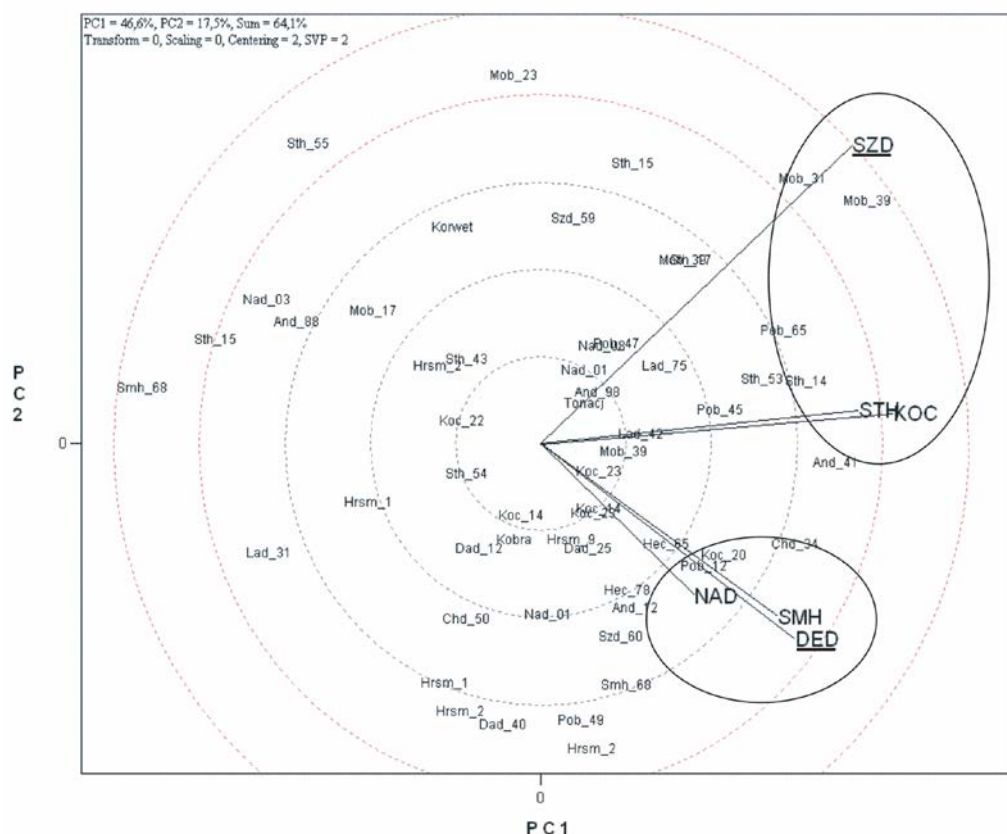
Rys. 2. Dalszy podział jednego z pierwotnych multiśrodków na podstawie wykresu biplot typu GGE opartego na pierwszej i drugiej składowej głównej

Fig. 2. Further grouping applied to one of the original multi-environments based on the GGE biplot drawn by means of the first and second principal components

W przypadku obu wydzielonych trójelementowych grup środowisk można przypuszczać, że w ich obrębie nie występuje interakcja genotypowo-środowiskowa. Gdyby taka hipoteza została potwierdzona danymi z kolejnych lat, można by wybrać po jednym środowisku reprezentującym daną podgrupę. Jak pokazuje rysunek 4, środowiskami najlepiej spełniającymi tę rolę byłyby SZD oraz DED o najdłuższych w obrębie swoich multiśrodków wektorach w przestrzeni pierwszej i drugiej składowej głównej. Stąd

(Koc_2339/01_984-). Z macierzy danych można z kolei wyczytać, że ich rzeczywista kolejność jest następująca: Hrsm_26, Mob_3977/99, Hrsm_91, Sth_1427, Koc_2339/01_984-, Dad_408/99 i Koc_1437/01_RS.9. Jak widać, mimo znacznego rozmiaru badanych danych, wykres biplot z dużą dokładnością przybliży ich strukturę.

W podobny sposób można porównać efekty GGE w dwóch środowiskach. Na rysunku 6 zaprezentowano biplot typu GGE służący do porównania środowisk SZD i DED. Linie prostopadłe przechodzące przez środek układu współrzędnych dzielą obszar na cztery części. Genotypy znajdujące się w górnej prawej oraz dolnej lewej części wykresu posiadają większy efekt GGE ze środowiskiem SZD niż ze środowiskiem DED. W pozostałych częściach wykresu przeciwnie: efekty GGE w miejscowości DED są większe niż w miejscowości SZD.



Rys. 4. Wybór środowisk reprezentujących poszczególne multiśrodowiska
Fig. 4. Choice of environments representative for the multi-environments

Kolejnym, ważnym dla hodowców zagadnieniem jest analiza stabilności genotypów. Również w tym przypadku metoda biplot typu GGE może być bardzo skuteczna. Rozważamy stabilność dynamiczną oznaczającą plony genotypów różniące się o stałą

Fig. 7. Stability analysis of the genotypes. The arrow visible in the middle of the circle shows the location of the ideal genotype. The arrow is situated on the average environment coordinate (AEC) abscissa representing stable genotypes. The line perpendicular to the AEC abscissa shows the directions of instability increase indicated by the arrows

PODSUMOWANIE

miejscowości na terenie zachodniej Polski, potwierdza swą skuteczność przy ocenie przydatności tych rodów do hodowli. Duża łatwość interpretacyjna wykresów biplot typu GGE umożliwiła podział miejscowości na grupy jednorodne pod względem interakcji genotypowo-środowiskowej (wydzielone zostały trzy takie grupy). Przy pomocy tej metody można też wskazać genotypy o dużej stabilności i charakteryzujące się wysokim plonem.

Pewną wadą omawianej metody jest to, że wykresy oddają rzeczywiste zależności w sposób jedynie przybliżony (jest to wada każdej metody opartej na analizie dwóch lub trzech pierwszych składowych głównych). Dotyczy to szczególnie przypadków, gdy porównywane obiekty różnią się w niewielkim stopniu. Uniknięcie dowolności interpretacyjnych w takich sytuacjach wymaga dodatkowego doświadczenia hodowcy oraz jego wiedzy na temat badanych rodów i środowisk.

LITERATURA

- Annicchiarico P. 2002. Genotype $\times$ environment interactions — challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO Plant Production and Protection Paper-174. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.
- Basford H. E., Cooper M. 1998. Genotype $\times$ environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. *Austr. J. Agric. Res.* 49: 153 — 174.
- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101, 1 — 23.
- Braun H. J., Rajaram S., van Ginkel M. 1996. CIMMYT's approach to breeding for wide adaptation. *Euphytica* 92, 175 — 183.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 a. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. *Biul. Oceny Odmian* 17-18: 7 — 33.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 b. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Example. *Biul. Oceny Odmian* 17-18: 35 — 71.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. A multivariate approach to analysing genotype-environment interactions. In: *Advances in Biometrical Genetics*. Krajewski P., Kaczmarek Z. (Ed), Poznań: 3 — 14.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1995. SERGEN — a computer program for the analysis of series of variety trials. *Biuletyn Oceny Odmian* 26-27: 39 — 41.
- Gabriel K. R. 1971. The biplot-graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58: 453 — 467.
- Jankowski P., Zieliński A., Mądry W. 2006. Analiza interakcji genotyp-środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplotu typu GGE. Część I. Podstawy teoretyczne. *Biul. IHAR* 240/241: .
- Kang M. S. 2002. Genotype-environment interaction: Progress and prospects. In: *Quantitative genetics, genomics and plant breeding*. M. S. Kang (Ed), CAB International Wallingford, UK: 221 — 243.
- Lin C. S., Binns M. R. 1994. Concepts and methods for analyzing regional trial data for cultivar and location selection. *Plant Breeding Reviews* 12: 271 — 297.
- Lipkovich H., Smith P. 2002. Biplot and singular value decomposition Macros for Excel®. *J. of Statist. Software* 7 (5): 1 — 15.
- Mądry W., Kang M. S. 2005. Scheffé-Calinski and Shukla Models: Their Interpretation and Usefulness in Stability and Adaptation Analyses. *Journal of Crop Improvement*, Vol. 14, 1/2: (w druku).
- Mądry W., Drzazga T., Laudański Z., Rajfura A., Krajewski P., Sieczko L. 2003. Statystyczna analiza adaptacji genotypów pszenicy ozimej na podstawie mieszanych modeli genotypowo-środowiskowych. *Fragmenta Agronomica* 80: 10 — 31.
- Rao C. R. 1982. *Modele liniowe statystyki matematycznej*. PWN, Warszawa: 60.

- Yan W. 2001. GGE biplot — a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agron. J.* 93: 1111 — 1118.
- Yan W. 2001-2004. Strona World Wide Web: <http://www.ggebiplot.com/biplot.htm>.
- Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavnick Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40: 597 — 605.
- Yan W., Hunt L.A. 2001. Interpretation of genotype-environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci.* 41, 19 — 25.
- Yan W., Kang M. S. 2003. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Zieliński A., Jankowski P., Mądry W. 2005. Biplot typu GGE jako narzędzie do graficznej analizy danych z serii doświadczeń z genotypami. *XXXV Coll. Biom.*, 207 — 224.

ZBIGNIEW SEGIT**KRYSTYNA SZWED-URBAŚ**

Instytut Genetyki i Hodowli Roślin, Akademia Rolnicza w Lublinie

Ocena cech jakościowych ziarna wybranych linii pszenicy twardej

The estimation of qualitative traits of some durum wheat lines

Materiał badawczy stanowiło ziarno 18 linii *T. durum* ze zbioru 2003 i 2004 roku. Ocenie poddano następujące wyróżniki fizyko-chemiczne ziarna i mąki: masa 1000 ziaren, masa hektolitra, barwa ziarna, szklistość ziarna, zawartość popiołu, zawartość białka, ilość glutenu, liczba opadania. W próbkach mlewa całoziarnowego przesianego przez sito 230 oznaczono barwę mąki. Stwierdzono wpływ lat na wartość analizowanych cech. Większość ocenianych linii miała w 2004 roku wyższą zawartość białka w ziarnie, średnio 15,7% w porównaniu do roku 2003 (14,8%). Wyższa była również zawartość popiołu — 1,86% w 2004 roku, 1,73% w 2003 roku. Ilość glutenu wahała się od 30 do 38% i wynosiła średnio 34% w 2003 r. i 35% w 2004 r. Największe różnice pomiędzy latami dotyczyły liczby opadania (442 s — 2003 r., 222 s — 2004 r.). Również barwa mąki zależała nie tylko od linii, ale także od roku uprawy, przy czym mąka uzyskana z ziarna dwóch linii miała w obu latach barwę zbliżoną do wymagań przemysłu makaronowego.

Słowa kluczowe: pszenica twarda, jakość ziarna

The analyzed material consisted of grain of 18 lines of *T. durum*, harvested in 2003 and 2004. The following physical and chemical properties of grain and flour have been estimated: 1000 grains weight, test weight, color of grain, grain vitreosity, ash and protein content, quantity of gluten, falling number. Color of the flour has been determined in samples of full grain grist sifted through the 230 sieve. The influence of cultivation year on the value of the analyzed traits has been stated. In 2004, majority of the tested lines had high protein content, with the average of 15.7% compared with 14.8% in 2003. Ash content was also higher — 1.86% in 2004; 1.73% in 2003. The amount of gluten ranged from 30% to 38% and the average was 34% in 2003 and 35% in 2004. The biggest differences between the years have been observed in the falling number (442 s — in the year 2003; 222 s — in the year 2004). The color of the flour depended also on the year of cultivation and on the tested line. The flour obtained from two tested lines had the color suitable for pasta production.

Key words: durum wheat, grain quality

WSTĘP

Podstawową miarą wartości technologicznej ziarna pszenicy twardej jest jego przydatność do otrzymania odpowiedniej jakości produktu finalnego, jakim jest makaron.

Spożycie makaronu w Polsce jest od kilku do kilkunastu razy mniejsze niż w krajach, w których makarony stanowią znaczącą pozycję wśród produktów żywnościowych (Chudoba i Szajner, 2001; Urban, 2001, 2003). Utrzymująca się od kilku lat stała tendencja wzrostu spożycia makaronu (w świecie, ale również w Polsce) stawia przed przemysłem młynarskim i makaronowym coraz to wyższe wymagania. Obok dążenia do uzyskiwania możliwie najlepszych wyników finansowych istotnego znaczenia nabiera jakość produktu oraz zmieniające się preferencje konsumenta. Dobrej jakości makaron powinien charakteryzować się gładką, półprzezroczystą powierzchnią, szklistym przełomem, złocisto bursztynową barwą, specyficznym smakiem i zapachem zarówno przed, jak i po ugotowaniu oraz powinien być niekruszący się i niełamliwy. Taki „prawdziwy makaron”, można otrzymać wyłącznie z pszenicy *T. durum* o dobrych właściwościach technologicznych, tzn. o wysokiej zawartości białka w ziarnie, wysokiej zawartości glutenu mokrego, żółtokremowej barwie semoliny i innych (Obuchowski, 1997; Miedwiediew, 1998; Jurga, 2004).

W Polsce jak dotąd nie uprawia się pszenicy twardej (brak chociażby odmian tego gatunku), ale jak wskazują badania prowadzone w kilku ośrodkach hodowlanych otrzymanie rodzimych odmian o stosunkowo dobrych właściwościach technologicznych jest możliwe (Bojarczuk i Zalewski, 2002; Ceglińska i in., 2004; Szwed-Urbaś i in., 1995, 1996, 1997).

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 18 linii pszenicy twardej (*T. durum*) o dobrej odporności na wyleganie i choroby grzybowe oraz wysokiej masie ziaren z kłosa i MTZ. Linie te wyselekcjonowano z kilku populacji mieszańcowych w Instytucie Genetyki i Hodowli Roślin AR w Lublinie. Wszystkie linie rozmnażano w 2003 i 2004 roku na poletkach o pow. 2 m² w Gospodarstwie Doświadczalnym Czesławice k/ Nałęczowa.

Badania jakościowe ziarna przeprowadzono w laboratorium Lubella S.A. w Lublinie wg metodyki wynikającej z norm PN i BN oraz wskazań analizatora NIR Inframatic 8600. Ziarno śrutowano na rozdrabniaczu laboratoryjnym 3100 (prod. Perten). Ocenie poddano następujące wyróżniki fizyko-chemiczne ziarna i mąki: masa 1000 ziaren, masa hektolitra, barwa ziarna, szklistość ziarna, zawartość popiołu, zawartość białka, ilość glutenu i liczba opadania. Wyniki badań zestawiono w tabelach 1–3. W próbach mlewa całoziarnowego przesianego przez sito 230 oznaczono wizualnie barwę mąki.

WYNIKI BADAŃ

Uwzględnione w badaniach linie były zróżnicowane pod względem wartości poszczególnych cech. Ziarno większości linii było szkliste, dobrze wykształcone, dlatego też masa 1000 ziaren była stosunkowo wysoka. Średnia dla roku 2003 wynosiła 51,6 g. W 2004 roku prawie wszystkie linie miały wyższą MTZ, przy średniej 55,8 g (wahania od 46,8 do 62,8 g.). Należy zaznaczyć, że 12 linii charakteryzowało się MTZ przekraczającą 50 g w obu latach badań (tab. 1 i 2). Wysoka była również masa objętościowa

przekraczająca wartość 76 kg/hl, tj. wartość przyjmowaną przez przemysł jako odpowiednią dla ziarna przeznaczonego do przetwórstwa. Średnie dla obu lat badań były zbliżone — 79,5 kg/hl w 2003 i 79,2 kg/hl w 2004 roku, przy wahaniami od 75,4 do 84,8 kg/hl. Ziarno 6 linii miało średnią gęstość w stanie zsypanym powyżej 80 kg/hl (tab. 2).

Tabela 1

Średnie i zakres zmienności analizowanych cech
Average and variability range of the analyzed traits

Cechy Traits	Rok Year	Min. – Max.	Średnia Average
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains (g)	2003	42,0–62,3	51,6
	2004	46,8–62,8	55,8
Masa hektolitra Test weight (kg/hl)	2003	75,4–84,8	79,5
	2004	75,7–82,2	79,2
Zawartość białka Protein content (%)	2003	13,7–16,0	14,8
	2004	14,4–17,2	15,7
Ilość glutenu mokrego Wet gluten (%)	2003	30–37	34
	2004	32–38	35
Zawartość popiołu Ash content (%)	2003	1,59–1,97	1,73
	2004	1,73–1,98	1,86
Liczba opadania Falling number (sec)	2003	399–502	442
	2004	82–338	222
Szklistość ziarna Grain vitreosity (%)	2003	90–98	94
	2004	62–96	84

Zbliżone wartości omawianych cech uzyskano we wcześniejszych badaniach autorów, obejmujących większy liczebnie i inny zestaw linii (lata 1993–1996). Wg tych badań analizowane linie odznaczały się masą 1000 ziaren rzędu 43,1–52,6 g, przy wysokiej gęstości wynoszącej 78,4–82,7 kg/hl (Szwed-Urbaś i in., 1995, 1996, 1997). Pszenica amerykańska oferowana do handlu w latach 2002–2003 charakteryzowała się niższymi wartościami omawianych parametrów: MTZ — 33,8–36,9 g, gęstość 78,0–79,4 kg/hl (Crop Quality Report, 2003).

Zawartość białka, a szczególnie jego skład ilościowy i jakościowy istotnie wpływa na właściwości fizyko-chemiczne oraz wartość technologiczną ziarna pszenicy. W ziarnie *T. durum* białko bielma jest mocno związane z ziarnami skrobi dając monolityczną szklistą strukturę, wytrzymałą na kruszenie. Podczas przemiału otrzymujemy mąkę gruboziarnistą o regularnym kształcie cząstek. Tak uzyskana mąka nie ma tendencji do aglomerowania (Gąsiorowski i in., 1999). Według Obuchowskiego (2000) i Jurgi (2003) dobrej jakości mąka powinna zawierać nie mniej niż 12–13% białka (w ziarnie automatycznie więcej). Zbyt niska zawartość białka powoduje, że makaron będzie kruchy, łamliwy, podatny na pękanie.

Wyniki uzyskane w badaniach własnych wskazują, że oceniane linie prezentują się dość korzystnie. W 2003 roku zawartość białka ogólnego w ziarnie, zależnie od linii wynosiła od 13,7% do 16,0%; średnia 14,8%. W 2004 roku większość linii (14 spośród badanych) odznaczała się wyższym niż w roku poprzednim udziałem tego składnika wynoszącym 15,7%, przy wahaniami 14,4–17,2% (tab. 1 i 2). Dla porównania można podać, że zawartość białka w ziarnie pszenicy francuskiej ze zbioru 2000–01 wynosiła ok. 13,4%.

Nieco więcej białka zawierały pszenica niemiecka, grecka i austriacka 14,0–16,2% (Kostecki, 2003). Handlowe partie ziarna pszenicy amerykańskiej z 2003 roku miały średnio 14,5% białka (Crop Quality Report, 2003).

Tabela 2

Cechy fizyko-chemiczne ziarna badanych linii *T. durum*
Physical and chemical properties of grain of the investigated lines of *T. durum*

Linia Line	Rok Year	Masa 1000 ziaren Weight of 1000 grains (g)	Masa hektolitra Test weight (kg/hl)	Zawartość białka Protein kontent (%)	Ilość glutenu Wet gluten (%)	Zawartość popiołu Ash content (%)	Liczba opadania Falling number (sec)	Szkliwość ziarna Grain vitreosity (%)
LGR 2426/98/2	2003	55,7	79,2	13,8	30	1,74	410	94
	2004	59,7	78,9	15,0	33	1,89	128	86
LGR 520/99/4	2003	58,1	77,8	13,7	30	1,75	472	96
	2004	61,6	78,6	16,2	36	1,82	260	94
LGR 664/99/1	2003	56,2	84,8	14,4	34	1,71	424	94
	2004	60,6	82,2	16,3	37	1,80	202	96
LGR 657/99/3	2003	55,4	82,2	14,4	33	1,72	502	94
	2004	55,2	81,2	16,0	36	1,78	262	92
LGR 626b/99/4	2003	48,1	78,6	14,4	32	1,76	460	92
	2004	49,3	80,2	15,2	34	1,85	308	90
LGR 626a/99/1b	2003	53,0	81,8	15,1	35	1,78	457	94
	2004	55,8	79,9	16,8	37	1,73	280	92
LGR 626b/99/3	2003	45,6	78,4	15,0	34	1,69	454	94
	2004	48,2	79,4	14,8	33	1,89	338	84
LGR 626b/99/1	2003	47,8	78,2	15,4	35	1,68	420	96
	2004	46,8	79,5	15,2	34	1,86	304	90
LGR 635/99/10	2003	62,3	76,4	16,0	37	1,70	446	98
	2004	60,8	75,8	15,4	34	1,95	146	78
LGR 631/99/4	2003	50,0	77,4	15,8	36	1,69	410	94
	2004	55,4	78,6	15,8	36	1,82	139	84
LGR 635/99/7b	2003	53,8	75,4	15,3	35	1,68	437	94
	2004	59,6	75,7	16,0	36	1,88	191	88
LGR 639/99/2	2003	50,2	80,0	14,2	32	1,59	443	94
	2004	55,0	79,1	14,4	32	1,98	240	76
LGR 645/99/8	2003	55,9	80,0	14,0	33	1,67	417	92
	2004	62,8	79,4	14,6	33	1,88	145	62
LGR 629/99/3	2003	52,9	80,2	15,6	37	1,70	399	90
	2004	54,0	74,8	17,2	38	1,76	82	74
LGR 641/99/3	2003	45,9	80,0	14,8	34	1,70	457	92
	2004	55,4	82,0	15,5	35	1,89	257	84
LGR 629/99/2	2003	53,4	79,6	14,8	34	1,71	401	94
	2004	57,2	76,2	16,1	36	1,81	125	90
LGR 609/99/3	2003	42,5	82,1	14,2	31	1,90	500	92
	2004	52,0	81,8	16,4	37	1,88	260	78
LGR 2470/98/5	2003	42,0	79,2	15,8	34	1,97	450	90
	2004	54,3	81,6	15,3	34	1,96	332	80

Z zawartością białka bardzo ściśle związana jest ilość glutenu. Posiada on nieco inną strukturę niż gluten pszenicy zwyczajnej, zawierając więcej frakcji gliadynowej i gluteniny wysokocząsteczkowej. Gliadyna pszenicy twardej jest bardziej wytrzymała na działania

mechaniczne i cieplne, co jest niezmiernie istotne przy produkcji makaronu (Szwed-Urbaś i in., 1995; Miedwiediew, 1998). Dobrej jakości gluten powinien być mocny a zarazem rozciągliwy i plastyczny a jego ilość zgodnie z BN i PN nie powinna być niższa niż 28% w ziarnie i 30% w semolinie. Mniejsze ilości glutenu powodują zwiększenie strat suchej masy ugotowanych makaronów, zmniejszenie ich wytrzymałości, pogorszenie konsystencji i tworzenie zlepów (Miedwiediew, 1998). Jak podaje Obuchowski (2000) i Jurga (2003) ziarno pszenicy twardej odznacza się glutenem o lepszych właściwościach makaronowych niż ziarno pszenicy zwyczajnej.

Wszystkie oceniane linie w obu latach badań odznaczały się wysokim poziomem glutenu, przekraczającym 30% (wahania od 30 do 38%). Średnie dla lat były bardzo podobne — 34% w 2003 roku i 35% w 2004 roku (tab. 1 i 2). Nieznacznie niższym poziomem glutenu charakteryzował się materiał badany przez autorów w latach 1995–1996, ale wskazano także na szereg linii zawierających więcej niż 30% glutenu w obu latach (Szwed-Urbaś i in., 1996, 1997). Powyżej 30% glutenu miało także 40% linii pszenicy twardej z Hodowli Roślin Strzelce (Ceglińska i in., 2004). Powyższe dane dotyczące zawartości białka i glutenu wskazują na możliwość wytworzenia polskich odmian pszenicy twardej o dobrych właściwościach technologicznych.

Ziarno pszenicy twardej z natury rzeczy odznacza się wyższą zawartością popiołu, co niewątpliwie związane jest z wysoką zawartością tych składników w bielmie (0,65–0,80%), przy czym jest to cecha odmianowa w dużym stopniu determinowana warunkami klimatycznymi i uprawowymi (Zwengelberg, 1996; Obuchowski, 2000; Muenzig i Zwengelberg, 2000). Zbyt duża zawartość tych substancji jest niekorzystna za względów technologicznych, szczególnie jeśli dotyczy to substancji mineralnych pochodzących z zewnętrznych części ziarna. Do produktu przemiału (semoliny) trafiają wtedy mało przydatne substancje białkowe nietworzące glutenu lub go osłabiające (Obuchowski, 2000). W badaniach własnych zawartość popiołu oznaczono w całym ziarnie stąd wyższe jego wartości. W 2003 roku ilość popiołu wynosiła, zależnie od genotypu, od 1,59 do 1,97%; średnio 1,73%. Wyższą zawartość popiołu miało ziarno ze zbioru w 2004 roku; średnio 1,86%, przy wahaniami od 1,73 do 1,98% (tab. 1 i 2). Podobny poziom popiołu miało ziarno pszenicy niemieckiej, włoskiej, francuskiej, austriackiej 1,72–1,94% (Zwengelberg, 1996; Muenzig i Zwengelberg, 2000; Kostecki, 2003). Znacznie mniej (1,53–1,56%) popiołu zawierała pszenica amerykańska ze zbioru 2002–2003, przy średniej 5-letniej 1,67% (Crop Quality Report, 2003).

Ważnym wyróżnikiem jakości surowca jest liczba opadania, która wskazuje nam czy mamy do czynienia z ziarnem, którego aktywność enzymatyczna jest w normie czy też jest podwyższona. Charakteryzuje ona nie tylko aktywność enzymu α -amylazy, ale również innych enzymów z grupy hydrolaz. Wzrost aktywności tych enzymów zdecydowanie pogarsza technologiczną wartość ziarna (Obuchowski, 2000; Jurga, 2003; Gąsiorowski, 2004).

Według BN-88-9131-04 wartość tego wskaźnika nie powinna być niższa niż 300 s. Wszystkie linie w 2003 roku charakteryzowały się znacznie wyższymi wartościami liczby opadania. Wynosiły one od 399 s do 502 s, przy średniej 442 s. W 2004 roku zanotowano bardzo dużą obniżkę wartości tej cechy, spowodowaną prawdopodobnie ukrytym

procesem porostu ziarna, czego przyczyną mogła być większa niż w 2003 roku wilgotność powietrza w okresie zbioru. Średnia dla roku wynosiła 222 s przy wahaniach od 82 s do 338 s. Pomimo tego 4 linie posiadały liczbę opadania powyżej 300 s, a 5 dalszych linii miało liczbę opadania powyżej 250s, tj. wyższą od minimalnych wymagań normy (tab. 2).

Ziarno pszenicy twardej odpowiadające wymogom norm i przemysłu powinno charakteryzować się jednolitą barwą od jasno do ciemnobursztynowej. Ziarno wszystkich badanych linii, niezależnie od roku zbioru, miało barwę bursztynową do ciemno bursztynowej, stąd podobnie jak dla barwy mąki wyniki oceny pominięto w zestawieniach tabelarycznych.

Barwa mąki lub semoliny otrzymana z pszenicy twardej stanowi jeden z ważniejszych wskaźników jakości surowca, który jak wykazuje wieloletnia praktyka jest szczególnie przydatny do produkcji najwyższej jakości makaronów. Przemysł wymaga produktu o barwie żółtej, względnie kremowo-żółtej, a taki uzyskuje się z pszenicy *T. durum* pochodzącej z Kanady lub USA (Zwingelberg, 1996; Szwed-Urbaś i in., 1997; Muenzig i Zwingelberg, 2000; Kuczyński i in., 2000). Spośród 18 analizowanych linii mąka 16 linii miała niekorzystną ciemnokremową z odcieniem szarym barwę. Jedynie mąka dwóch linii: LGR 626a/99/1b i LGR 631/99/4 miała dość korzystną barwę - kremowo-żółtą i kremową z odcieniem żółtym.

W tabeli 3 podano współczynniki korelacji pomiędzy badanymi cechami ziarna. Wysoce dodatnią współzależność stwierdzono dla pary cech — zawartość białka w ziarnie — ilość glutenu mokrego ($r_{xy} = 0,894$ i $0,977$). Korelacje dla pozostałych cech są na ogół nieistotne, bądź rozbieżne w latach.

Tabela 3

Współczynniki korelacji dla badanych cech *T. durum*
Correlation coefficients for the investigated traits of *T. durum*

Cechy Traits	Rok Year	Masa hektolitra Test weight (kg/hl)	Zawartość białka Protein content (%)	Ilość glutenu Wet gluten (%)	Zawartość popiołu Ash content (%)	Liczba opadania Falling number (sec)	Szklistość ziarna Grain vitreosity (%)
Masa 1000 ziaren	2003	-0,093	-0,143	0,098	-0,467	-0,233	0,583*
Weight of 1000 grains (g)	2004	-0,233	0,104	0,106	-0,012	-0,588*	-0,121
Masa hektolitra	2003		-0,392	-0,208	0,195	0,208	-0,329
Test weight (kg/hl)	2004		-0,185	-0,097	0,070	0,642**	0,190
Zawartość białka	2003			0,894**	0,085	-0,274	0,014
Protein content (%)	2004			0,977**	-0,761**	-0,240	0,349
Ilość glutenu mokrego	2003				-0,213	-0,397	0,047
Wet gluten (%)	2004				-0,761**	-0,234	0,350
Zawartość popiołu	2003					0,407	-0,423
Ash content (%)	2004					0,184	-0,452
Liczba opadania	2003						0,040
Falling number (sec)	2004						0,329

Uzyskane wyniki, jak również wcześniejsze badania autorów tego opracowania (Szwed-Urbaś i in., 1995, 1996, 1997) wskazują na możliwość uprawy w kraju pszenicy twardej o stosunkowo dobrych parametrach jakościowych.

WNIOSKI

1. Badane linie *T. durum* były zróżnicowane pod względem wartości poszczególnych cech. Stwierdzono również modyfikacyjny wpływ środowiska (warunków pogodowych) na ich poziom. Dotyczy to szczególnie liczby opadania i szklistości ziarna.
2. Z badanego zestawu linii *T. durum* można wybrać kilka o stosunkowo korzystnym układzie cech jakościowych, które z powodzeniem mogłyby być uprawiane w kraju i chociażby częściowo zastąpić import ziarna tego gatunku.
3. Ilość glutenu mokrego jest istotnie skorelowana z zawartością białka w ziarnie. Korelacje dla pozostałych cech są na ogół nieistotne, bądź rozbieżne w latach.

LITERATURA

- Bojarczuk J., Zalewski D. 2002. Efektywność stosowania mutagenezy w polepszaniu cech ilościowych w pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) jarej. VI Ogólnopolskie Sympozjum „Genetyka ilościowa roślin uprawnych, Duszniki Zdrój: 16 — 17.
- Ceglińska A., Cacak-Pietrzak G., Romanowski H., Nita Z. 2004. Wartość technologiczna polskiej pszenicy twardej (*Triticum durum*). Przegląd Zbożowo-Młynarski 8: 4 — 7.
- Crop Quality Report. 2003.: 22 — 25.
- Chudoba Ł., Szajner P. 2001. Krajowy rynek makaronu w połowie 2001 roku. Przegląd Zbożowo-Młynarski 12: 10 — 12.
- Gąsiorowski H., Kołodziejczyk P., Obuchowski W. 1999. Twardość ziarna pszenicy. Przegląd Zbożowo-Młynarski 7: 6 — 8.
- Gąsiorowski H. 2004. Pszenica, chemia i technologia. PWRiL, Poznań.
- Jurga R. 2003. Przemiał ziarna pszenicy. Cz. 27. Wymagania jakościowe pszenicznych surowców makaronowych. Przegląd Zbożowo-Młynarski, 4: 37 — 39.
- Jurga R. 2004. Jakość makaronu i jego charakterystyka żywieniowa. Przegląd Zbożowo-Młynarski 10: 29 — 31.
- Kostecki Z. 2003. Światowa sytuacja na rynkach pszenicy durum. Przegląd Zbożowo-Młynarski 5: 26 — 28.
- Kuczyński A., Grundas S., Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2000. Metoda oceny barwy semoliny otrzymanej z wybranych linii pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). Acta Agrophysica 7: 105 — 112.
- Miedwiediew G. M. 1998. Główne problemy teorii i praktyki produkcji makaronów. Cz. I. Własności produktów przemiału pszenicy jako podstawowego surowca makaronowego. Przegląd Zbożowo-Młynarski 6: 42-44.
- Norma Branżowa. BN-88/9131-04. Ziarno zbóż. Pszenica.
- Muenzig K., Zwingelberg H. 2000. Bewertung von Durumweizengriessen durch unterschiedliche Verfahren der Teigwarenherstellung. Getreide, Mehl und Brot 54, 2: 132 — 139.
- Obuchowski W. 1997. Barwniki jako substancje dodatkowe w produkcji makaronu. Przegląd Zbożowo-Młynarski 6: 19 — 22.
- Obuchowski W. 2000. Ocena jakości surowców zbożowych wykorzystywanych do produkcji makaronu. Przegląd Zbożowo-Młynarski 1: 32 — 34.
- Polska Norma. PN-92/A-74021. Przetwory zbożowe. Mąka makaronowa durum.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z., Grundas S. 1995. Wstępna ocena jakości ziarna pszenicy twardej w warunkach Lubelszczyzny. Biul. IHAR 194: 149 — 154.

- Szwed-Urbaś K., Grundas S., Segit Z. 1996. Wartość ważniejszych cech technologicznych ziarna pszenicy twardej. Biul. IHAR 200: 299 -305.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z., Mazurek H. 1997. Parametry jakościowe ziarna krajowych linii pszenicy twardej. Biul. IHAR 204: 129 — 140.
- Urban R. 2001. Stan finansowy przemysłowego przetwórstwa zbóż. Przegląd Zbożowo- Młynarski 12: 2 — 4.
- Urban R. 2003. Stan przemysłowego przetwórstwa zbóż w Polsce. Przegląd Zbożowo- Młynarski 9: 13 — 15.
- Zwingleberg H. 1996. Mahleigenschaften von Durumweizenprovenienzen. Getreide, Mehl und Brot 50, 6: 328 -332.

EDWARD GACEK**MARCIN BEHNKE**

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka k. Poznania

Wdrażanie postępu biologicznego do praktyki rolniczej w warunkach gospodarki rynkowej

Practical application of the biological progress in agriculture in conditions of the market economy

Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych (COBORU) w Słupii Wielkiej dostosowuje doświadczaństwo odmianowe funkcjonujące w naszym kraju do gospodarki rynkowej i standardów Unii Europejskiej. W ramach tej działalności rozwijany jest nowy, ogólnokrajowy system badań odmianowych zwany Porejestrowym Doświadczaństwem Odmianowym. Program PDO został prawnie usankcjonowany (ustawa o nasiennictwie z dnia 26.06.2003 r.) i obecnie jest wdrażany na terenie wszystkich województw. Głównym zadaniem PDO jest dostarczanie rolnictwu obiektywnych informacji o wartości gospodarczej odmian roślin rolniczych wpisanych do Krajowego Rejestru (KR) i pochodzących ze Wspólnotowego Katalogu Odmian Roślin Rolniczych (CCA), funkcjonujących na naszym rynku nasiennym. System PDO jest rozwijany na bazie sieci doświadczałnej Centralnego Ośrodka i innych punktów doświadczałnych istniejących w naszym kraju. Centralny Ośrodek jest prawnie odpowiedzialny za koordynację działań związanych z realizacją programu PDO, we współpracy z samorządami województw i izbami rolniczymi. Na bazie wyników doświadczeń PDO tworzone są „Listy zalecanych do uprawy odmian na obszarze województw”. W ramach struktur PDO powołano Krajowy Zespół Koordynacyjny PDO, jako organ opiniotwórczy i doradczy dyrektora Centralnego Ośrodka w sprawach porejestrowego doświadczałnictwa odmianowego. Ponadto na terenie każdego województwa wyznaczono Stację Koordynującą PDO oraz powołano Zespół Wojewódzki PDO. Powyższe podmioty są odpowiedzialne za prowadzenie PDO na terenie poszczególnych województw. Główne korzyści wynikające z realizacji PDO to: efektywniejsze wykorzystanie postępu biologicznego w rolnictwie, systematyczny dopływ obiektywnej informacji o wartości użytkowej odmian w różnych warunkach uprawy oraz ułatwienie rolnikom dokonywania trafnego doboru najwartościowszych odmian do uprawy, pochodzących z KR i/lub CCA.

Słowa kluczowe: Porejestrowe Doświadczaństwo Odmianowe, Listy zalecanych do uprawy odmian na obszarze województw, Krajowy Zespół Koordynacyjny PDO, Zespół Wojewódzki PDO, Stacja Koordynująca PDO

The Research Centre for Cultivar Testing (COBORU) in Słupia Wielka has been adapting cultivar testing and assessments to the market-oriented economy and the EU norms and standards. Within these activities COBORU has developed a new nation-wide cultivar testing system, called post-registration cultivar testing (PDO). Program PDO is officially accepted (Seed Act, 2003) and presently implemented in all administrative units (Voivodeships) in Poland. The main aim of PDO is to provide agricultural community with objective and updated information about Value for cultivation and use

(VCU) of cultivars of the agricultural plant species from the National Register of Cultivars (KR) and from Common Catalogue of Varieties of Agricultural Plant Species (CCA), which exist on seed market in Poland. PDO system is developed on the basis of COBORU experimental network (testing stations) and another experimental units existing in our country. COBORU is legally responsible for the coordination of all activities in this system in cooperation with Voivodeship Self-Governments and Agriculture Chambers. On the basis of the results of PDO trials "The lists of recommended cultivars for cultivation within territory of the voivodeship" are published. Within the structure of PDO, "The National PDO Coordinating Council" was appointed, as a consultative body of COBORU Director General for PDO affairs. "PDO Coordinating Stations" were designated and "The Voivodeship PDO Councils" were nominated in each voivodeship. These bodies are responsible for PDO conducting on the territories of voivodeships. Benefits from the PDO: more effective use of the biological progress in agriculture and regular collecting of the reliable data on cultivars performance under different growing conditions, easier choosing by farmers the most suitable varieties for their farming conditions, both from KR and/or from CCA.

Key words: Post-registration Cultivar Testing system, The lists of recommended cultivars for cultivation within territory of the voivodeship, The National PDO Coordinating Council, The Voivodeship PDO Council, The PDO Coordinating Station

W warunkach gospodarki rynkowej stale wzrasta ilość i różnorodność oferowanych produktów, w tym również środków produkcji dla rolnictwa. Pojawia się wiele nowych rodzajów nawozów, środków ochrony roślin, odmian, maszyn itp. Natomiast żywot rynkowy tych towarów jest coraz krótszy. Chcąc sprzedać swoje produkty firmy często zwiększają agresywność marketingową, nie zawsze w sposób uczciwy. Coraz trudniejsze staje się śledzenie zmian asortymentu oraz dokonanie właściwego wyboru.

Przykładem może być rynek nasienny. Od roku ubiegłego, po przystąpieniu Polski do UE, na terenie naszego kraju można legalnie prowadzić obrót materiałem siewnym nie tylko odmian, które znajdują się w Krajowym Rejestrze (jak to było dotychczas), ale również pozostałych odmian ze Wspólnotowych Katalogów UE (zarejestrowanych w innych krajach członkowskich). Wspólnotowe Katalogi Odmian Roślin Rolniczych (CCA) i Warzywnych (CCV) zawierają po kilkanaście tysięcy odmian, a w najważniejszych gospodarczo gatunkach liczba ta wynosi po kilkaset odmian. Wiele z tych odmian nie było nigdy badanych pod względem przydatności do uprawy w warunkach naszego kraju.

Niezbędne było więc stworzenie systemu stałych i obiektywnych badań wartości gospodarczej odmian znajdujących się zarówno w Krajowym Rejestrze, jak i w katalogach UE. System badań, powinien być bezpośrednio ukierunkowany na potrzeby praktyki rolniczej, dający możliwość poszerzenia informacji o odmianach wraz z uwzględnieniem ich reakcji na warunki siedliskowe i elementy agrotechniki. System, który spośród wielu odmian znajdujących się na rynku, potrafiłby wyselekcjonować najwartościowsze do uprawy nie tylko średnio w kraju, ale i w poszczególnych jego rejonach. Poza tym, z uwagi na w większości prywatny charakter obecnego rolnictwa i przetwórstwa, powinien on być, chociaż częściowo finansowany przez jego beneficjentów.

W wielu krajach UE, zwłaszcza rolniczo rozwiniętych, systemy badań spełniające powyższe warunki istnieją od wielu lat. Organizacja ich jest bardzo różna, w zależności od

wielkości kraju i uwarunkowań wewnętrznych. W niektórych z nich, na bazie wyników prowadzonych badań tworzone są dodatkowo tzw. „listy odmian rekomendowanych”.

W naszym kraju rolę tę ma pełnić program Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) tworzony przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych od roku 1998. Program ten jest prawnie usankcjonowany w „Ustawie z dnia 26 czerwca 2003 roku o nasiennictwie” (Dz. U. z 2003 r. nr 137, poz. 1299).

PDO jest wielopodmiotowym i między-instytucjonalnym systemem doświadczalnym, w którym współpracują ze sobą jednostki i organizacje zainteresowane rozwojem rolnictwa zarówno w skali kraju, jak i własnego regionu, a więc: samorządy terytorialne, samorządy rolnicze, administracja rządowa szczebla wojewódzkiego, służby doradcze, firmy hodowlano-nasienne, jednostki naukowo-badawcze, związki plantatorów, przemysł przetwórczy oraz inne instytucje i organizacje działające na rzecz rolnictwa.

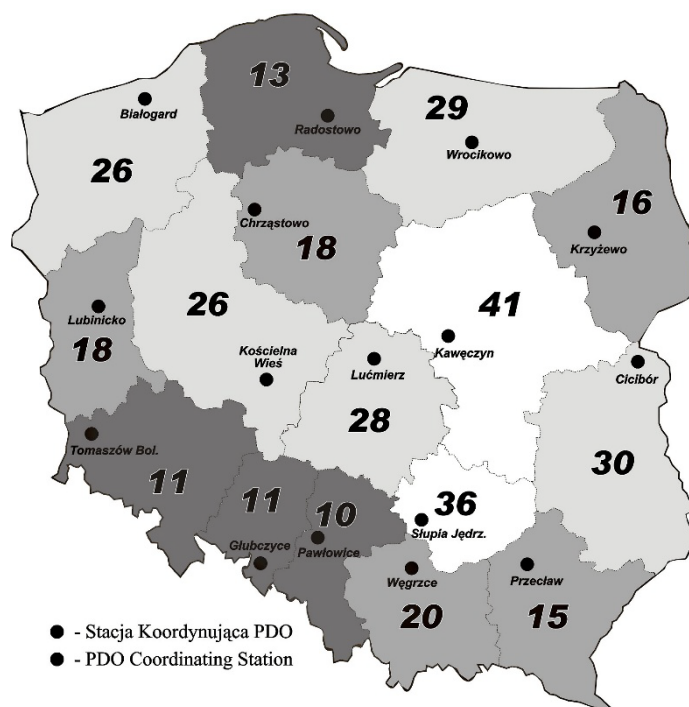
Porejestrowe Doświadczalnictwo Odmianowe oparte jest głównie na prowadzeniu badań regionalnych, na poziomie poszczególnych województw, z szerokim wykorzystaniem całej istniejącej jeszcze w naszym kraju bazy doświadczalnej, a więc: stacji doświadczalnych oceny odmian, jednostek hodowlanych, ośrodków doradztwa rolniczego, punktów doświadczalnych jednostek badawczo-rozwojowych i wyższych szkół rolniczych, itp.

Koordynacją wszelkich działań na szczeblu centralnym zajmuje się Centralny Ośrodek. Przy Centralnym Ośrodku działa, powołany przez MRiRW, Krajowy Zespół Koordynacyjny PDO, którego zadaniem jest doradzanie dyrektorowi Centralnego Ośrodka w sprawach zasad prowadzenia porejestrowego doświadczalnictwa odmianowego na szczeblu krajowym jak i regionalnym, opracowywania wyników badań oraz zasad tworzenia „List zalecanych do uprawy odmian na obszarze województwa”.

Na poziomie regionalnym wyznaczono w województwach tzw. Stację Koordynującą PDO, której zadaniem jest organizacja i merytoryczny nadzór nad realizacją programu PDO na obszarze danego województwa. Przy przygotowaniu planu doświadczeń, zarówno w części merytorycznej, jak i finansowej stacja wspierana jest przez Zespół Wojewódzki PDO, w skład których wchodzi fachowcy z różnych instytucji i organizacji z danego terenu zajmujący się na co dzień problematyką nasienną. Zespół ten uczestniczy również w tworzeniu „List zalecanych do uprawy odmian na obszarze województwa”.

Docelowo przewiduje się, że program Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego finansowany będzie głównie przez podmioty bezpośrednio zainteresowane wynikami badań oraz rozwojem naszego rolnictwa, a więc przez: samorządy terytorialne i rolnicze, bezpośrednich użytkowników odmian (rolników), związki producentów, przemysł przetwórczy oraz inne organizacje i podmioty zainteresowane wdrażaniem postępu odmianowego. W warunkach naszego kraju jest to jednak zadanie trudne do zrealizowania w najbliższym czasie, głównie ze względu na brak lub słabość związków branżowych skupiających producentów i przetwórców danej grupy roślin, nie rynkowy charakter dużej części produkcji oraz zbytne rozdrobnienie naszego rolnictwa. Niemniej w niektórych regionach kraju oraz gatunkach (burak cukrowy, kukurydza, zboża) większość kosztów prowadzonych badań pokrywana jest już obecnie ze środków pozabudżetowych.

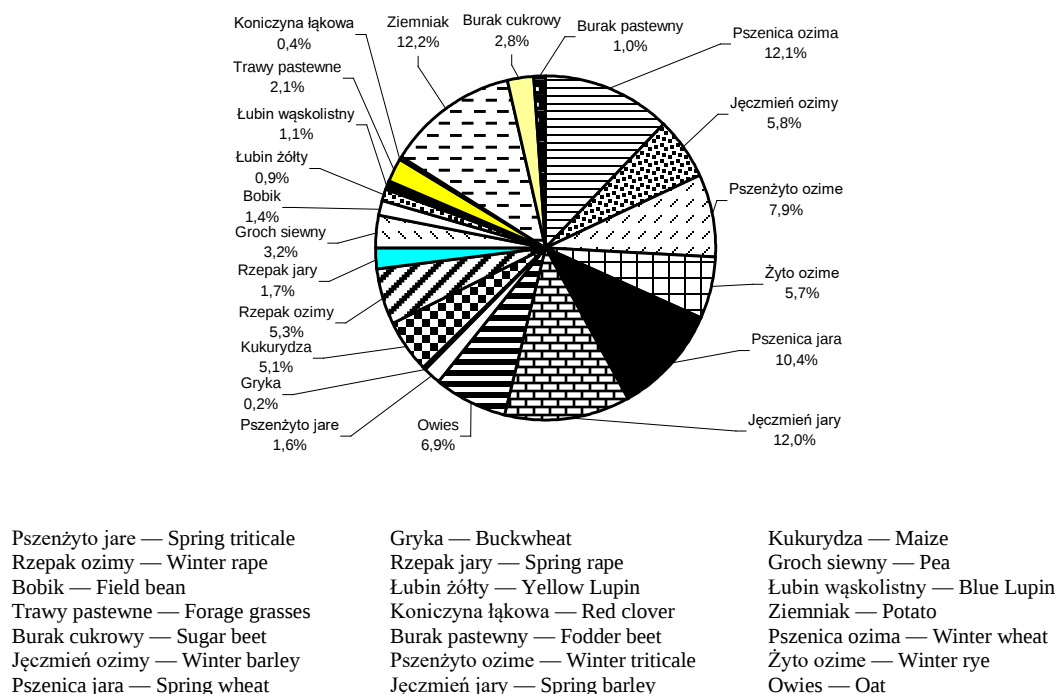
Sprawne działanie stworzonego już pod względem organizacyjnym systemu badań PDO jest w dużym stopniu uzależnione od lokalnych środowisk. Tylko przy ich zainteresowaniu oraz wsparciu, PDO będzie właściwie funkcjonować i odgrywać istotną rolę. Do spełnienia tego celu niezbędne jest coroczne prowadzenie licznych doświadczeń zlokalizowanych w reprezentatywnych dla rejonu warunkach glebowo-środowiskowych. Pod tym względem najkorzystniej należy ocenić obecny rozwój systemu na Śląsku (woj. dolnośląskie, opolskie i śląskie) oraz w województwie pomorskim (rys. 1).



Rys. 1. Areal gruntów ornych w województwach przypadający średniorocznie na jedno doświadczenie PDO w latach 2001–2005 (tys. ha)

Fig. 1. The arable areas in voivodeships in relation to a single PDO trial, average for 2001–2005 (ha × 1000)

W ostatnich latach w ramach programu PDO na terenie całego kraju prowadzonych jest średniorocznie około 650–700 doświadczeń. Badania te prowadzone są tylko w ważniejszych gospodarczo gatunkach roślin rolniczych, takich jak: zboża, kukurydza, rzepak, ziemniak, burak cukrowy i pastewny, bobik, groch, łubin wąskolistny i żółty, konieczyna czerwona, kostrzewa łąkowa, życica trwała i wielokwiatowa. Liczba doświadczeń w poszczególnych gatunkach w dużym stopniu uzależniona jest od stopnia zainteresowania użytkowników tych roślin problematyką odmianową, dlatego też ponad 2/3 wszystkich doświadczeń prowadzonych jest z odmianami zbóż (rys. 2).



Rys. 2. Procentowy udział gatunków w liczbie doświadczeń PDO prowadzonych w latach 2001–2005

Fig. 2. Share of plant species in total number of PDO trials in 2001–2005

W ostatnim sezonie (2004/2005) badania PDO prowadziło 100 podmiotów doświadczalnych, przy czym 68% doświadczeń było zlokalizowanych w stacjach doświadczalnych oceny odmian, 14% w jednostkach hodowli roślin, 12% w ośrodkach doradztwa rolniczego, zaś pozostałe głównie w zakładach i katedrach wyższych uczelni rolniczych oraz zakładach i oddziałach Instytutu Uprawy Nawożenia i Gleboznawstwa (rys. 3).

Ważnym elementem systemu jest również upowszechnianie wyników badań. Tylko wówczas, gdy wyniki badań zostaną w miarę szybko i w sposób dostępny opracowane oraz szeroko rozpowszechnione wśród użytkowników, system badań PDO stanie się w pełni efektywny.

Wyniki doświadczeń są publikowane zarówno na szczeblu centralnym, jak i regionalnie. Corocznie Centralny Ośrodek wydaje kilkanaście pozycji z wynikami doświadczeń PDO. Publikacje te zawierają syntezę wyników wszystkich doświadczeń PDO przeprowadzonych na terenie całego kraju dla poszczególnych gatunków lub grup roślin. Dodatkowo corocznie ukazuje się tzw. „Lista Opisowa Odmian” zawierająca aktualne charakterystyki odmian wpisanych do Krajowego Rejestru. Publikacje centralne są rozpowszechniane, głównie wśród hodowców, doradców oraz świata nauki.

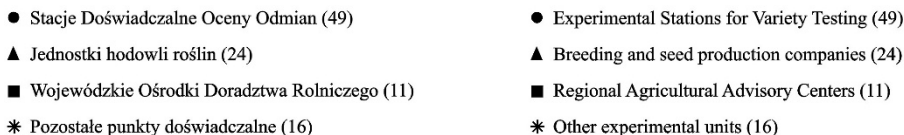


Fig. 3. Institutions involved in carrying out the PDO trials in the season 2004/2005

88

podstawowe źródło informacji o wartości gospodarczej odmian i cieszą się dużym zainteresowaniem wśród producentów i przetwórców.

W wielu województwach pracownicy Stacji Doświadczalnych Oceny Odmian, a głównie Stacji Koordynujących PDO oraz Inspektorzy Oceny Odmian, a także pracownicy Centralnego Ośrodka upowszechniają uzyskane wyniki również na wykładach, różnego rodzaju szkoleniach oraz łamach prasy centralnej i lokalnej, a w kilku województwach również poprzez Internet.

Dodatkowym ułatwieniem przy wyborze odmian do uprawy dla rolników są „Listy zalecanych do uprawy odmian na obszarze województw”. Listy te zawierają od kilku do kilkunastu odmian w gatunku, które w trakcie co najmniej dwuletniego okresu badań w województwie okazały się najwartościowsze i najbardziej dostosowane do lokalnych warunków gospodarowania. Pierwsze listy ukazały się w roku 2004. Obecnie ich zakres ograniczono jedynie do odmian zbóż i rzepaku ozimego.

PODSUMOWANIE

Dobrze funkcjonujący system badań PDO przyniesie korzyści nie tylko użytkownikom odmian, ale również hodowcom, jak i nam wszystkim. Użytkownicy odmian będą mieli ustawicznie zapewnianą informację o wartości gospodarczej odmian, w tym również ich reakcji na różne czynniki agrotechniczne. Ułatwi im to wybór właściwych odmian i zmniejszy ryzyko uprawy danego gatunku. Hodowcy dzięki istnieniu dobrze funkcjonującego PDO, będą mogli oszczędzić środki kierowane obecnie na promocję swoich odmian, a odmiany będą promować się osiągniętymi wynikami badań.

Ponadto dobrze działający system badań PDO pozwoli na bardziej efektywne wykorzystanie postępu biologicznego oraz będzie mechanizmem regulacji i cenzorem dopływu do rolnictwa odmian mniej wartościowych, zarówno krajowych, jak i zagranicznych.

MARZENA LISOWSKAKatedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Podlaska, Siedlce

Współzależności pomiędzy cechami plonotwórczymi wybranych form jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.)

Correlations between yield related characters of some forms of spring barley (*Hordeum vulgare* L.)

Obiektem badań były trzy formy jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.): sześciorzędowy mutant dwurzędowej odmiany Damazy, otrzymany w wyniku napromienienia powietrznie suchych nasion neutronami termicznymi, sześciorzędowa odmiana Klimek oraz dwurzędowa odmiana Rataj. Wyznaczono równania regresji wielokrotnej dla plonu ziarna z rośliny. Metodą Wrighta przeprowadzono analizę ścieżkową wykrytych zależności. Dla wyraźniejszego zobrazowania wpływu różnych cech na cechę wynikową, pogrupowano je na vegetatywne i generatywne, uwzględniając przy tym kolejność ich ujawniania się w trakcie ontogenezy. Na zmienność plonu ziarna z roślin badanych biotypów, z cech vegetatywnych, w największym stopniu wpływało rozkrzewienie produktywne. U roślin zmutowanych cechę tę determinowało ponadto rozkrzewienie ogólne; u odmiany Rataj — grubość drugiego międzywęźla oraz masa słomy. Z cech generatywnych, w przypadku wszystkich badanych form, najsilniej na plon ziarna z rośliny wpływała liczba ziaren z rośliny oraz masa tysiąca ziaren.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek, cechy generatywne, cechy vegetatywne, jęczmień jary, korelacja, plon ziarna z rośliny, regresja

Three forms of spring barley (*Hordeum vulgare* L.): the six-rowed mutant of two-rowed Damazy variety, which was obtained after irradiating dry seeds by thermal neutrons, the six-rowed Klimek variety and the two-rowed Rataj variety were used as an experimental material. The equations of multiple regressions for grain yield per plant were calculated. The path analyses of the revealed correlations were carried out using Wright's method. In order to state more precisely the effect of different features on the main character, the features were grouped as vegetative and generative ones, taking into account the order of their appearance during the ontogenesis. Of the vegetative characters, productive tillering most affected the grain yield variation. In the mutant, the character was also determined by total tillering and in the Rataj variety by thickness of the second internode and straw weight. Of the generative characters, number of grains per plant and thousand grain weight remarkably influenced grain yield in all tested biotypes.

Key words: correlation, generative traits, grain yield per plant, vegetative traits, spring barley, regression, path analysis

WSTĘP

Potrzeba ciągłego poszukiwania nowych form jęczmienia oraz oceny ich wartości użytkowych stanowi nieodłączny element praktycznej hodowli jęczmienia. Jednym ze sposobów osiągnięcia tego celu jest znajomość zależności zachodzących pomiędzy cechami determinującymi wielkość i jakość plonu. Kolekcje robocze, wykorzystywane bezpośrednio w programach hodowlanych, są uzupełniane nowymi, cennymi formami (Kudła i in., 1998). Formy te powinny charakteryzować się poszerzonym zakresem zmienności cech. Uzyskuje się je między innymi w wyniku mutagenezy. Jednakże niezbędne jest przebadanie pozyskanych form pod względem wartości różnych cech w warunkach klimatyczno-glebowych naszego kraju, gdyż zakres produktywności genotypu jest determinowany w znacznym stopniu przez warunki środowiska (Noworolnik, 1990).

Celem badań było określenie zależności między cechami struktury plonu oraz ich wpływu na plon ziarna z rośliny u badanych form jęczmienia jarego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły trzy formy jęczmienia jarego: sześciorzędowy mutant dwurzędowej odmiany Damazy, sześciorzędowa odmiana Klimek oraz dwurzędowa odmiana Rataj. Doświadczenie prowadzono w latach 2000–2002 na poletkach doświadczalnych o powierzchni 10 m² metodą losowanych bloków, w sześciu powtórzeniach. Z każdego poletka doświadczalnego zebrano po 30 roślin. Powietrznie suchy materiał poddano analizie biometrycznej. Analizowano następujące cechy wegetatywne: wysokość źdźbła, rozkrzewienie ogólne, rozkrzewienie produktywne, liczbę międzywęźli, długość pierwszego, drugiego i trzeciego międzywęźla, długość dokłosa, grubość pierwszego, drugiego i trzeciego międzywęźla, grubość dokłosa, masę słomy oraz następujące cechy generatywne: długość kłosa głównego, liczbę ziaren z kłosa głównego, plon ziarna z kłosa głównego, liczbę ziaren z rośliny, plon ziarna z rośliny, wysokość, grubość i szerokość ziarniaka oraz masę tysiąca ziaren. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie. Wyznaczono równania regresji wielokrotnej metodą krokową postępującą dla plonu ziarna z rośliny jako zmiennej zależnej oraz pozostałych cech wpływających na plon ziarna jako zmiennych niezależnych. Procent wyjaśnionej zmienności parametrów zależnych przez układ zmiennych niezależnych oceniono za pomocą współczynnika determinacji wielokrotnej R² (Trętowski, Wójcik, 1991). Metodą Wrighta przeprowadzono analizę ścieżkową wykrytych zależności (Idżkowska, Gołaszewski, 1993).

WYNIKI I DYSKUSJA

Plon ziarna z rośliny (y) odmiany Klimek w 59% determinowany jest przez układ trzech zmiennych będących wegetatywnymi charakterystykami łanu: rozkrzewienie produktywne (x₁), długość dokłosa (x₂) i wysokość źdźbła (x₃). Zależność tę opisuje równanie regresji wielokrotnej:

$$y = -1,98 + 0,95x_1 + 0,085x_2 + 0,023x_3 (\pm 1,34)^*$$

$(\pm 0,42)^* (\pm 0,043) (\pm 0,015) (\pm 0,0048)$

* — błąd standardowy równania i jego parametrów.

Analiza wykrytych zależności metodą ścieżek Wrighta (tab. 1) wykazała, iż największy wpływ bezpośredni na plon ziarna z rośliny wywiera rozkrzewienie produktywne, którego współczynnik wpływu bezpośredniego (w.b.) wyniósł 0,70** przy współczynniku korelacji fenotypowej $r = 0,70^{**}$. Cecha ta nie jest skorelowana z pozostałymi cechami ujętymi w równaniu. O silnym wpływie rozkrzewienia produktywnego na plon ziarna ($r = 0,71^{**}$) donoszą Biliński i wsp. (1997), Kudła i Kudła (1995) oraz Czembor i wsp. (1985).

Tabela 1

Efekty bezpośrednie (pogrubione) i pośrednie wpływu cech vegetatywnych na plon ziarna z rośliny u sześciorzędowej odmiany Klimek
Direct (in bold) and indirect effects of the influence of vegetative traits on grain yield per plant for the multi-row Klimek cultivar

Zmienne niezależne Independent variables	Rozkrzewienie produktywne Productive tillering	Długość dokłosa Shank length	Wysokość żdźbła Stalk height	Współczynniki korelacji fenotypowej Indices of phenotypic correlation	Ilość informacji wniesiona do układu (%) Information introduced into the system (%)
Rozkrzewienie produktywne (x1) Productive tillering (x1)	0,70**	-0,01	0,01	0,70**	54
Długość dokłosa (x2) Shank length (x2)	-0,04	0,18**	0,00	0,14**	3
Wysokość żdźbła (x3) Stalk height (x3)	0,03	0,01	0,16**	0,19**	2

n = 540

** Istotność przy $p \leq 0,01$; Significance at $p \leq 0,01$

Plon ziarna z rośliny (y) dwurzędowej odmiany Rataj determinowany jest w 60% zmiennością trzech cech vegetatywnych: rozkrzewienia produktywnego (x_1), grubości drugiego międzywęźla (x_2) i masy słomy (x_3). Zależność tę opisuje równanie:

$$y = -1,02 + 0,65x_1 + 4,64x_2 + 0,15x_3 (\pm 0,87)^*$$

$(\pm 0,30)^* (\pm 0,042) (\pm 0,98) (\pm 0,3)$

* — błąd standardowy równania i jego parametrów.

Największy wpływ bezpośredni na plon ziarna z rośliny ma rozkrzewienie produktywne, którego współczynnik wpływu bezpośredniego (w.b.) wyniósł 0,61** przy współczynniku korelacji fenotypowej $r = 0,75^{**}$ (tab. 2). Zwraca uwagę duża rozbieżność między korelacją fenotypową ($r = 0,63^{**}$) określającą wpływ masy słomy z rośliny na plon ziarna z rośliny a współczynnikiem wpływu bezpośredniego dla tej cechy wynoszącym 0,18**. Rozkrzewienie produktywne jako cecha, która w rozwoju ontogenetycznym pojawia się wcześniej niż masa słomy, wcześniej wnosi część informacji o masie słomy i jej wpływie na plon ziarna z rośliny. Stąd efektywność pośrednia tej cechy wyniosła 0,42.

Tabela 2

Efekty bezpośrednie (pogrubione) i pośrednie wpływu cech wegetatywnych na plon ziarna z rośliny u dwurzędowej odmiany Rataj

Direct (in bold) and indirect effects of the influence of vegetative traits on grain yield per plant for the two-row Rataj cultivar

Zmienne niezależne Independent variables	Rozkrzewienie produktywne Productive tillering	Grubość II międzywęźla Thickness II internode	Masa słomy Straw weight	Współczynnik korelacji fenotypowej Indices of phenotypic correlation	Ilość informacji wniesiona do układu Information introduced into the system (%)
Rozkrzewienie produktywne(x ₁) Productive tillering (x ₁)	0,61**	0,02	0,12	0,75**	56
Grubość II międzywęźla (x ₂) Thickness II internode (x ₂)	0,10	0,14**	0,05	0,29**	3
Masa słomy (x ₃) Straw weight (x ₃)	0,42	0,04	0,18**	0,63**	2

n = 540

** Istotność przy p≤0,01; Significance at p≤0.01

Zmienność plonu ziarna (y) u roślin wielorzędowego mutantu jęczmienia w 38% była determinowana przez dwie cechy: rozkrzewienie produktywne (x₁) i rozkrzewienie ogólne (x₂). Zależność tę opisuje równanie regresji wielokrotnej:

$$y = 1,63 + 0,97x_1 - 0,21x_2 (\pm 1,45)^*$$

$$(\pm 0,17)^* (\pm 0,056) (\pm 0,035)$$

* — błąd standardowy równania i jego parametrów.

Tabela 3

Efekty bezpośrednie (pogrubione) i pośrednie wpływu cech wegetatywnych na plon ziarna z rośliny u sześciorzędowego mutantu jęczmienia jarego

Direct (in bold) and indirect effects of the influence of vegetative traits on grain yield per plant for the multi-row mutant of spring barley

Zmienne niezależne Independent variables	Rozkrzewienie produktywne Productive tillering	Rozkrzewienie ogólne Total tillering	Współczynnik korelacji fenotypowej Indices of phenotypic correlation	Ilość informacji wniesiona do układu Number of information introduced into the system (%)
Rozkrzewienie produktywne(x ₁) Productive tillering (x ₁)	0,74**	-0,15	0,59**	32
Rozkrzewienie ogólne (x ₂) Total tillering (x ₂)	0,43	-0,26**	0,17*	6

n = 540

** Istotność przy p≤0,01; Significance at p≤0.01

Wpływ bezpośredni rozkrzewienia ogólnego na plon ziarna z rośliny w przypadku zmutowanych roślin mutantu jęczmienia jest ujemny i wynosi -0,26**. Obecność tego parametru w równaniu jest spowodowana wpływem pośrednim tej cechy poprzez jej wpływ na rozkrzewienie produktywne. Wpływ bezpośredni rozkrzewienia produktywne

na plon ziarna wyraża się współczynnikiem 0,74** przy współczynniku korelacji fenotypowej o wartości 0,59** (tab. 3).

Z cech generatywnych, istotny wpływ na plon ziarna z rośliny (y) u mutantu odmiany Damazy wywierają liczba ziarn z rośliny (x_1) i masa tysiąca ziaren (x_2). Zmienność tych cech wyjaśnia zmienność plonu ziarna w 98%, w tym 89% przypada na zmienność wyjaśnianą przez liczbę ziarn z rośliny. Układ tych zmiennych opisany jest równaniem regresji wielokrotnej w postaci:

$$y = -3,52 + 0,036x_1 + 0,099x_2 (\pm 0,27)^* (\pm 0,17)^* (\pm 0,0002) (\pm 0,002)$$

* — błąd standardowy równania i jego parametrów.

Analiza szczegółowa wykrytych zależności pozwala stwierdzić, iż wpływ bezpośredni badanych cech jest zbliżony do współczynników korelacji fenotypowej (tab. 4).

Tabela 4

Efekty bezpośrednie (pogrubione) i pośrednie wpływu cech generatywnych na plon ziarna z rośliny u badanych form jęczmienia jarego
Direct (in bold) and indirect effects of the influence of generative traits on grain yield per plant for the investigated forms of spring barley

Zmienne niezależne Independent variables	Liczba ziaren z rośliny Grain number per plant	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight	Współczynnik korelacji fenotypowej Indices of phenotypic correlation	Ilość informacji wniesiona do układu Number of information introduced into the system (%)
mutant				
Liczba ziaren z rośliny (x_1) Grain number per plant (x_1)	0,95**	0,00	0,95**	89
Masa 1000 ziaren (x_2) 1000 grain weight (x_2)	-0,02	0,28**	0,27**	9
Klimek				
Liczba ziaren z rośliny (x_1) Grain number per plant (x_1)	0,97**	-0,03	0,94**	89
Masa 1000 ziaren (x_2) 1000 grain weight (x_2)	-0,09	0,30**	0,20**	9
Rataj				
Liczba ziaren z rośliny (x_1) Grain number per plant (x_1)	0,94**	-0,01	0,93**	86
Masa 1000 ziaren (x_2) 1000 grain weight (x_2)	-0,04	0,34**	0,30**	11

n = 540

** Istotność przy $p \leq 0,01$; Significance at $p \leq 0,01$

Uzyskane przez Kudła i Kudła (1995) współczynniki korelacji fenotypowej między plonem ziarna z rośliny a masą tysiąca ziarn miały wyższe wartości (od $r = 0,57^{**}$ do $r = 0,68^{**}$). Badania Węgrzyna i wsp. (2002) nad pszenicą ozimą wykazały również istotną korelację, zarówno fenotypową, jak i genotypową, dla plonu i masy tysiąca ziaren. Woźniak (2001) donosi o ujemnych ($r = -0,52^*$) oraz nieistotnych współczynnikach korelacji ($r = 0,01$) między plonem ziarna a masą tysiąca ziarn jęczmienia jarego w różnych

plodozmianach. Rybiński i Adamska (2004) uzyskali w swoich badaniach nad mutantami jęczmienia jarego również istotne ujemne współczynniki korelacji między tymi cechami.

Jak wynika z tabeli 4, zmienność plonu ziarna z rośliny (y) u pozostałych badanych form jęczmienia jarego opisana jest również przez liczbę ziarn z rośliny (x_1) i masę tysiąca ziarn (x_2). Współczynnik regresji wielokrotnej dla tego układu zmiennych wyniósł u odmiany Rataj 97%, natomiast u odmiany Klimek 98%. Wyznaczone układy zależności opisane są równaniami:

dla odmiany Rataj:

$$y = -2,9 + 0,047x_1 + 0,061x_2, (\pm 0,22)^* \\ (\pm 0,068)^* (\pm 0,0004) (\pm 0,001)$$

dla odmiany Klimek:

$$y = -3,68 + 0,039x_1 + 0,094x_2, (\pm 0,32)^* \\ (\pm 0,11)^* (\pm 0,0003) (\pm 0,002)$$

* — błąd standardowy równania i jego parametrów.

Cechy uwzględnione w równaniach w przypadku obu wymienionych odmian są w niewielkim stopniu skorelowane, a współczynniki wpływu bezpośredniego są bardzo zbliżone do współczynników korelacji fenotypowej.

Badania nad zależnościami między generatywnymi charakterystykami łanu jęczmienia wskazują na istnienie wyraźnej zależności plonu ziarna z rośliny od liczby ziaren z rośliny i masy tysiąca ziaren, przy czym udział masy tysiąca ziarn w kształtowaniu plonu ziarna był najmniejszy. Podobne zależności uzyskał Rachoń (2001) w badaniach nad pszenicą twardą, Małecka (2003) prowadząc badania nad pszenicą ozimą oraz Wyszyński i Fiedorowicz (2005) w badaniach nad żytem ozimym. Badania Szemplińskiego (2003) wykazały natomiast, że wielkość plonu ziarna jęczmienia jarego w największym stopniu zależała od masy tysiąca ziaren, liczby kłosów i liczby ziaren w kłosie. Razem cechy te determinowały 54% zmienności plonu. Węgrzyn i Bichoński (2000) wykazali również dodatnią i istotną korelację między plonem ziarna a masą tysiąca ziaren. Podobne zależności uzyskali Bombik i wsp. (2000) w badaniach nad pszenżytem. Najsilniejszy wpływ masy tysiąca ziaren na plon odnotowali również Ługowska i wsp. (2004) prowadząc badania nad pszenicą ozimą.

WNIOSKI

1. Cechą wegetatywną, która wpływała w największym stopniu na zmienność plonu ziarna z roślin badanych form jęczmienia jarego było rozkrzewienie produktywne. U mutantu tę cechę determinowało ponadto rozkrzewienie ogólne; u odmiany Klimek — długość dokłosa i wysokość źdźbła; u odmiany Rataj — grubość drugiego międzywęźla oraz masa słomy.
2. Spośród badanych cech generatywnych, najsilniej na plon ziarna z rośliny wpływały liczba ziaren z rośliny oraz masa tysiąca ziaren.

LITERATURA

- Biliński Z., Kudła M., Gacek E. 1997. Przydatność wybranych genotypów do hodowli odmian jęczmienia, odpornych na plamistość siatkową (*Pyrenophora teres* Drechsl.). Biul. IHAR 201: 237 — 245.
- Bombik A., Stankiewicz C., Starczewski J. 2000. Współzależność między niektórymi cechami ilościowymi warunkującymi plon wybranych odmian pszenżyta. Biul. IHAR 216: 131 — 136.

- Czembor H. J., Kudła M. M., Kudła M. 1985. Przydatność mutantów krótkosłomych w hodowli jęczmienia. *Hod. Rośl. Aklim.* 29, 1: 39 — 45.
- Idźkowska M., Gołaszewski J. 1993. Analiza współczynników ścieżek w ocenie materiałów hodowlanych. *Biuletyn Informacyjny ATR w Olsztynie* 23: 159 — 164.
- Kudła M. M., Kudła M. 1995. Genetyczne możliwości wzrostu plonowania jęczmienia jarego. *Biul. IHAR* 193: 35 — 43.
- Kudła M., Biliński Z. R., Kudła M. M. 1998. Ocena wybranych genotypów z kolekcji odmian jęczmienia jarego. *Biul. IHAR* 207: 15 — 23.
- Ługowska B., Banaszak Z., Wójcik W., Grzmil W. 2004. Zależność plonu ziarna pszenicy ozimej o skróconym źdźble od jego składowych. *Biul. IHAR* 231: 5 — 10.
- Małecka I. 2003. Studia nad plonowaniem pszenicy ozimej w zależności od warunków pogodowych i niektórych czynników agrotechnicznych. *Wyd. AR Poznań. Z.* 335.
- Noworolnik K. 1990. Plonowanie odmian jęczmienia jarego na różnych dawkach azotu. *Biul. IHAR* 176: 37 — 41.
- Rachoń L. 2001. Studia nad plonowaniem i jakością pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). *Wyd. AR Lublin. Z.* 248.
- Rybiński W., Adamska E. 2004. Analiza zmienności genetycznej cech ilościowych u mutantów nagoziarnistych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.). *Biul. IHAR* 231: 297 — 305.
- Szempliński W., 2003. Siedliskowe i agrotechniczne uwarunkowania produkcji ziarna jęczmienia jarego na pasze w północno-wschodniej Polsce. *Wyd. UWM. Olsztyn. Z.* 71.
- Trętowski J., Wójcik A. L. 1991. *Metodyka doświadczeń rolniczych.* WSRP, Siedlce.
- Węgrzyn S., Bichoński A. 2000. Współzależności pomiędzy wybranymi cechami jakościowymi jęczmienia. *Biul. IHAR* 216: 165 — 171.
- Węgrzyn S., Wojas T., Śmiałowski T. 2002. Uwarunkowania genetyczne oraz współzależności plonu i wybranych cech użytkowych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.). *Biul. IHAR* 223/224: 77 — 85.
- Woźniak A., 2001. Studia nad plonowaniem, zachwaszczeniem i zdrowotnością pszenżyta jarego, pszenicy jarej oraz jęczmienia jarego w płodozmianach i krótkotrwałej monokulturze na glebie rędzinowej środkowowschodniej Lubelszczyzny. *Wyd. AR Lublin. Z.* 247.
- Wyszyński Z., Fiedorowicz A. 2005. Zmienność plonowania żyta ozimego na plantacjach produkcyjnych. *Fragm. Agron. Puławy* 1 (85): 701 — 710.

JADWIGA NADZIAK**ZDZISŁAW R. BILIŃSKI**

„Hodowla Roślin Smolice” Sp. z o.o., Oddział Bąków

Zmienność cech u odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Banku Genów

Variability of traits in winter barley cultivars collected in the Gene Bank

W pracy określono zmienność cech użytkowych odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Banku Genów. W tym celu wykonano następujące obserwacje i pomiary: przezimowanie roślin, odporność na podstawowe choroby i wyleganie, wysokość roślin, długość i waga kłosa, liczba ziaren w kłosie, masa 1000 ziaren oraz odporność częściowa na mączniaka prawdziwego. Testowane odmiany znacznie różniły się pod względem badanych cech. Pozwoli to na wyodrębnienie genotypów jęczmienia ozimego o pożądanym cechach agronomicznych i włączenie ich do programów hodowlanych.

Słowa kluczowe: bank genów, cechy agronomiczne, jęczmień ozimy

Variability of agronomic traits of winter barley cultivars maintained in the Gene Bank was evaluated. The following observations and measurements were performed: winter hardiness of plants, reaction to the main diseases and lodging, plants height, length and weight of spike, number of kernels per spike, 1000 kernels weight and partial resistance to powdery mildew. Significant differences between the cultivars in respect to the traits analyzed were found. The results of analysis allow to select winter barley genotypes showing valuable agronomic traits, and to include these genotypes into breeding programs.

Key words: agronomic traits, gene bank, winter barley

WSTĘP

Prace związane z regeneracją i waloryzacją jęczmienia ozimego prowadzone są od 1987 roku w Zakładzie Doświadczalnym IHAR w Bąkowie, obecnie w Spółce „Hodowla Roślin Smolice”, Oddział Bąków. Regeneracja dotyczy odmian przechowywanych w długim okresie czasu. Jej celem jest odnowienie nasion i jednocześnie poprawienie ich wartości siewnej.

Natomiast dane waloryzacyjne stanowią charakterystykę kolekcji pod względem cech morfologicznych, gospodarczych ważnych z punktu widzenia hodowlanego. Stąd waloryzacja zasobów genowych jest warunkiem szerszego korzystania z nich przez hodowców.

Prace prowadzone nad gromadzeniem odmian jęczmienia jarego i ozimego prowadzone są w Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR Radzików. Jednym z zadań Banku Genów jest zachowanie zmienności genetycznej gatunków roślin oraz badanie wybranych cech zarówno u form uprawnych, jak i form dzikich. Formy zgromadzone w Bankach Genów służą często w pracach nad hodowlą nowych odmian jęczmienia jako donory korzystnych cech zarówno jakościowych jak i ilościowych. W polskich opracowaniach wielu autorów wykazało duże zakresy zmienności badanych cech agronomicznych zarówno u jęczmienia ozimego, jak i jarego zgromadzonych w bankach genów. Nadziak i wsp. (1994; 1996) określili odpowiednio 11 i 12 cech użytkowych jęczmienia ozimego stwierdzając dużą zmienność wśród badanych genotypów. Stwierdzili oni ponadto w niektórych przypadkach dodatnie jak i ujemne korelacje pomiędzy cechami. Podobnie dużą zmienność wśród badanych genotypów stwierdzili inni autorzy (Góral, 1988; Jakubiec, 1988; Biliński i in., 2000). Nadziak i wsp. (1998) badając genotypy jęczmienia jarego pod względem odporności na mączniaka prawdziwego określili duże zróżnicowanie genotypów pod względem tej cechy. Podobnie autorzy w innych krajach wykorzystują zmienności występujące wśród badanych odmian. Tak np. Ordon, Friedt (1992) wykorzystali dzikie jęczmiona do poszukiwań form odpornych na niektóre choroby wirusowe. Podobnie niektórzy autorzy wykorzystywali w pracach hodowlanych zmienność wśród dzikich form jęczmion (Brown i in., 1987). Również formy rodzime jęczmienia zastosowali inni autorzy w celu wykorzystania zmienności spośród badanych populacji jęczmion dzikich dla znalezienia genetycznych źródeł odporności na stresy biotyczne i abiotyczne (Ellis i in., 2000).

Przed wprowadzeniem form jęczmienia ozimego zgromadzonych w Banku Genów do hodowli, konieczne jest wcześniejsze poznanie ich cech agronomicznych w doświadczeniach polowych i laboratoryjnych w danych warunkach środowiskowych

Dlatego celem podjętych badań była ocena genotypów jęczmienia ozimego pod względem takich cech agronomicznych jak: zimotrwałość, odporność na podstawowe choroby i wyleganie, wysokość roślin, długość kłosa, liczba ziaren w kłosie, waga kłosa, masa 1000 ziaren. Przeprowadzone badania umożliwiły poznanie zróżnicowania badanych odmian, a na tej podstawie wskazanie najlepszych źródeł genetycznych.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były odmiany jęczmienia ozimego wielorzędowego i dwurzędowego (*Hordeum vulgare* L. var. polistichon, *Hordeum vulgare* L. var. distichon) pochodzące z różnych rejonów świata, gromadzone w Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR Radzików, a rozmnażane i oceniane w Spółce: „Hodowla Roślin Smolice” Oddział Bąków. W latach badań odmiany nie powtarzały się.

W latach 2000–2004 oceniano odpowiednio:

- w roku 2000 — 96 genotypów,
- w roku 2001 — 81 genotypów,
- w roku 2002 — 57 genotypów,
- w roku 2003 — 44 genotypy,

— w roku 2004 — 85 genotypów.

Badania przeprowadzono w latach 2000-2004 w Spółce „Hodowla Roślin Smolice” Oddziale Bąków. Doświadczenia jednopowtórzeniowe zakładano na poletkach o wielkości 5 m². Zabiegi uprawowe wykonywane były zgodnie z ogólnie przyjętymi zasadami agrotechniki dla jęczmienia ozimego.

W sezonach wegetacji wykonano na wszystkich analizowanych obiektach następujące obserwacje i pomiary:

- przezimowanie roślin (ocena w skali 9°, gdzie 9 — oznacza najlepszą ocenę, natomiast 1 — najgorszą ocenę danej cechy)
- odporność na mączniaka prawdziwego (ocena w skali 9°, kilkukrotna),
- odporność na rdzę brunatną i rynchosporiozę (oceny w skali 9° jednokrotne w momencie największego nasilenia chorób),
- odporność na wyleganie (w skali 9°),
- wysokość roślin,
- długość kłosa,
- liczba ziaren w kłosie,
- waga kłosa,
- masa 1000 ziaren.

Pomiary wysokości roślin, długości kłosa i liczby ziaren w kłosie wykonywano w polu na 30 losowo wybranych źdźbłach. Natomiast dla określenia średniej wagi kłosa zbierano losowo z poszczególnych poletek po 50 kłosów. Masę 1000 ziaren określono po kombajnowym zbiorze doświadczenia biorąc po 3 próby dla każdego obiektu.

W celu zbadania zmienności odmian jęczmienia ozimego pochodzących z Banku Genów, na podstawie badań polowych i laboratoryjnych określono standartowe współczynniki zmienności (CV) dla poszczególnych cech. Współczynniki są wyrażone w % i obliczone jako iloraz odchylenia standartowego do średniej arytmetycznej dla danej cechy.

Dodatkowo w 2004 roku dokonano oceny badanych genotypów jęczmienia ozimego pod względem odporności na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*).

Oceny na mączniaka dokonywano w sezonach wegetacji dwukrotnie natomiast w roku 2004 czterokrotnie.

W tym celu ocenę porażenia ze skali stopniowej przekształcono w skalę określającą średni procent porażenia liści na roślinach, a poziom odporności oceniano określając powierzchnię pod krzywą rozwoju choroby AUDPC.

$$*AUDPC = \sum_{i=1}^n \left[\frac{(Y_{i+1} + Y_i)}{2} \right] \times [X_{i+1} - X_i]$$

(Shaner, Finney, 1977);

gdzie:

Y_i = średnia powierzchnia porażenia liści na roślinie przez mączniaka prawdziwego,

X_i = dzień po siewie,

n = liczba wszystkich obserwacji,

* — niższa wartość AUDPC oznacza większą odporność na mączniaka prawdziwego,

wyższa wartość AUDPC oznacza mniejszą odporność na mączniaka prawdziwego.

WYNIKI

Istotny wpływ na przeprowadzenie doświadczeń polowych w Bąkowie w latach 2000–2004 miały warunki pogodowe (tab. 1). Najniższą temperaturę przy gruncie (-24°C) zanotowano w styczniu 2002 roku, ale ze względu na grubą warstwę pokrywy śnieżnej (23 cm) nie wpłynęły one istotnie na przezimowanie siewek jęczmienia ozimego. Natomiast niskie temperatury panujące w grudniu 2002 oraz w styczniu i lutym 2003 przy bardzo małej okrywie śnieżnej spowodowały całkowite wymarzenie badanych materiałów.

Tabela 1

Warunki pogodowe w latach 1999–2004
Weather conditions in 1999–2004

Miesiąc Month	1999–2000		2000–2001		2001–2002		2002–2003		2003–2004	
	temp. ($^{\circ}\text{C}$) min przy gruncie min. temp. near soil	grubość pokrywy śnieżnej (cm) snow thickness	temp. ($^{\circ}\text{C}$) min przy gruncie min. temp. near soil	grubość pokrywy śnieżnej (cm) snow thickness	temp. ($^{\circ}\text{C}$) min przy gruncie min. temp. near soil	grubość pokrywy śnieżnej (cm) snow thickness	temp. ($^{\circ}\text{C}$) min przy gruncie min. temp. near soil	grubość pokrywy śnieżnej (cm) snow thickness	temp. ($^{\circ}\text{C}$) min przy gruncie min. temp. near soil	grubość pokrywy śnieżnej (cm) snow thickness
XI	-14,5	5	-3,0	—	-9,0	2	-5,5	—	-7,0	—
XII	-13,0	1	-11,0	—	-18,0	4	-17,0	2,0	-15,0	1
I	-18,0	10	-9,0	śląd - little	-24,0	23	-19,5	2,0	-20,5	10
II	-9,0	—	-15,5	3	-10,0	1	-22,0	5,0	-20,0	13
III	-7,0	śląd - little	-7,0	śląd - little	-6,0	—	-9,5	—	-19,0	11
IV	-5,0	-	-5,0	1	-8,0	1	-7,0	1,0	-5,0	—

W tabeli 2 przedstawiono zakresy zmienności badanych cech u odmian jęczmienia ozimego. Należy podkreślić, że przypadku jęczmienia ozimego bardzo ważną cechą jest zimotrwałość odmian. Zakresy zmienności tej cechy w latach badań wahały się od 1 do 9. W badaniach innych autorów zmienność tej cechy była również duża (Nadziak i in., 1994). Z kolei w późniejszych badaniach (Nadziak i in., 1996) skutkiem silnej interakcji genotypów ze środowiskami pod względem przezimowania roślin, był brak istotnego różnicowania roślin.

Badane odmiany znacznie różniły się pod względem terminu dojrzewania. Odnotowano formy wczesne jak i późno kłoszące. Obserwowano również znaczną zmienność w obrębie badanych genotypów w zakresie odporności na podstawowe choroby takie jak: mączniak prawdziwy, rdza brunatna czy rynchosporioza. W przypadku oceny wylegania, zmienność tej cechy w latach badań wynosiła od 1 do 9. Podobnie badane genotypy różniły się znacznie pod względem pozostałych badanych cech, takich jak: wysokość roślin, waga kłosa, długość kłosa, liczba ziaren w kłosie oraz masa 1000 ziaren. Duże zmienności pod względem badanych cech opisują inni autorzy, zarówno dla jęczmienia ozimego, jak i jarego (Węgrzyn, Poradzińska, 1979; Nadziak i in., 1994, 1996; Nadziak i in., 1998; Biliński i in., 2000).

Tabela 2

Maksymalne i minimalne zakresy cech agronomicznych u odmian jęczmienia ozimego badanych w latach 2000–2004

Variability of winter barley agronomic traits in 2000–2004. The minimum and maximum value for each trait

Cechy Traits	Lata — Years				
	2000	2001	2002	2003	2004
Przezimowanie Winter hardiness	7,4–9,0*	1,0–9,0	2,0–9,0		5,0–9,0
Liczba dni od 1 maja do kłoszenia No. of days from May 1 st to heading	4,0–19,0	8,0–8,0	6,0–22,0		7,0–32,0
Odporność na mączniaka I ocena Reaction to mildew I sc.	5,0–9,0*	3,0–9,0	7,0–9,0		4,0–9,0
Odporność na mączniaka II ocena Reaction to mildew II sc.	4,0–9,0*	3,0–9,0	4,0–9,0		3,0–9,0
Odporność na mączniaka III ocena Reaction to mildew III sc.					2,0–9,0
Odporność na mączniaka IV ocena Reaction to mildew IV sc.				Rośliny prawie w całości wymarły Almost all plants were destroyed by frost	2,0–8,0
Odporność na rdzę brunatną Reaction to Brown rust	5,0–9,0*				7,0–9,0
Odporność na rynchosporiozę Reaction to Scald			3,0–9,0		4,0–9,0
Odporność na wyleganie Reaction to lodging	3,0–9,0*	1,0–9,0	1,0–9,0		2,0–9,0
Wysokość roślin (cm) Plant height	62–108	65,0–125,0	63,0–123,0		65,0–135,0
Waga 1 kłosa (g) One spike weight					1,24–3,34
Długość kłosa w cm Spike length					3,2–9,1
Liczba ziaren w kłosie Number of kernels/ spike					21–59
MTZ (g) 1000 kernels weight					22,0–58,8
Liczba obiektów No of tested varieties	76	80	48	42	83

* Ocena w skali 9°; gdzie 9 — ocena maksymalna dla danej cechy, 1 — ocena minimalna dla danej cech

* Score in 1–9 scale, where 9 — highest value of the trait, 1 — lowest value of the trait

W tabeli 3 przedstawiono współczynniki zmienności (CV) dla danych cech w latach badań. Największe różnice we współczynnikach zmienności w latach badań zaobserwowano dla takich cech jak zimotrwałość odmian jęczmienia ozimego (od 2,04% w roku 2000 do 31,11% w roku 2002) oraz dla odporności na wyleganie (od 12,22% w 2000 roku do 54,02% w 2001).

W tabeli 4 wyszczególniono odmiany jęczmienia ozimego o skrajnych wartościach dla danej cechy. Omawiając przezimowanie roślin w naszych badaniach należy stwierdzić bardzo dobre przezimowanie w latach 2000 i 2001. W 2000 roku, aż 75 odmian przezimowało bardzo dobrze (ocena 9°), a tylko odmiana Oreste przezimowała nieco gorzej (ocena 7,4°). W 2001 roku, 27 odmian przezimowało w stopniu 9, a tylko jedna odmiana Melisa w stopniu 1. Lata 2002 i 2003 znacznie różniły się pod względem przezimowania od lat poprzednich. W roku 2002 tylko odmiana Elodie przezimowała

w stopniu 9, natomiast kilka odmian przetrzymała w stopniu 2. Rok 2003 był najgorszym rokiem pod względem przetrzymywania i należy stwierdzić, że praktycznie wszystkie materiały jęczmienia ozimego wymarły.

Tabela 3

Współczynniki zmienności cech odmian jęczmienia ozimego badanych w latach 2000–2004
Coefficient of variance (CV) for winter barley agronomic traits in 2000–2004

Cechy Traits	Lata — Years				
	2000	2001	2002	2003	2004
Przezimowanie Winterhardiness	2,04	26,85	31,11		10,56
Liczba dni od 1 maja do kłoszenia No. of days from May 1 st to heading	32,72	27,00	19,09		26,88
Odporność na mączniaka I ocena. Reaction to mildew I sc.	12,35	22,42			23,61
Odporność na mączniaka II ocena. Reaction to mildew II sc.	23,13	29,91	21,86		25,87
Odporność na mączniaka III ocena. Reaction to mildew III sc.					30,06
Odporność na mączniaka IV ocena. Reaction to mildew IV sc.					31,93
Odporność na rdzę brunatną Reaction to Brown rust	6,25			Rośliny prawie w całości wymarły Almost all plants were destroyed by frost	8,0
Odporność na rynchosporiozę Reaction to Scald			17,90		18,13
Odporność na wyleganie Reaction to lodging	12,22	54,02	38,38		39,61
Wysokość roślin (cm) Plant height	14,36	16,18	17,79		14,92
Waga 1 kłosa (g) One spike weight					25,06
Długość kłosa (cm) Spike length					20,28
Liczba ziaren w kłosie Number of kernels/ spike					24,25
MTZ (g) 1000 kernels weight					17,79
Liczba obiektów No. of tested varieties	76	80	48	42	83

Stwierdzono również silne zróżnicowanie badanych odmian jęczmienia ozimego pod względem wczesności, wyrażonej liczbą dni od 1 maja do kłoszenia, stwierdzono znaczne różnice spośród badanych odmian. Najwcześniejszą odmianą okazała się w roku 2000 odmiana Shinto 202 (CI 9412) kłosząca się 4 maja, natomiast najpóźniej kłosiła się odmiana Hexagonde de Wagnonville (2 czerwca 2004 roku) powodując pogorszenie plonu i jakości.

Bardzo ważnym zagadnieniem jest odporność jęczmienia ozimego na podstawowe choroby, które negatywnie wpływają na wysokość i jakość plonu, są to mączniak prawdziwy, rdza brunatna, rynchosporioza. Na podstawie przeprowadzonych obserwacji w latach 2000–2004 wyodrębniono genotypy jęczmienia ozimego o bardzo wysokiej

odporności na mączniaka prawdziwego (ocena 9°) np. Kromin, Viscosa, Anatolia i inne (tab. 4).

Tabela 4

Wybrane odmiany jęczmienia ozimego o skrajnych wartościach dla danej cechy
Winter barley cultivars with extreme values of particular/ trait (examples)

Cechy Traits	2000		2001		2002		2003	2004	
	7,4*	9,0	1,0	9,0	2,0	9,0		5,0	9,0
Przezimowanie Winter hardiness	Oreste	Dura G 01322 HVW 536	Melissa	Cluj 106 Decatur Colonial	Baranjac Arhender Kwilch	Elodie		Anni	Goldmine Franziska Sarah
Liczba dni od 1 maja do początku kłoszenia No of days from May 1 st to heading	4*	19	8	28	6	22		6	33
	Shinto 202	Galic	Diomede	1198/75	Melissa	Igdir- Arhender		Dettweiler	Hexagonde de Wagnonville
Odporność na mączniaka Reaction to powdery mildew	4,0*	9,0	3,0	9,0	3,0	9,0		3,0	9,0
	Dura HVW 536 Shinto	Kromin Victoria Distric	Colonial Decatur Shindo	Viskosa	Cledor	Anatolia Bogusa Virginia		Harbina Chale Albert	Borwina Tessy Millie
Odporność na rdzę brunatną Reaction to Brown rust	5,0*	9,0						7,0	9,0
	Laura	Kwilsch Wong						Franziska Borwina Melissa	Alterna Malta Maris Other
Odporność na rynychosporiozę Reaction to Scald					3,0	9,0		4,0	9,0
					Decatur	Anatolia		Cluj 106 Mutant 10/78	Goldmine Millie Anatolia
Odporność na wyleganie Reaction to lodging	3,0*	9,0	1,0	9,0	1,0	9,0		2,0	9,0
	LU 369	Darie Borwina Pallium 48	Colonial Shinto Markone e	Fedora Angela Visckosa	Anatolia MEH 041-2	Baranjac Elodie		Solovei Odessa Dettweiler	Maris Other Malta Vanessa
Wysokość roślin (cm) Plant height	61 Oreste Andra	108 Lyngby 192	65 Bogesa	125 Paragis 12 Melior	63 Simpatic	123 MEH 041-2		65 Stamm 707/74	135 Hatvani 377
Waga 1 kłosa (g) One spike weight								1,24 Malta	3,34 Carola
Długość kłosa (cm) Length of spike								3,2 Dover	9,1 Sarah
Liczba ziaren w kłosie No. of kemels per spike								21 Malta	59 HVW 858/76
Masa 1000 ziaren 1000 kemels weight								22,0 Hatvani 445	58,8 Goldmine

* Ocena w skali 9°; gdzie 9 — Najwyższa wartość danej cechy, 1 — Najniższa wartość danej cechy

* Score in 1–9 scale, where 9 — Highest value of the trait, 1 — Lowest value of the trait

Stwierdzono występowanie odmian odpornych i podatnych na rdzę brunatną i rynchosporiozę. Wyodrębniono odmiany odporne na rdzę brunatną w stopniu 9 np. Kwilsch, Wong, Alterna, Malta, Maris Other. Niską odpornością na rdzę brunatną charakteryzuje się odmiana Laura (ocena 5°). Podobnie w przypadku rynchosporiozy, stwierdzono niską odporność na tę chorobę odmiany Decatur, Mutant 10/78, Cluj 106, wyodrębiając jednocześnie odmiany o wysokiej odporności na rynchosporiozę (Anatolia, Goldmine, Millie).

Badane odmiany różniły się znacznie pod względem wylegania. Przeprowadzone badania umożliwiły wyodrębnienie odmian odpornych na wyleganie: Darie, Pallidum 48, Borwina, Fedora, Angela, Viskosa, Baranjac, Elodie, Maris Other, Malta, Vanessa. Duży wpływ na wyleganie u jęczmienia ozimego ma wysokość roślin. Z licznej grupy badanych odmian wyodrębniono genotypy o niskiej długości słomy, oraz genotypy krótkosłome.

Dla przykładu wysokimi odmianami były: Paragis 12, Melior, MEH 041-2, Hatvani 377, a niskimi: Oreste, Andra, Bogesa, Simpatic, Stamm707/74 (tab. 4).

W roku 2004 określono niektóre elementy struktury plonu badanych genotypów jęczmienia ozimego. Największą wagę kłosa posiadała odmiana Carola (3,34 g), najmniejszą odmiana Malta (1,24 g). Najdłuższe kłosa wytwarzała odmiana Sarah (9,1 cm), najkrótsze odmiana Dover (3,2 cm). Największą liczbę ziaren w kłosie wytwarzała odmiana HVW 858/76 (59) natomiast najmniej ziarniaków stwierdzono u odmiany Malta (21). Badane odmiany różniły się znacznie pod względem masy 1000 ziaren. Odmiana Goldmine posiadała największą MTZ (58,8 g), a odmiana Hatvani 445 tylko 22,0 g.

Na podstawie uzyskanych wyników można wyodrębnić odmiany jęczmienia ozimego posiadające np. kilka dodatnich cech:

- odmiana Goldmine cechuje się bardzo dobrą mrozoodpornością, bardzo dobrą odpornością na rynchosporiozę, wysoką masą 1000 ziaren i dobrą odpornością na mączniaka prawdziwego (tab. 4, 5),
- odmiana Sarah posiada bardzo dobrą zimotrwałość połączoną z długim kłosem oraz dobrą odpornością na mączniaka prawdziwego (tab. 4, 5),
- odmiana Viscosa charakteryzuje się bardzo dobrą odpornością na mączniaka i wyleganie (tab. 4).

Często jednak odmiany posiadające jedną bardzo dobrą cechę agronomiczną mają gorsze pozostałe cechy i tak np:

- odmiana HVW 536 posiada bardzo dobrą zimotrwałość, ale nie jest odporna na rdzę brunatną (tab. 4),
- odmiany Cluj 106 i Decatur są również bardzo zimotrwałe, ale podatne na rynchosporiozę i mączniaka prawdziwego (tab. 4, 5),
- odmiana Colonial o wysokiej zimotrwałości jest podatna na mączniaka i wyleganie (tab. 4).

Dodatkowo w 2004 roku wykonano ocenę badanych genotypów jęczmienia ozimego pod względem odporności częściowej na mączniaka prawdziwego (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). W tym celu ocenę porażenia ze skali stopniowej przekształcono w skalę

określającą procent porażenia roślin, a poziom odporności częściowej oceniano określając powierzchnię pod krzywą rozwoju choroby AUDPC (tab. 5) odmiany odporne charakteryzowały się niską wartością AUDPC. Zaliczały się do nich między innymi: Borwina, Tessy, Millie, Viresa oraz wiele innych wymienionych w tabeli 5. Z nowych odmian uprawianych w Europie wysoką odporność posiada odmiana Vanessa. Odmiany o wysokich wartościach AUDPC, czyli niskiej odporności częściowej na mączniaka prawdziwego znajdują się na końcu tabeli 4 i są to np. Cluj 106, Bankuti, Albert, Chale, Harbine (tab. 5).

Tabela 5

Ocena porażenia mączniakiem prawdziwym roślin jęczmienia ozimego wyrażone w 2004 roku
[% i powierzchnia pod krzywą rozwoju choroby (AUDPC)] (odmiany uszeregowane wg wzrastającej
wartości (AUDPC)
Infestation of plants of winter barley by powdery mildew in 2004
[% and the Area Under Disease Progress Curve — AUDPC]

Lp. No.	Odmiana ¹ Variety ¹	% porażenia — severity in %				AUDPC
		I ocena 20.04 I score	II ocena 30.04 II score	III ocena 11.05 III score	IV ocena 24.05 IV score	
1	Borwina	1,55	1,55	1,55	3,88	67,9
2	Tessy	1,55	1,55	3,88	3,88	95,8
3	Millie	1,55	3,88	3,88	3,88	120,3
4	Vanessa	1,55	1,55	3,88	9,36	131,5
5	Viresa	1,55	3,88	3,88	9,36	155,9
6	Diomedes	1,55	3,88	3,88	9,36	155,9
7	1021/75	1,55	3,88	3,88	9,36	155,9
8	Carola	1,55	3,88	9,36	9,36	221,7
9	Creta	1,55	3,88	3,88	20,92	231,0
10	Hvw 858/76	3,88	3,88	9,36	9,36	233,4
11	Sarah	1,55	9,36	9,36	9,36	279,3
12	Anni	1,55	9,36	9,36	9,36	279,3
13	Marfocvasari 39	1,55	3,88	9,36	20,92	296,8
14	Gk Arpad	1,55	3,88	9,36	20,92	296,8
15	HVW 804/75	1,55	3,88	9,36	20,92	296,8
16	Norde	1,55	3,88	20,92	9,36	360,3
17	Ny 5166/B-3	9,36	9,36	9,36	20,92	393,5
18	Elodie	1,55	1,55	20,92	20,92	411,0
19	Ekspedycyjne 158	1,55	3,88	9,36	40,37	423,3
20	Verena	1,55	3,88	20,92	20,92	435,4
21	Malta	1,55	9,36	9,36	40,37	480,9
22	561/292	3,88	9,36	20,92	20,92	504,7
23	Dutchess CI10890	1,55	1,55	20,92	40,37	537,5
24	Goldmine	1,55	3,88	20,92	40,37	561,9
25	Pallidum 13054	20,92	9,36	20,92	20,92	589,8
26	No 1808	1,55	3,88	20,92	40,37	561,9
27	Janetzki Rotlart	3,88	3,88	20,92	40,37	573,5
28	Odessa Solovei	3,88	9,36	20,92	40,37	631,1
29	Osnowa	1,55	3,88	20,92	40,37	561,9
30	Dover CI 10435	1,55	1,55	20,92	63,41	687,2
31	Silke	1,55	20,92	20,92	40,37	740,8
32	Mathias	3,88	20,92	20,92	40,37	752,4
33	Dornburger Vierzeiluge Futtergerste	3,88	20,92	20,92	40,37	752,4

Lp. No.	Odmiana ¹ Variety ¹	% porażenia — severity in %				AUDPC
		I ocena 20.04 I score	II ocena 30.04 II score	III ocena 11.05 III score	IV ocena 24.05 IV score	
34	Pallium 16	1,55	3,88	40,37	40,37	795,4
35	Davie CI 9170	3,88	3,88	40,37	40,37	807,0
36	Enk 2008/73	9,36	9,36	20,92	63,41	808,3
37	52 M 1	1,55	3,88	40,37	63,41	945,1
38	607/73	20,92	20,92	20,92	63,41	987,4
39	Chawanwuk Nr 15	9,36	20,92	40,37	40,37	1013,3
40	Ardenes	9,36	20,92	40,37	40,37	1013,3
41	Hatvani 377	9,36	20,92	40,37	40,37	1013,3
42	H.Spontaneum MEH 039-3	3,88	9,36	40,37	63,41	1014,4
43	Simpatic	20,92	20,92	40,37	40,37	1071,1
44	Melisa	1,55	20,92	40,37	63,41	1124,0
45	Schindo 202 CI9412	9,36	20,92	40,37	63,41	1163,1
46	M-194/73	9,36	20,92	40,37	63,41	1163,1
47	Aviron	3,88	40,37	40,37	40,37	1190,2
48	Hww 733/74	20,92	20,92	40,37	63,41	1220,8
49	Grodkowicki	20,92	20,92	40,37	63,41	1220,8
50	Labea	1,55	9,36	63,41	63,41	1279,2
51	Hatvani 445	40,37	40,37	40,37	40,37	1372,6
52	Orbi	3,88	20,92	63,41	63,41	1412,2
53	Kwiisch 98	20,92	40,37	40,37	63,41	1425,1
54	Hohnthurmst 13531/62	20,92	40,37	40,37	63,41	1425,1
55	Franziska	20,92	20,92	63,41	63,41	1497,3
56	Diau-Bapustmestnij	40,37	40,37	40,37	63,41	1522,4
57	Firlbecks Vierzeilige	9,36	20,92	63,41	81,61	1557,9
58	Stamm 707/74	9,36	20,92	63,41	81,61	1557,9
59	Maris Other	9,36	20,92	63,41	81,61	1557,9
60	Ns-150	9,36	40,37	63,41	63,41	1643,9
61	1813	20,92	40,37	63,41	63,41	1701,6
62	Cenad 450	40,37	40,37	63,41	63,41	1798,9
63	Hexagonde De Wagnonville	40,37	40,37	63,41	63,41	1798,9
64	Dr. Grundmanns Wotan	40,37	40,37	63,41	63,41	1798,9
65	No 1294	40,37	40,37	63,41	63,41	1798,9
66	H.Vulgare (Anatolia)	40,37	63,41	63,41	40,37	1891,1
67	Engelens Wieland	40,37	40,37	63,41	81,61	1917,2
68	Dettweiler	3,88	40,37	81,61	81,61	1953,0
69	Dagestanskij (Sarmericen 239)	9,36	40,37	81,61	81,61	1980,5
70	Mutant 10/78	40,37	40,37	63,41	91,91	1984,1
71	Hv Bacheevii Omor	40,372	63,41	63,41	63,41	2040,9
72	Cenad 395	20,92	63,41	63,41	81,61	2061,8
73	Firlbecks Astrid	40,37	40,37	81,61	81,61	2135,5
74	Domna	40,37	40,37	81,61	81,61	2135,5
75	Alterna	40,37	63,41	63,41	81,61	2159,1
76	Otto	1,55	63,41	81,61	81,61	2183,3
77	Nau K.142	9,36	63,41	81,61	81,61	2222,4
78	Cledor	40,37	63,41	81,61	81,61	2377,4
79	Cluj 106	63,41	63,41	81,61	81,61	2492,7
80	Bankuti	63,41	63,41	81,61	81,61	2492,7
81	Albert	63,41	81,61	81,61	91,91	2750,7
82	Chale CI.9581	63,41	81,61	81,61	91,91	2750,7
83	Harbine CI 7524	63,41	81,61	91,91	91,91	2874,3

¹ — Uszeregowanie wg wzrastającej wartości AUDPC; Ranking according to the increasing value of AUDPC

Odmiana Pallidum 13054 (poz. 25 w tab. 5) podobnie jak część odmian typu Pallidum cechuje się tym, że w pierwszym okresie jest bardzo szybko porażana przez mączniaka prawdziwego. Dalej następuje silne zahamowanie rozwoju patogena, a następnie jest obserwowany wzrost porażenia.

WNIOSKI

1. Badane w doświadczeniach polowych i laboratoryjnych w latach 2000–2004 liczne odmiany jęczmienia ozimego okazały się materiałem o dużym zróżnicowaniu pod względem badanych cech agronomicznych. Świadczy to o odpowiednim gromadzeniu w Banku Genów źródeł genetycznych o wysokiej zmienności.
2. Badane odmiany znacznie różniły się pod względem odporności częściowej na mączniaka prawdziwego. Zjawisko to umożliwiło wyodrębnić odmiany o wysokiej odporności na ten patogen.
3. Przeprowadzona ocena testowanego materiału pozwoliła na wyodrębnienie genotypów jęczmienia ozimego o pożądanych cechach agronomicznych oraz włączenie ich do programów hodowlanych.

LITERATURA

- Biliński Z. R., Nadziak J., Nowak B. 2000. Ocena wybranych odmian z kolekcji pastewnej jęczmienia jarego. Biul. IHAR 216: 159 — 164.
- Brown A. H., Munday D., Jenkins J. 1987. Use of wild barley germplasm in barley breeding. Proceedings, Australian Barley Technical Symposium: Wagga Wagga, 11–15th October 1987. New South Wales: Dep. of Agriculture: 116 — 121.
- Ellis R. P., Forster B. P., Robinson D., Handley L. L., Gordon D. C., Russell J. R., Powell W. 2000. Wild barley: a source of genes for crop improvement in the 21st century? J. Exp. Bot. 51: 342.
- Góral S. 1988. Gromadzenie i opracowanie zasobów genowych dla hodowli roślin w Polsce. Zesz. Probl. Materiały z Sympozjum. Radzików, 15–16. X. 1985: 7 — 15.
- Jakubiec J. 1988. Aktualny stan roślinny zasobów genowych w Polsce i w świecie. Zesz. Probl. Materiały z Sympozjum. Radzików, 15–16. X. 1985: 17 — 31.
- Nadziak J., Kudła M., Małysa M. 1994. Ocena odmian jęczmienia ozimego zgromadzonego w polskim Banku Genów. Biul. IHAR 192: 39 — 57.
- Nadziak J., Małysa M., Kudła M. 1996. Ocena odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Banku Genów. Biul. IHAR 197: 97 — 111.
- Nadziak J., Małysa M., Biliński Z. R. 1998. Ocena wybranych odmian jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) zgromadzonych w Banku Genów pod względem odporności na mączniaka prawdziwego (*Erysiphe graminis* f. sp. *hordein*). Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 463: 423 — 435.
- Ordon F., Friedt W. 1992. Genetic analysis of exotic barley germplasms for resistance soil-borne mosaic viruses. Barley Genetic Newsl. 21: 69 — 72.
- Shaner G., Finney R. E. 1977. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. Phytopath. 67: 1051 — 1056.
- Węgrzyn S., Poradzińska J. 1979. Genetyczne aspekty plonowania jęczmienia jarego. Hod. Rośl. Nasien. 23/2: 99 — 115.

WOJCIECH RYBIŃSKI**ELŻBIETA ADAMSKA**

Instytut Genetyki Roślin, Polska Akademia Nauk, Poznań

Charakterystyka mutantów nieoplewionych jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) pod względem zmienności wybranych cech ilościowych

Characteristics of hull-less spring barley (*Hordeum vulgare* L.) mutants with respect to variability of some quantitative traits

W wyniku działania dwóch chemomutagenów (MNU i AS) na ziarniaki nieoplewionego rodzaju hodowanego 1N/86 uzyskano mutanty, które odznaczały się niższą wysokością roślin i większą odpornością na wyleganie niż formy wyjściowe. Materiał ten (18 mutantów) wraz z rodem hodowanym 1N/86 były przedmiotem doświadczenia polowego przeprowadzonego na polu doświadczalnym IGR PAN w Cerekwicy. Po zbiorze roślin określano wysokość roślin oraz mierzono wybrane parametry struktury plonu. Wybrane mutanty charakteryzowały się wysokością roślin w przedziale od 59,9 cm do 71,9 cm, przy wysokości ich formy wyjściowej wynoszącej 77,1 cm i różniły się istotnie pod względem tej cechy od rodu wyjściowego 1N/86. Mimo, że większość mutantów o skróconej długości źdźbła miało wyraźnie obniżone wartości cech struktury plonu, dwa z nich (M 39 i M 142) mieściły się na poziomie wzorca pod względem liczby ziaren z kłosa i masy ziaren z rośliny. Wskazuje to na możliwość uzyskania form o obniżonej wysokości i plonujących co najmniej na poziomie ich formy wyjściowej. Mutanty te stanowią mogą interesujący materiał wyjściowy w hodowli jęczmienia nagoziarnistego.

Słowa kluczowe: analiza statystyczna, jęczmień nagoziarnisty, mutanty, struktura plonu

Some of the mutants obtained by treatment of grains of hull-less spring barley breeding line 1N/86 with two chemomutagens (MNU and SA) were characterized by the shorter straw and increased resistance to lodging as compared to their initial form. Eighteen mutants and the line 1N/86 were evaluated in the field trial performed at the Experimental Station in Cerekwica. After harvest, plant height and some characters of yield structure were examined and analyzed statistically. Plant height of the mutants ranged from 59.9 cm to 71.9 cm, and differed significantly from that of the line 1N/86 (77.1 cm on average). Yield components in the mutants were generally of lower value than those in the initial line, but the forms M 39 and M 142 were characterized both by the greater numbers of grains per spike and the higher weight of grains per plant, although the differences were not significant statistically. The results obtained with these mutants indicate that it is possible to select short-straw spring barley forms showing the improved resistance to lodging and the yielding potential at the level of their initial form

at least. These mutants can be promising initial forms to be utilized in the breeding program for hull-less spring barley.

Key words: hull-less barley, mutants, statistical analysis, yield structure

WSTĘP

Głównym celem hodowli roślin jest wprowadzenie do produkcji nowych odmian dających korzystne efekty gospodarcze, jak wyższa plenność, mniejsza kosztocłonność uprawy, lepsze parametry technologiczne i niezawodność (Czembor, 1989, 1997). Większość odmian jęczmienia przeznaczanych na cele żywieniowe to jęczmiona oplewione. Rossnagel i wsp. (1985) wprowadzili do uprawy w Kanadzie wysokoplenną, nieoplewioną odmianę Tuper. Dalszy postęp hodowlany umożliwił uzyskanie kolejnych odmian, które pod względem plonowania i innych cech agronomicznych tylko nieznacznie ustępowały odmianom oplewionym lub plonowały co najmniej na poziomie form oplewionych (Vaidya i Mahabalan, 1989; Eslick i in., 1990; Thair i Shevtsov, 1994; Ito i in., 1995). W 1999 roku została zarejestrowana nowa polska odmiana nagoziarnista Rastik (zespół prof. Czembora — IHAR Radzików) o dobrej plenności i wysokich wartościach żywieniowych. Mimo niewątpliwych zalet jęczmienia nagoziarnistego, zwłaszcza w żywieniu zwierząt (Xue i in., 1997; Zheng i Bhatti, 1998) oraz przemyśle spożywczym (Bhatti i Rossnagel, 1998) jego szersze wprowadzenie do uprawy ogranicza między innymi niższa zdolność plonowania (Bhatti, 1986) jak również niezadowalająca odporność na wyleganie. Z uwagi na skłonność do wylegania, straty plonu, obniżenie wartości żywieniowej oraz technologicznej, zagadnienie to było przedmiotem licznych prac badawczych (Zenisceva, 1968; Jeżowski, 1981; Jeżowski, 1991; Dolinski, 1995; Jeżowski 1996). Uzyskanie odmian o poprawionej odporności na wyleganie jest jednym z głównych celów realizowanych w programach hodowlanych (Bouma i Ohnoutka, 1991). Dla poszerzenia zmienności genetycznej cech u form nieoplewionych wykorzystano także indukowanie mutacji. Okazuje się, że związki mutageniczne są wysoce efektywne w indukowaniu mutacji umożliwiających uzyskanie form krótkosłomych jęczmienia o zwiększonej odporności na wyleganie (Rybiński, 1981; Amaer, 1994; Akhury i in., 1996; Sümer, 1996) oraz odmian uprawnych (Bouma, 1967; Matsuo i Yamagushi, 1967; Gustafsson i in., 1971; Nilan 1972). Skracanie długości źdźbła było jednak związane z równoczesnym skróceniem długości kłosa, co rzutowało na obniżenie masy pojedynczego ziarniaka, a w końcu na mniejszy plon ziarna z rośliny i poletka (Rybiński, 1981). Mniejszy plon ziarna z rośliny był szczególnie widoczny u form karłowatych, a w mniejszym stopniu u półkarłowatych. Uzyskane wyniki wskazują na trudności uzyskania form o skróconej długości źdźbła i poprawionej zdolności plonowania.

Celem pracy było określenie w warunkach doświadczenia polowego, genetycznej zmienności cech struktury plonu u mutantów nagoziarnistych o obniżonej wysokości roślin w porównaniu z ich formą wyjściową.

MATERIAŁ I METODY

Materiał wyjściowy do indukowania mutacji stanowiło ziarno jęczmienia nagoziarnistego rodu 1N/86. W wyniku traktowania ziarniaków chemomutagenami: N-nitroso-N-metylomocznikiem (MNU) oraz azydkiem sodu (NaN_3) uzyskano pokolenie M_1 , a następnie pokolenie M_2 , w którym dokonano wyboru mutantów. W pokoleniu M_3 potomstwo każdego z mutantów wysiewano wraz z formą wyjściową w doświadczeniu połowym w celu potwierdzenia czy zmienione rośliny wybrane w pokoleniu M_2 utrzymują swą zmienność. Wybrano 18 zmutowanych form, które w porównaniu z ich formą wyjściową 1N/86 charakteryzowały się między innymi obniżoną wysokością roślin. Osiemnaście mutantów wraz z odmianą wyjściową porównywano w doświadczeniu połowym w układzie losowanych bloków w trzech powtórzeniach. Eksperyment przeprowadzono na Polu Doświadczalnym IGR PAN w Cerekwicy.

Wykonano pomiary: wysokości roślin, długości kłosa, liczby ziaren z kłosa oraz masy ziaren z rośliny, a uzyskane wyniki opracowano statystycznie. Dla każdej cechy testowano hipotezę o braku różnic między obiektami oraz dokonano podziału obiektów na grupy jednorodne.

Podział ten dokonany został w oparciu o kryterium minimalnej wariancji wszystkich możliwych podzbiorów badanych obiektów przy założeniu, że maksymalna liczba grup nie może być większa od trzech. Ocenę i wyniki testowania porównań średnich dla badanych cech między formą wyjściową a mutantami określono w postaci kontrastów (Caliński i in., 1976; Ceranka i in., 1977). Rozmieszczenie na płaszczyźnie mutantów pod względem badanych cech przedstawiono w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych.

WYNIKI I DYSKUSJA

Wybrane mutanty charakteryzowały się obniżoną wysokością roślin. Ich zakres zmienności mieścił się w przedziale od 59,9 cm do 71,9 cm przy wysokości formy wyjściowej 77,1 cm. Ocena i wyniki testowań porównań między mutantami a ich formą wyjściową wykazały, że wszystkie mutanty pod względem wysokości roślin istotnie różniły się od ich formy wyjściowej (tab. 1). Najwyższe, ujemne wartości kontrastu uzyskano dla mutantów: M2, M37, M39, M46 i M120. Wskazuje to, że mutanty te w porównaniu z formą wyjściową charakteryzowały się najsilniejszą redukcją długości źdźbła. Serię mutantów krótkosłomych jęczmienia uzyskali także inni autorzy (Rybiński, 1981; Amer i in., 1994; Thakur i Sethi, 1995; Akhuary i in., 1996; Sümer 1996; Arumugan i in., 1997). Analizując cechy struktury plonu (tab. 1) dodatnie, aczkolwiek nieistotne wartości kontrastu dla długości kłosa i masy ziaren z rośliny obserwowano u dwóch mutantów a dla liczby ziaren z kłosa u sześciu mutantów. Jednak tylko dla liczby ziaren z kłosa u mutantu M 22 wartość kontrastu była statystycznie istotna. U pozostałych mutantów obserwowano ujemne wartości kontrastu dla badanych cech, co wskazuje na obniżenie wartości cech struktury plonu mutantów.

Tabela 1

Ocena i wyniki testowania porównań między mutantami a formą wyjściową nieoplewionego jęczmienia jarego 1N/86 dla wysokości roślin i cech struktury plonu

The estimation and results of comparisons between mutants and initial form of hull-less barley 1N/86 for plant height and yield structure parameters

Kontrast Contrast	Cechy — Traits			
	wysokość roślin (cm) plant height (cm)	długość kłosa (cm) spike length	liczba ziaren z kłosa number of grains per spike	masa ziaren z rośliny (g) grain weight per plant
1N/86				
M 2	-17,2**	-1,5**	-3,5**	-1,39*
M 6	-10,1**	-0,3	-2,1*	-2,24**
M 22	-9,3**	0,4	3,73**	-3,50**
M 32	-8,9**	0,1	-2,13*	-4,80**
M 35	-9,7**	0,0	-1,5	-3,40**
M 37	-17,4**	-0,3	-1,1	-2,24**
M 39	-15,3**	-1,5**	1,3	0,72
M 46	-16,9**	-0,8	-0,7	-1,24*
M 52	-11,1**	-0,5	0,3	-3,62**
M 62	-15,9**	-0,2	0,4	-6,09**
M 74	-6,1**	-0,1	-2,5*	-4,04**
M 75	-8,5**	-1,0	-0,8	-2,51**
M 120	-19,1**	-0,9	-1,3	-4,86**
M 121	-5,2**	-1,2*	-0,3	-1,72**
M 127	-6,0**	-1,4*	-1,6	-2,87**
M 139	-7,9**	-1,4*	-3,8**	-0,93
M 141	-5,6**	-0,8	0,5	-0,57
M 142	-9,1**	-0,4	0,6	0,88
Forma wyjściowa 1N/86	77,1	9,7	25,7	9,35
Initial form 1N/86				

* Istotne przy $\forall = 0,05$, Significant at $\alpha = 0.05$

** Istotne przy $\forall = 0,01$, Significant at $\alpha = 0.01$

Najmniejszą liczbę ujemnych i istotnych wartości kontrastu obserwowano dla długości kłosa i liczby ziaren z kłosa a największą dla masy ziaren z rośliny. Według Górnego (2004) plon odmian nagoziarnistych jest zwykle od 15%–35% niższy od form oplewionych, przy czym cechuje je również słabsze krzewienie produkcyjne (Dziamba i Rachoń, 1988; Paris i in., 1999). Analiza plonowania form o skróconej długości źdźbła wykazała natomiast, że głównym powodem obniżenia ich plonowania była redukcja długości kłosa i liczby ziaren w kłosie (Lundqvist, 1991). Zależność taką obserwował również Rybiński (1981). Uzyskane przez nas wyniki (tab. 1) wskazują, że pod względem obu wyżej wspomnianych cech mutanty ustępowały formie wyjściowej. Stwierdzono, że nagość ziarna jest cechą bardzo stabilną, uwarunkowaną pojedynczym genem recesywnym (*nud*) zlokalizowanym na długim ramieniu chromosomu 1 (7H) i gen ten sprzężony jest między innymi z genem zbitości kłosa (*dspl*) (Persson i Hagberg, 1969; Tshuchiya i Singh, 1973). Mimo skrócenia długości kłosa u uzyskanych mutantów (przy jednoczesnym obniżeniu liczby ziaren w kłosie) nie obserwowaliśmy wyraźnego wzrostu zbitości kłosa (bez jej analizy w pracy), typowego dla form nagoziarnistych pochodzących z wschodniej Azji, głównie Japonii (Górny, 2004). Mimo generalnej tendencji mutantów o skróconej długości źdźbła do obniżania wartości cech struktury plonu, dwa z nich (M 39 i M 142) charakteryzowały się liczbą ziaren z kłosa i masą ziaren z rośliny na poziomie wzorca,

a różnice były statystycznie nieistotne. Na możliwość uzyskania mutantów nieoplewionych o poprawionej zdolności plonowania wskazują badania Uhlika (1991). Mimo, że charakterystyczną cechą form nagoziarnistych była redukcja masy pojedynczego ziarniaka, u kilku linii ich masa była nieoczekiwanie bardzo wysoka (Persson i in., 1998).

Wyniki analizy wariancji przeprowadzone dla każdej cechy podano w tabeli 2.

Tabela 2

Wyniki analizy wariancji badanych cech jęczmienia nieoplewionego
Results of variance analysis for the investigated traits in hull-less barley

Zmienność Variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean squares	Statystyka F F statistic
Wysokość roślin (cm) Plant height (cm)			
Genotypy — Genotypes	18	0,7787	57,89**
Błąd — Residual	38	0,1345	
Ogółem — Total	56		
Długość kłosa (cm) Spike length (cm)			
Genotypy — Genotypes	18	0,1065	2,33*
Błąd — Residual	38	0,4570	
Ogółem — Total	56		
Liczba ziaren z kłosa Number of grains per spike			
Genotypy — Genotypes	18	0,9382	7,16**
Błąd — Residual	38	0,1309	
Ogółem — Total	56		
Masa ziaren z rośliny (g) Grain weight per plant (g)			
Genotypy — Genotypes	18	0,1123	25,85**
Błąd — Residual	38	0,4345	
Ogółem — Total	56		

* Istotne przy $\forall = 0,05$, Significant at $\alpha = 0,05$

** Istotne przy $\forall = 0,01$, Significant at $\alpha = 0,01$

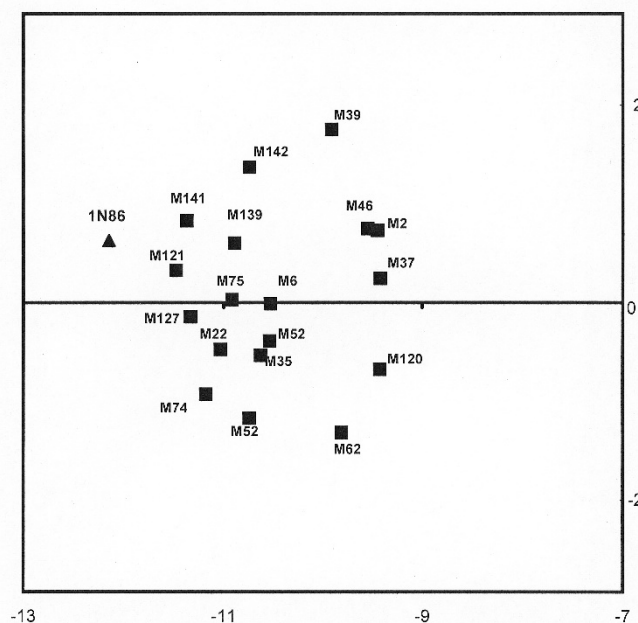
Wszystkie hipotezy o braku różnic między genotypami zostały odrzucone, co najmniej na poziomie $\forall = 0,05$. Odrzucenie hipotez o równości genotypów umożliwiło dokonanie podziału mutantów na grupy jednorodne (tab. 3). Dla liczby ziaren z kłosa i masy ziaren z rośliny dokonano podziału na trzy grupy jednorodne, natomiast w przypadku długości kłosa genotypy podzielono na dwie grupy (podział na trzy grupy okazał się nieistotny). Spośród mutantów o krótkiej słomie szczególną uwagę zwraca mutant M 39 odznaczający się najwyższą masą ziaren z rośliny. W tej samej grupie o najwyższej masie ziaren z rośliny znalazły się również dwa mutanty M 141 i M 142, które są wyższe od mutantu M 39, lecz niższe od formy wyjściowej (znalazły się w grupie pośredniej — tab. 3). Na uwagę zasługuje także mutant M 22 charakteryzujący się największą liczbą ziaren z kłosa a jednocześnie posiadający istotnie krótszą słomę od rodu wyjściowego 1N/86.

Przedstawienie wyników na płaszczyźnie w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych (rys. 1) umożliwiło ocenę podobieństwa mutantów do ich formy wyjściowej pod względem wszystkich analizowanych cech.

Tabela 3

Podział mutantów i ich formy wyjściowej 1N/86 na grupy jednorodne pod względem badanych cech
Homogenous groups for the mutants and the initial form 1N/86 established for the investigated traits

Grupy Groups	Cechy — Traits							
	wysokość roślin plant height	średnia dla grupy mean for the group	długość kłosa spike length	średnia dla grupy mean for the group	liczba ziaren z kłosa number of grains per spike	średnia dla grupy mean for the group	masa ziaren z rośliny grains weight per plant	średnia dla grupy mean for the group
I	M 74, M 121, M 41, M 127, 1N/86	72,5	M 6, M 22, M 32, M 35, M37, M 52 M 62, M 74, M 142, 1N/86	9,6	M 22	29,5	M 39, M 141, M 142, 1N/86	9,66
II	M 6, M 22, M 32, M35, M 52, M 75 M 139, M 142	67,9	M 2, M 39, M 46, M 75, M 120, M 121 M 127, M 139, M 141	8,6	M 39, M 42, M 52 M 62, M 75, M 121, M 141, M 142, 1N/86	25,9	M 2, M 6, M 37, M 46, M 75 M 121, M 127, M 139	7,46
III	M 2, M 37, M 39 M 46, M 62, M 120	60,2	—	—	M 2, M 6, M 32, M 35, M 37, M 74, M 120, M 127, M 139	23,6	M 22, M 32, M35, M 52, M 62, M 74, M 120	5,02



▲ Mutanty — Mutants

■ Forma wyjściowa 1N/86 — Initial form 1N/86

Rys. 1. Rozmieszczenie mutantów w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych pod względem badanych cech

Fig. 1 Configurations of mutants in the space of two first canonical varieties for the analyzed traits

Najmniej od formy wyjściowej różniły się dwa mutanty M 141 i M 121. Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, że mimo obniżenia wysokości roślin możliwe jest uzyskanie genotypów o zbliżonej lub wyższej zdolności plonowania od formy wyjściowej na drodze kolejnych krzyżowań i rekombinacji cech.

WNIOSKI

1. W wyniku działania chemomutagenów możliwe jest uzyskanie mutantów nagoziarnistych jęczmienia jarego charakteryzujących się skróceniem długości źdźbła w porównaniu z ich formą wyjściową.
2. Efektem działania mutagenów jest uzyskanie dwóch mutantów (M 39 i M 142) o skróconej słomie i plonujących na poziomie formy wyjściowej 1N/86.
3. Mimo, że zdecydowana większość mutantów o obniżonej wysokości roślin w porównaniu z ich rodem wyjściowym charakteryzowała się niższymi parametrami struktury plonu, uzyskano formy o liczbie ziaren z kłosa i masie ziaren z rośliny na poziomie wzorca 1N/86.
4. Uzyskane mutanty mogą stanowić interesujący materiał wyjściowy w hodowli nieoplewionych odmian jęczmienia jarego.

LITERATURA

- Akhuary S. B., Sinha A. N., Sinha A. K. 1996. The effectiveness and efficiency of chemical mutagens on biological parameters in hull-less variety of *Hordeum vulgare* (L.) Karan. *Neo Botanica* 4 (1): 1 — 5
- Amer I. M., El-Rassas H. N. 1994. Utilization of gamma irradiation in barley breeding. *Annals of Agricultural Science* 39 (1): 257 — 268.
- Arumugan S., Reddy V. R. K., Asir R., Viswanathan P., Dhamodaran S. 1997. Induced mutagenesis in barley. *Advances in Plant Science* 10(1): 103 — 106.
- Bhatty R. S. 1986. The potential of hull-less barley – review. *Cereal Chem.*, 63: 97 — 103.
- Bhatty R. S., Rossnagel B. G. 1998. Comparison of pearled and impearled Canadian and Japanese barleys. *Cereal Chemistry* 75 (1): 15 — 21.
- Bouma J. 1967. New variety of spring barley “Diamant”. *Abh. Dtsch. Akad. Wiss.*, 2: 177 — 182.
- Bouma J., Ohnoutka Z. 1991. Importance and application of the mutant „Diamant” in spring barley breeding. *Plant Mutation Breeding for Crop Improvement, Proc. of a Symp., IAEA, 18–22 June, Vienna*: 127 — 133.
- Caliński T., Dyczkowska A., Kaczmarek Z. 1976. Testowanie hipotez w wielozmiennej analizie wariancji i kowariancji. *Algorytmy Biometrii i Statystyki, Zeszyt 5*: 77 — 113.
- Ceranka B., Chudzik H., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. Wielozmienna analiza wariancji dla doświadczeń wieloczynnikowych. *Algorytmy Biometrii i Statystyki, Zeszyt 6*: 51 — 60
- 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. 1997. *Agrotechnika i Wykorzystanie Jęczmienia, Seminarium Naukowe. Puławy, 23–24 października 1997*: 41 — 48.
- Doliński R. 1995. Zmienność, odziedziczalność i współzależność właściwości mechanicznych i cech morfologicznych źdźbła pszenicy zwyczajnej (*Triticum aestivum* L.) warunkujących odporność na wyleganie. *AR Lublin, Seria Wydawnicza — Rozprawy Naukowe* 177: 1 — 68.
- Dziamba S., Rachoń L. 1988. Zróżnicowanie elementów struktury plonu nagoziarnistych i oplewionych odmian jęczmienia jarego uprawianych w siewie czystym i mieszanym. *Biul. IHAR* 167: 79 — 85
- Eslick R. F., Blake T., Stallknecht G. 1990. Registration of Wanubet a hull-less waxy barley germplasm. *Crop Sci.* 30 (6): 1371.

- Górny A. 2004. Zarys Genetyki Zbóż (Zarys Genetyki Jęczmienia), IGR PAN, Poznań. Tom1: 15 – 142.
- Gustafsson A., Hagberg A., Persson G., Wiklund K. 1971. Induced mutations and barley improvement. Theoret. Appl. Genet., 41: 239 — 241.
- Ito M., Ishikawa N., Domon E., Dol Y., Katayama T., Kamio M., Kato L., Yoshikawa R., Tsutsumi T. 1995. „Ichibanboshi”. A new released naked barley cultivar. Bulletin of the Shikoku National Agricultural Experiment Station 59: 109 — 121.
- Jeżowski S. 1981. Variation, correlation and heritability of characters determining lodging in spring barley. III. Analysis of relationship between lodging grade and selected morphological and physical indices of the stem. Genetica Polonica 22/2: 149 — 162.
- Jeżowski S. 1991. Analiza dialleliczna cech morfologicznych źdźbła. Hod. Rośl.Nasien. 3: 6 — 10.
- Jeżowski S. 1996. Analiza genetyczna cech warunkujących odporność na wyleganie. Biul. IHAR 200: 169 — 173.
- Lundqvist U. 1991. Coordinator's report earliness genes. Barley Genetics Newsletter 21:127 — 129.
- Matsuo T., Yamagushi H. 1967. Studies on the mutation breeding in Japan. Erwin Baur Ged. Vorl., 4: 3 — 17.
- Nilan R. A. 1972. Induced mutations and winter barley improvement. In: Induced Mutations and Plant Improvement. IAEA, Vienna: 349 — 351
- Paris R. L. 1999. Development of hullless varieties as an improved feed crop. Barley Newsl., 43: 30.
- Persson G., Hagberg A. 1969. Induced variation in quantitative character in barley. Morphology and cytogenetics of erectoides mutants. Hereditas 61: 115 — 178.
- Persson G. 1998. Hullless barley in future plant husbandry. Sverige Utsadesforenings Tidskrift 108: 35 — 45.
- Rosnagel B. G., Harvey B. L., Bhatti R.S. 1985. Tupper hulls barley. Can. J. Plant. Sci. 65: 453 — 454
- Rybiński W. 1981. Short-straw forms of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) obtained as a result of MNUA-induced mutations. Genet. Pol. 22 (3): 271 — 287.
- Sümer S. 1996. Effects of radiation and some chemical mutagens (EMS, NaN₃) on the yield and some morphological characters of barley (*Hordeum vulgare* L.). Journal of Biology 20(3): 181 — 200.
- Thair M., Shevtsov V. 1994. New hull-less barley germplasm for high – altitude areas. Rachis 13 (1/2): 43 — 46.
- Thakur J. R., Sethi G.S. 1995. Mutagenic interaction of gamma rays with EMS and NaN₃ in barley (*Hordeum vulgare* L.). Crop Research 9 (2): 303 — 308.
- Tsuchiya T., Singh R. J. 1973. Further information on telotrisomic analysis in barley. Barley Genet. Newsl. 3: 75 — 78.
- Uhlik J. 1991. Induction of mutants of barley suitable for breeding barleys for fodder and food. Genetika a Slechteni 27 (4): 259 — 267.
- Vaidya S. M., Mahabalan M. 1989. Karan 3 and Karan 16 -two high yielding hull-less barley varieties. Indian Farming 39 (7): 37 — 38.
- Xue Q., Wang L., Newman R. K., Newman C.W., Graham H. 1997. Influence of hullless, waxy starch and short-awn genes on the composition of barleys. J. of Cereal Sci. 26(2): 251 — 257.
- Zenisceva L. S. 1968. Heritability of quantitative characters determining lodging resistance in plants. Selskoh. Biologija 3: 790 — 794.
- Zheng G. H., Bhatti R. S. 1998. Enzyme — assisted wet separation of starch from other seed components of hull-less barley. Cereal Chemistry 72 (2): 247 — 250.

IVANA JEŽÍŠKOVÁ

JAN BEDNÁŘ

HANA NEVIMOVÁ

VLASTA WEGSCHIEDEROVÁ

Mendel University of Agriculture and Forestry in Brno, Czech Republic

Using SSR markers for genetic diversity testing in barley genotypes with different sensitivity against Fusarium Head Blight*

Zastosowanie markerów SSR do testowania genetycznego zróżnicowania genotypów jęczmienia o różnej wrażliwości na fuzariozę kłosa

Fuzarioza kłosa (FHB) jest groźną chorobą zbóż szeroko rozpowszechnioną na całym świecie, wywoływaną przez grzyby z rodzaju *Fusarium* (*F. culmorum*, *F. graminearum* i in.). Porażenie jęczmienia tą chorobą może powodować nie tylko obniżkę plonu ale i akumulację w ziarnie niebezpiecznych wtórnych metabolitów grzyba — mykotoksyn (np. deoksyniwalenolu — DON). Nagromadzone mykotoksyny niekorzystnie wpływają na bezpieczeństwo żywności i obniżają jakość technologiczną ziarna. Celem badań było przetestowanie obecności markerów mikrosatelitarnych SSR (prostych powtórzonych sekwencji DNA) w siedmiu genotypach jęczmienia jarego (z określoną odpornością lub wrażliwością na FHB). Zbadano następujące formy: Chevron, Zao Zhou 3, PEC210, CI4196, 6NDRFG-1 (genotypy odporne) oraz PI383933 i Foster (genotypy wrażliwe). Wyniki zostaną wykorzystane do testowania 22 linii DH wytworzonych po skrzyżowaniu ww. genotypów w kombinacjach odporny × wrażliwy. Dotychczas przebadano genotypy rodzicielskie przy użyciu 35 markerów SSR z ogólnej liczby wybranych 60; 29 z tych markerów wykazało polimorfizm. Pozostałych sześć było monomorficznych i nie znajdują one zastosowania przy testowaniu linii DH. Częściowe wyniki analiz opracowano w formie binarnej macierzy i przekształcono w dendrogram charakteryzujący podobieństwo genetyczne analizowanych genotypów.

Słowa kluczowe: Fuzarioza kłosa, FHB, jęczmień, mikrosatelity, SSR

Fusarium Head Blight (FHB) or scab is a devastating disease of cereals widely spread all over the world and is caused by members of the genus *Fusarium* (*F. culmorum*, *F. graminearum*, and other ones). The FHB infection of barley may result in lower yields and in the accumulation of dangerous secondary metabolites of fungi — mycotoxins in the kernels (e.g. deoxynivalenol, DON). The accumulated mycotoxins have a negative effect on the safety and technological quality of the grain. The objective of the study was to test 7 parental genotypes of spring barley (with a recognised resistance

* The work was supported by the FRVS CR No. 583/2005/G4

or susceptibility to FHB) with SSR markers (Simple Sequence Repeats). We tested the following parental genotypes: Chevron, Zao Zhou 3, PEC210, CI4196, 6NDRFG-1 (resistant genotypes), and PI383933 and Foster (susceptible genotypes). The results of the analyses will be used to test 22 DH lines, which were derived after crossing the tested parental genotypes (resistant $\times$ susceptible). By now, a total of 35 SSR markers of parental genotypes were tested out of the total number of 60 selected microsatellite markers; 29 of the tested SSR markers showed a polymorphous character in the parental genotypes. The remaining 6 ones were monomorphous and will not be used to test the DH lines. Partial results of the analyses were elaborated into the form of a binary matrix and transformed into the form of a dendrogram, which characterised genetic affinity of the tested genotypes.

Key words: FHB, barley, microsatellites, SSR

INTRODUCTION

Fusarium Heat Blight (FHB), or scab, is a worldwide spread fungus disease of cereals caused by some species of the genus *Fusarium* (*F. graminearum*, *F. culmorum*, and other ones). During vegetation the FHB may considerably reduce yields. The pathogenic fungi disturb normal development of grain, not only reducing yields. The colour of the infected grain is irregular, the grain is wrinkled, its shape is deformed and the size differentiated. The *Fusarium* species, are also effective producers of dangerous mycotoxins — products of secondary metabolism. Such contaminants accumulated in the kernel may affect safety as well as quality of the end products in food production. Deoxynivalenol (DON), or vomitoxin, is a typical *Fusarium* mycotoxin; contamination with this toxin may cause undesirable excessive foaming of beer, so-called gushing (Capettini *et al.* 2003). Furthermore, consumption of products containing a high level of DON may seriously damage the human or animal digestive tract or immune system.

The most efficient protection against FHB are integrated cultivation measures, application of fungicides, or breeding and introduction of new resistant varieties (Steffenson, 2003). However, breeding of the new resistant improved genotypes is not simple. Resistance to FHB was found to be a complex property genetically determined by loci with a relatively low effect and variable level of the effect of environment (Kolb *et al.* 2001). A very important finding was the association between FHB resistance and the morphological character — number of rows of an ear. Two-rowed barley generally has a higher level of FHB resistance than six-row barley (Heta & Hiura 1963; Takeda & Heta 1989).

One possibility of identifying FHB resistant genotypes and thus supporting the deriving of new more resistant genotypes is to use molecular markers in a breeding programme (Zhu *et al.* 2001; Armstrong *et al.* 2001; Mueller and Wolfenbarger 1999). Micro-satellites, a type of DNA markers, appear suitable for this purpose.

MATERIAL AND METHODS

Seven genotypes of spring barley with recognised resistance or susceptibility to FHB were tested using SSR markers (Tab. 1) in order to select. Parent genotypes crossing and production of DH lines.

Table 1

Origin and characterisation of the initial parents
Pochodzenie i charakterystyka form rodzicielskich

Variety / Line Odmiana / Linia	Pedigree Pochodzenie	Country Kraj	FHB reaction Reakcja na FHB	Row no. Liczba rzędów kłosa
Chevron	Clho 1111 (PI38061) = Landrace from Luzerne	CHE	resistant odporna	6
PEC210	Embrapa 128	BRA		2
CI4196	PI 64275 (hang wang ta mai) = Landrace from Beijing	USA		2
ZAO ZHOU 3	Cultivar in East China, Zhejiang University, Hangzhou	CHIN	medium resistant średnio odporna	2
6NDRFG-1	PI 615583; North Dakota Agric. Experiment Station, USA	USA		6
Foster	Robust/ 3/ Hanzen/Glenn/Karl	USA	susceptible	6
PI383933	Kanto Nijo2= Ko. 1018/Kyoto Nakate from Japan	USA	wrażliwa	6

Genomic DNA was isolated from seedlings (6 days old) using the Dneasy Plant Mini Kit isolation kit (Qiagen, GE). The DNA concentration was assessed using spectrophotometry.

We analysed 35 primer pairs. The primers were selected to cover the whole genome uniformly. The “forward” primers, intended for liquid electrophoresis, were marked with fluorescence marks (VIC, NED, 6-FAM, PET). The reaction mixture for PCR, total volume 25 µl, contained 0.5 U of *Taq* polymerase (Promega, USA), 1x aliquot buffer, 0.1 mM of each dNTP, 0.3 M of each primer and 30 ng of template DNA. The reaction conditions of PCR – initial denaturation 2 min. at 93°C, then 30 cycles – denaturation 1 min. at 93°C, annealing 2 min. at 54°C, elongation 2 min. at 72°C.

Separation of PCR products:

- Horizontal electrophoresis – 30% non-denaturation PAA gel in TBE buffer followed by colouring with silver (0.2% AgNO₃) and SYBR Gold (Molecular Probes, USA), ELFO determined at 300V,
- Vertical electrophoresis: 3.5% MetaPhor agarose gel in TAE buffer (MetaPhor agarose (Cambrex, USA): agarose (Serva, USA) ratio was 2:1), followed by colouring with ethidium bromide, ELFO determined at 78V,
- Liquid electrophoresis – assessed on the ABI PRISM – AVANT Genetic Analyzer (Applied Biosystems, USA), fluorescent fragment analyses at the polymer POP4.

The resulting electrophoreograms were converted to binary matrices represented by the presence (1) or absence (0) of resulting alleles and then evaluated by means of statistical software FreeTree version 9.1 using the UPGMA dendrogram construction method and

similarity coefficient according to Jaccard. The software TreeView version 1.6 was used for the graphical expression of the matrix.

RESULTS AND DISCUSSION

Seven parental spring barley genotypes were analysed by means of microsatellite markers. A total number of 35 microsatellite markers were tested, of which 29 were a polymorphic and provided 93 alleles. The remaining 6 SSR markers had a monomorphous character and were not used for testing of the prepared DH lines. Two SSR markers were found (Bmac139, Bmag131), which enable to differentiate susceptible and resistant genotypes. Results of the analyses were statistically evaluated and converted to dendrograms, which characterise genetic variability of the tested genotypes (Fig. 1). The dendrogram shows differentiation of the analysed genotypes distributed into 3 main groups. The first group are genotypes Chevron and PEC210, in literature recognised as resistant genotypes, the second group are genotypes CI4196, Zao Zhou 3 and 6NDRFG-1, validated in literature as medium resistant or resistant. The same group also includes the genotype Foster, which is declared in literature rather as a susceptible genotype. The last independent clade consists of the line PI383933, defined in literature as susceptible.

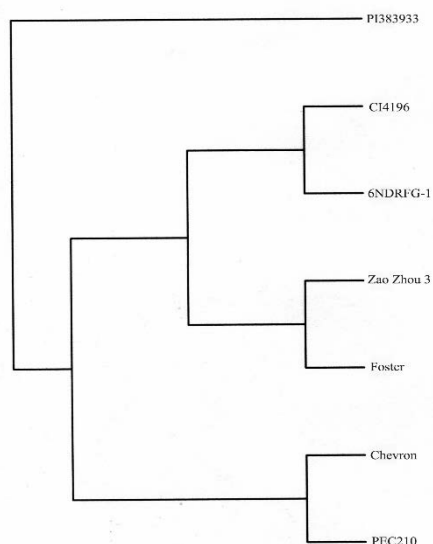


Fig. 1. Dendrogram characterising genetic affinity of the tested genotypes of spring barley
Rys. 1. Dendrogram charakteryzujący podobieństwo genetyczne badanych genotypów jęczmienia jarego

We compared various methods of detection of the SSR markers: the assessment of SSR markers on MetaPhor agarose gels coloured with ethidium bromide (Fig. 2), on PAA gels coloured with silver (Fig. 3 a) and SybrGold (Fig. 3 b) and assessment of the SSR markers on capillary electrophoresis (Fig. 4). All the abovementioned methods can be used for the

detection of polymorphism of microsatellite markers. Liquid electrophoresis provides the most accurate assessment of SSR markers.

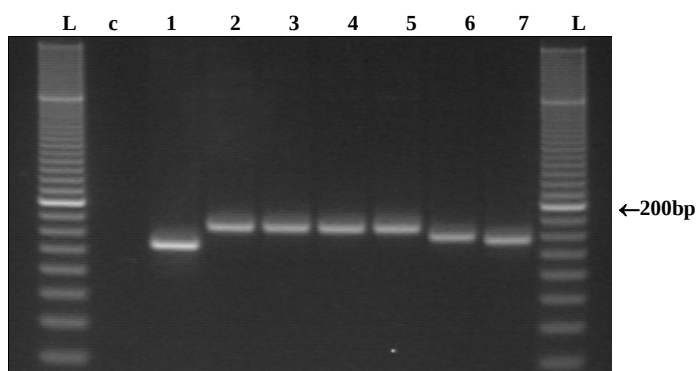


Fig. 2. MetaPhor agarose gel coloured with ethidium bromide — electrophoreogram of SSR products of the Bmag518 marker; (L) — 20 bp DNA ladder (Cambrex, USA), (c) — negative control, (1) — Chevron, (2) — PEC210, (3) — Zao Zhou 3, (4) — 6NDRFG-1, (5) — CI4196, (6) — Foster, (7) — PI383933

Rys. 2. Żel agarozowy MetaPhor barwiony bromkiem etydy — elektroforegram produktów SSR dla markera Bmag518; (L) – wzorzec DNA z interwałem 20bp (Cambrex, USA), (c) – kontrola negatywna, (opisy szczegółowe jak w tekście angielskim)

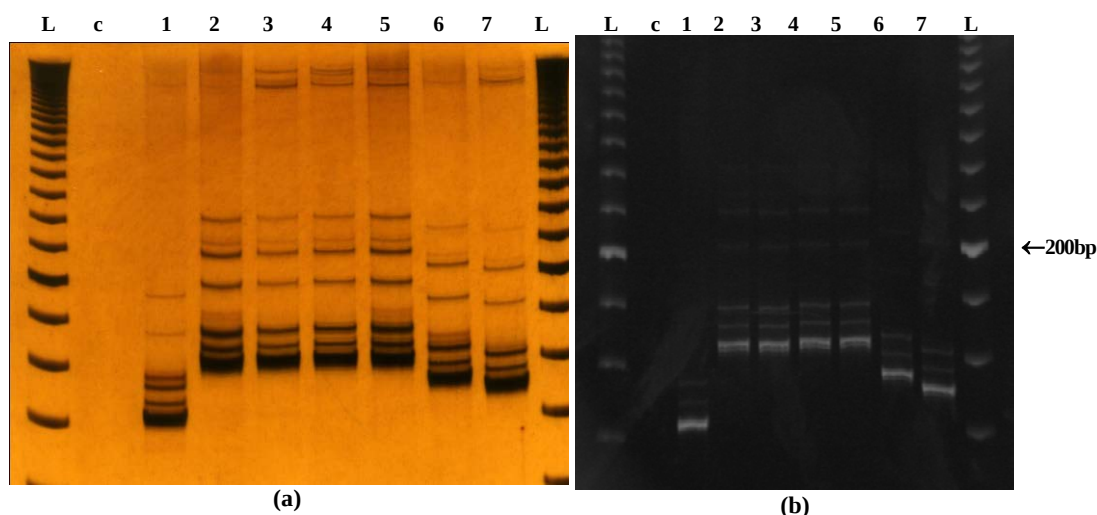


Fig. 3. (a) PAA gel coloured with silver, (b) PAA gel coloured with SybrGold — electrophoreograms of SSR products of the Bmag518 marker; (L) — 20bp DNA ladder (Cambrex, USA), (c) — negative control, (1) — Chevron, (2) — PEC210, (3) — Zao Zhou 3, (4) — 6NDRFG-1, (5) — CI4196, (6) — Foster, (7) — PI383933

Rys. 3. (a) Żel poliakrylamidowy barwiony srebrem, (b) żel poliakrylamidowy barwiony złotem (SYBRGold) – elektroforegramy produktów SSR dla markera Bmag518 (opisy szczegółowe jak w tekście angielskim)

The assessment with vertical electrophoresis on PAA gels is a less accurate method, but sufficiently sensitive. As a convenient method of DNA visualisation on gels we recommend staining with silver rather than colouring with SybrGold, it appears to be more sensitive and also makes the preservation of gels possible. The tested methods showed that the least sensitive method of detection of SSR markers was analysis on horizontal electrophoresis on MetaPhor agarose gels. However, this method is undemanding and can be considered as an alternative in all cases where more accurate vertical electrophoresis or liquid electrophoresis is not available.

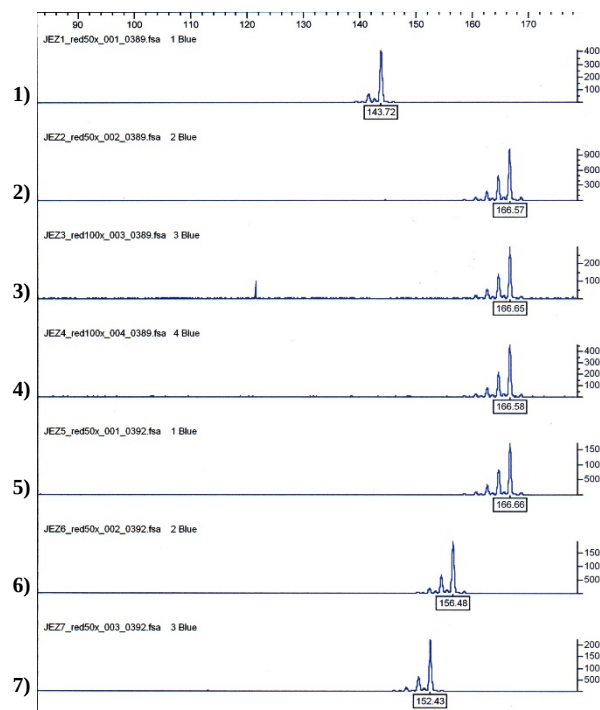


Fig. 4. Result of analysis with capillary electrophoresis — SSR products of the Bmag518 marker;—
Chevron, (2) — PEC210, (3) — Zao Zhou 3, (4) — 6NDRFG-1, (5) — CI4196, (6) — Foster, (7) —
PI383933

Rys.4. Wynik analizy elektroforezą kapilarną — produkty SSR dla markera Bmag518 (opisy
szczegółowe jak w tekście angielskim)

REFERENCES

- Armstrong K., Ho K. M., Fedak G., Martin R., Butler G., Savard M., Xue A., Langille L., Sabo F., Kuc M., Burville M. 2001. A study to identify molecular markers for Fusarium Head Blight in six-row barley. In: Proc 2nd Canadian Workshop on Fusarium head blight, 3–5 November 2001: 22 — 25.
- Cappetini F., Rasmusson D. C., Dill-Macky R., Schiefelbein E., Elakkad A. 2003. Inheritance of resistance to Fusarium Head Blight in four population of barley. Crop. Sci. 43: 1960 — 1966.

- Kolb F. L., Bai G. H., Muehlbauer G. J., Anderson J. A., Smith K. P., Fedak G. 2001. Host plant resistance genes for Fusarium Head Blight: mapping and manipulation with molecular markers. *Crop Sci.* 41: 611 — 619.
- Heta H., Hiura U. 1963. Varietal differences in resistance to head blight, *Giberella zeae* (Schw.) Pech. Studies on the disease-resistance in barley. XIII. *Nogaku Kenkyu* 49: 177 — 187.
- Mueller U. G., Wolfenbarger L. L. 1999. AFLP genotyping and fingerprinting. *Trends in Ecology and Evolution*, 14, 10: 389 — 394.
- Takeda K., Heta H. 1989. Establishing the testing method and a search for the resistant varieties to Fusarium Head Blight in barley. *Jpn. J. Breed.* 40: 203 — 216.
- Steffenson B. J. 2003. Fusarium Head Blight: Impact, epidemics, management and strategies for identifying and utilizing genetic resistance. In: Leonard, K. J. and Bushnell, W. R. (ed): *Fusarium Head Blight of wheat and barley*, APS Press, St. Paul, Minnesota, USA: 241 — 296.
- Zhu Z., Cao W., Lu W., Fedak G., Armstrong K. 2001. Identification of AFLP marker for Fusarium Head Blight resistance in wheat. In: *Proc 2nd Canadian Workshop on Fusarium Head Blight*, 3–5 November 2001: 44 — 45.

TOMASZ WARZECHA**HALINA GÓRAL**Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza w Krakowie

Zdolność kombinacyjna linii cms oraz rodów i odmian pszenżyta pod względem podatności na zgorzel siewek wywołaną *Fusarium culmorum*

Combining ability of cms lines, strains and cultivars of triticale for susceptibility to seedling blight caused by *Fusarium culmorum*

Badano podatność 4 męskosterylnych linii pszenżyta, 5 rodów i odmian ojcowskich oraz 20 mieszańców F₁ otrzymanych z krzyżowania tych form w układzie czynnikowym, na zgorzel siewek wywołaną przez *Fusarium culmorum*. Ziarniaki inokulowano izolatem IPO348-01 pochodzącym z Instytutu Ochrony Roślin w Wageningen w Holandii. Pojedyncze izolaty *F. culmorum* hodowano na pożywce PDA (Potatoe Dextrose Agar-Sigma) na płytkach Petriego. Inkubację prowadzono w stałych warunkach laboratoryjnych przez 7 dni w temperaturze 22°C. Mieszańce F₁ charakteryzowały się średnio nieco mniejszym porażeniem liści niż rodzice i podobnym porażeniem korzeni. Wykazano istotną korelację między stopniem porażenia liści u mieszańców a ogólną wartością kombinacyjną (GCA) rodziców, co świadczy o możliwości typowania komponentów rodzicielskich pod kątem większej odporności na podstawie GCA. Porażenie siewek zależało jednak w większym stopniu od swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) par rodzicielskich niż GCA rodziców. Współczynniki korelacji między porażeniem liści i korzeni u mieszańców a efektami SCA par rodzicielskich były dodatnie i statystycznie istotne (odpowiednio $r = 0,642^{**}$ i $0,881^{**}$). Wyniki wskazują, że poziom odporności u mieszańców był kształtowany także w wyniku nieaddytywnego działania genów i sama wartość GCA rodziców może być zawodna w przewidywaniu ich odporności na *F. culmorum*.

Słowa kluczowe: *Fusarium culmorum*, GCA, SCA, pszenżyto, siewki

The following triticale genotypes were examined for susceptibility to *fusarium* seedling blight: 4 male sterile lines, 5 male fertile genotypes and 20 F₁ hybrids received from crosses between parental genotypes in factorial design. Grains of triticale were inoculated with isolate IPO 348-01 originated from Institute of Plant Protection, Wageningen. Single isolates of *Fusarium culmorum* were cultivated on the PDA medium (Potato Dextrose Agar-Sigma) on Petri dishes. The inoculated grains were incubated for 7 days at 22°C. The hybrids showed average lower leaf infection score and similar root infection score in relation to the parents. Significant correlation coefficient between leaf infection score of hybrids and GCA of parents was proved, it gives opportunity to select parental components towards

higher resistance on the GCA base. Seedling infection was more dependant on SCA of parental couples then on GCA of the parents. Correlation coefficients between leaf and root infection of hybrids and SCA effects of parental couples were positive and significant (respectively $r=0,642^{**}$ and $0,881^{**}$). The received results indicated out that resistance level of hybrids to *F. culmorum* was also dependant on nonadditive gene effects and prediction based only on GCA of parents could be not reliable enough.

Key words: *Fusarium culmorum*, GCA, SCA, triticale

WSTĘP

Odmiany mieszańcowe oprócz wyrównania i plenności mogą charakteryzować się także zwiększoną odpornością na choroby. Jeżeli odporność warunkowana jest allelami dominującymi wystarczy, aby jeden z komponentów rodzicielskich był odporny. Przy odpowiednim doborze komponentów mieszańca odpornych na różne choroby możliwe jest uzyskanie kompleksowej odporności odmiany mieszańcowej na kilka chorób. Znajomość podatności form rodzicielskich i mieszańców F_1 pszenżyta na choroby grzybowe z rodzaju *Fusarium* może być ważna dla hodowców ze względu na zainteresowanie możliwością hodowli odmian mieszańcowych. Do wytwarzania nasion mieszańcowych pszenżyta proponuje się wykorzystanie systemu cytoplazmatyczno-genowej męskiej sterility opartej na cytoplazmie *Triticum timopheevi* (Cauderon i in., 1985; Nalepa, 1990; Spiss i Góral, 1994; Warzecha i Salak-Warzecha, 2002). We wcześniejszych badaniach wykazaliśmy, że męskosterylne linie pszenżyta z cytoplazmą *T. timopheevi* charakteryzowały się większą podatnością siewek i korzeni na *F. culmorum* niż ich męskopłodne analogi z cytoplazmą *T. aestivum* (Warzecha i Góral, 2005). W doświadczeniach z próbnymi mieszańcami pszenżyta obserwowano jednak mimo bardzo dużego porażenia rdzą żółtą męskosterylną linią mateczną cms Grado 2 z cytoplazmą *T. timopheevi* odporność mieszańca pochodzącego z krzyżowania tej linii z odpornym komponentem ojcowskim (Woś i in., 2002).

Celem pracy było zbadanie podatności męskosterylnych linii matecznych, rodów hodowlanych, użytych jako formy ojcowskie i mieszańców F_1 na infekcję *Fusarium culmorum* w stadium siewek oraz oszacowanie ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej form rodzicielskich.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły 4 męskosterylne linie pszenżyta: cms 19 B₁₂, cms Grado 2 B₁₇, cms Purdy 5/5 B₁₀, cms Salvo 15/1 B₁₇, 5 form ojcowskich: Danko 127, Danko 185, Danko 601, Danko 225 i Pronto oraz 20 mieszańców F_1 otrzymanych z krzyżowań tych form w układzie czynnikowym.

Ziarniaki inokulowano *F. culmorum*, izolatem IPO348-01, pochodzącym z Instytutu Ochrony Roślin w Wageningen w Holandii. Pojedyncze izolaty *F. culmorum* hodowano na pożywce PDA (Potatoe Dextrose Agar-Sigma) na płytkach Petriego. Inkubację prowadzono w stałych warunkach laboratoryjnych przez 7 dni w temperaturze 22°C.

Ocenę podatności linii pszenżyta na zgorzel siewek powodowaną przez *Fusarium culmorum* przeprowadzono w komorze fitotronowej. Doświadczenie założono w układzie

całkowicie losowym w trzech powtórzeniach. Badano 50 siewek w każdym powtórzeniu. Ziarniaki dezynfekowano powierzchniowo 3% NaClO przez 3 minuty, przemywano sterylną wodą, a następnie moczone przez 24 godziny w wodzie sterylnej. Po tym czasie wykładano je na krążki pożywki PDA o średnicy 4 mm przerośniętej kulturą grzyba. Szalki z inokulowanymi oraz nieinokulowanymi ziarniakami, stanowiącymi kontrolę, przenoszono do szafy fitotronowej, gdzie pozostawały przez siedem dni w temperaturze 22°C/20°C (dzień/noc), oświetleniu 10000 lx, fotoperiodzie 12h/12h i wilgotności 100%. Po tym czasie dokonano oceny stopnia porażenia korzenia i liścia siewek w pięciostopniowej skali, opisaną przez Chełkowskiego i Mańkę (1983), gdzie 1 oznacza bardzo słabe porażenie, 2 — słabe, 3 — średnie, 4 — duże, 5 — bardzo duże. Otrzymane wyniki poddano jednoczynnikowej analizie wariancji według modelu stałego. Zmienność obiektów została podzielona na zmienność rodziców, mieszańców i kontrast rodzice-mieszańce. Zmienność mieszańców podzielono na zmienność ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) matek i ojców oraz swoistą zdolność kombinacyjną (SCA) form rodzicielskich. Oszacowania efektów GCA i SCA dokonano zgodnie z czynnikiemowym układem krzyżowań (Ubysz-Borucka i in., 1985).

WYNIKI I DYSKUSJA

Stwierdzono wysoce istotne zróżnicowanie stopnia porażenia liści i korzeni u rodziców i mieszańców (tab. 1). W kombinacji kontrolnej nieinokulowanej, gdzie ziarniaki sterylizowano w sposób identyczny jak w kombinacji inokulowanej, nie stwierdzono porażenia, co pozwoliło na wyeliminowanie wpływu innych czynników infekcyjnych niż szczep *Fusarium culmorum* na porażenie badanych obiektów.

Tabela 1

Analiza wariancji porażenia liści i korzeni przez *F. culmorum*
Analysis of variance of root and leaf infection score caused by *F. culmorum*

Źródło Source	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares	
		liście —leaves	korzenie — roots
Rodzice — Parents	8	2,27**	1,13**
Rodzice/mieszańce — Parents vs. hybrids	1	2,67**	0,20
Mieszańce — Hybrids	19	1,06**	0,76**
Matki — Females (GCA) ¹	3	1,73**	0,47**
Ojcowie — Males (GCA) ¹	4	1,63**	0,53**
SCA ²	12	0,70**	0,91**
Błąd — Error	58	0,05	0,06

¹ GCA — Ogólna wartość kombinacyjna; General combining ability

² SCA — Swoista wartość kombinacyjna; Specific combining ability

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

Zróżnicowaną reakcję odmian i materiałów hodowlanych na infekcję wywołaną przez *Fusarium culmorum* wykazano wcześniej u pszenżyta (Oettler i in., 2004; Warzecha i Góral, 2005) i innych gatunków zbóż (Gray i Mahere, 1988; Wiśniewska i Chełkowski, 1997; Wiśniewska i Kowalczyk, 2004). Istotny kontrast rodzice-mieszańce w przypadku porażenia liści świadczy o występowaniu przeciętnej heterozji u mieszańców. Mieszańce

charakteryzowały się jednak niewiele mniejszym porażeniem liści i podobnym jak u rodziców porażeniem korzeni (tab. 2).

Tabela 2

Średnie porażenie liści i korzeni u rodziców i mieszańców oraz efekty ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej
Root and leaf infection score mean values of the parents and hybrids and GCA, SCA effects

Obiekt Entry	Liście — Leaves		Korzenie — Roots	
	średnia — mean ¹	GCA ²	średnia — mean ¹	GCA ²
Matki Females				
Cms 19 (f ₁)	0,4	-0,47**	3,2	-0,26**
Cms Grado 2 (f ₂)	2,3	0,24**	4,4	0,07
Cms Purdy 5/5 (f ₃)	2,2	0,26**	3,7	0,13*
Cms Salvo 15/1 (f ₄)	0,6	-0,02	3,1	0,07
Średnia — Mean	1,4		3,6	
Ojcowie Males				
Danko 127 (m ₁)	0,6	-0,51**	3,1	-0,26**
Danko 185 (m ₂)	1,7	-0,21**	3,5	0,06
Danko 601 (m ₃)	2,7	0,42**	4,5	0,25**
Danko 225 (m ₄)	1,2	0,04	3,1	0,13*
Pronto (m ₅)	0,6	0,26**	2,7	-0,16*
Średnia — Mean	1,4		3,4	
Mieszańce Hybrids				
		SCA ³		SCA ²
f ₁ × m ₁	0,7	0,69**	3,6	0,76**
f ₁ × m ₂	0,4	0,09	3,6	0,41**
f ₁ × m ₃	0,6	-0,34**	3,1	-0,28**
f ₁ × m ₄	0,6	0,01	3,0	-0,23*
f ₁ × m ₅	0,3	-0,45**	2,3	-0,67**
f ₂ × m ₁	0,6	-0,12	3,1	-0,10
f ₂ × m ₂	1,3	0,31**	3,3	-0,19
f ₂ × m ₃	1,3	-0,35**	3,3	-0,35**
f ₂ × m ₄	1,6	0,33**	4,3	0,71**
f ₂ × m ₅	1,3	-0,19	3,2	-0,07
f ₃ × m ₁	0,6	-0,17	3,3	0,07
f ₃ × m ₂	0,7	-0,37**	3,1	-0,42**
f ₃ × m ₃	2,3	0,60**	4,2	0,46**
f ₃ × m ₄	0,6	-0,66**	3,0	-0,59**
f ₃ × m ₅	2,1	0,62**	3,8	0,44**
f ₄ × m ₁	0,1	-0,39**	2,4	-0,74**
f ₄ × m ₂	0,7	-0,03	3,7	0,18
f ₄ × m ₃	1,5	0,08	3,8	0,15
f ₄ × m ₄	1,3	0,32**	3,7	0,11
f ₄ × m ₅	1,2	0,00	3,6	0,30**
Średnia — Mean	1,0		3,4	
NRI _(0,05) — LSD _(0,05)	0,36		0,42	

¹ 1 — Bardzo słabe; Very weak, 2 — Słabe; Weak, 3 — Średnie; Medium, 4 — Duże; High, 5 — Bardzo duże porażenie; Very high infection

² GCA — Ogólna wartość kombinacyjna; General combining ability

³ SCA — Swoista wartość kombinacyjna; Specific combining ability

** Istotne odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$; Significant at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Oettler i wsp. (2004) także nie wykazali znaczącej heterozji u mieszańców F_1 pod względem odporności na fuzariozę kłosa. Porażenie korzeni u rodziców i mieszańców było ponad dwukrotnie większe niż porażenie liści, podobnie jak w badaniach Warzecha i Góral (2005).

Zmienność ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej badanych form rodzicielskich była wysoce istotna (tab. 1) podobnie jak w badaniach Oettler i wsp. (2004). Średni kwadrat ogólnej zdolności kombinacyjnej matek i ojców był ponad dwukrotnie większy niż swoistej zdolności kombinacyjnej w przypadku porażenia liści i prawie dwukrotnie mniejszy w przypadku porażenia korzenia. Sugeruje to odmienny typ genetycznej zmienności, tj. przewagę addytywnej zmienności w przypadku odporności liści i nieaddytywnej w przypadku odporności korzeni na *F. culmorum*.

Liście i korzenie linii matecznych cms 19 i cms Salvo oraz odmiany ojcowskiej Pronto i rodu Danko 127 były w mniejszym stopniu porażane niż u innych form rodzicielskich. Linia cms 19 oraz rody Danko 127 i Danko 185 charakteryzowały się ujemnymi, istotnie różnymi od zera efektami GCA pod względem porażenia liści przekazując potomstwu większą odporność na *F. culmorum* (tab. 2). Większość mieszańców pochodzących z krzyżowania tych rodziców charakteryzowała się mniejszym porażeniem liści. Najmniejsze porażenie liści wystąpiło u mieszańca cms Salvo × Danko 127 dzięki ujemnym efektom GCA komponenta ojcowskiego i SCA tej pary rodziców. Największym porażeniem charakteryzowały się mieszańce form rodzicielskich wykazujących dodatnie efekty GCA i SCA, tj. cms Purdy × Danko 601 i cms Purdy × Pronto.

Tylko linia cms 19, ród Danko 127 i odmiana Pronto charakteryzowały się ujemnymi efektami GCA w przypadku porażenia korzeni, ale tylko dwa mieszańce (cms 19 × Pronto i cms Salvo × Danko 127) były bardziej odporne od pozostałych dzięki ujemnym efektom SCA tych par rodzicielskich (tab. 2). Niektóre mieszańce, np. cms 19 × Danko 127 wykazywały większą podatność niż można by się spodziewać na podstawie ujemnych efektów GCA z powodu dodatnich efektów SCA. Porażenie korzeni zależało w większym stopniu od SCA par rodzicielskich niż GCA rodziców i było największe, wtedy gdy formy rodzicielskie charakteryzowały się dodatnimi efektami GCA i SCA. Korelacja między stopniem porażenia liścia u mieszańców a efektami GCA matek i ojców była istotna ($r = 0,512^*$ i $0,566^*$), co świadczy o możliwości typowania komponentów rodzicielskich mieszańca pod kątem większej odporności na podstawie ich GCA. W przypadku porażenia korzeni nie wykazano takiej zależności. Oettler i in. (2004), badając odporność na fuzariozę kłosa w pokoleniu F_1 , pochodzącym z krzyżowania odmian i rodów pszenżyta, wykazali także możliwość prognozowania odporności mieszańców F_1 na fuzariozę kłosa na podstawie odporności rodziców. Autorzy wykazali ścisłą korelację między oceną porażenia mieszańców F_1 a średnim porażeniem rodziców oraz związek między porażeniem rodziców a ich efektami GCA.

Wysoce istotna korelacja między stopniem porażenia liści i korzeni a efektami SCA par rodzicielskich ($r = 0,642^{**}$ i $0,881^{**}$ odpowiednio) sugeruje jednak, że poziom odporności u mieszańców był kształtowany także w wyniku nieaddytywnego działania genów i sama wartość GCA rodziców może być zawodna w przewidywaniu odporności mieszańców na *F. culmorum*.

WNIOSKI

1. Stwierdzono wysoce istotne różnicowanie stopnia porażenia liści i korzeni przez *Fusarium* w stadium siewek u rodziców i mieszańców F_1 oraz ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej badanych form rodzicielskich.
2. Porażenie liści i korzeni mieszańców F_1 było mniejsze gdy przynajmniej jedna z form rodzicielskich charakteryzowała się ujemnymi efektami GCA przy ujemnych efektach SCA.
3. Istotna zmienność SCA i wyraźny związek między porażeniem siewek u mieszańców F_1 a efektami SCA par rodzicielskich uniemożliwia pełne przewidywanie odporności mieszańców na podstawie odporności rodziców.

LITERATURA

- Cauderon Y., Cauderon A., Gay G., Roussel J. 1985. Alloplasmic lines and nucleo-cytoplasmic interactions in triticale. In: Proc. Eucarpia meet. „Genetics and breeding of Triticale”. Clermont-Ferrand, France, INRA, Paris, 2–5 July 1984: 177 — 191.
- Grey W. E., Mathre D. E. 1988. Evaluation of spring barleys for reaction to *Fusarium culmorum* seedling blight and root rot. Can. J. Plant Sci. 68: 23 — 30.
- Nalepa S. 1990. Hybrid triticale: present and future. In: Proc. 2nd Int. Triticale Symp., Passo Fundo, Rio Grande do Sul, Brazil, 1–5 October 1990: 402 — 407.
- Oettler G., Heinrich N., Miedaner T. 2004. Estimates of additive and dominance effects for *Fusarium* head blight resistance of winter triticale. Plant Breeding 123 (6): 525 — 530.
- Spiss L., Góral H. 1994. Hodowla form męskosterylnych i przywracających płodność u pszenżyta. Zesz. Nauk. AR w Szczecinie, 162, ser. Rolnictwo 58: 243 — 246.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński S. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych. SGGW-AR, Warszawa.
- Warzecha T., Góral H. 2005. Podatność auto- i alloplazmatycznych linii pszenżyta na zgorzel siewek wywołaną przez *Fusarium culmorum* (W.G.Sm.) Sacc. Biul. IHAR 236: 109 — 113.
- Warzecha R., Salak-Warzecha K. 2002. Hybrid triticale — prospects for research and breeding — Part II: Development of male sterile lines. In: Proc. 5th Int. Triticale Symp., IHAR Radzików, Poland, 30 June — 5 July 2002, vol. I: 193 — 198.
- Wiśniewska H., Kowalczyk K. 2005. Resistance of cultivars and breeding lines of spring wheat to *Fusarium culmorum* and powdery mildew. J. Appl. Genet. 46 (1): 35 — 40.
- Wiśniewska H., Chełkowski J. 1997 b. Comparison of barley cultivars tolerance to frost and seedling blight. J. Appl. Genet. 38 B: 134 — 140.
- Woś H., Góral H., Woś B., Spiss L. 2002. Heterosis in winter triticale with *T. timopheevi* cytoplasm. In: Proc. 5th Int. Triticale Symp., IHAR Radzików, Poland, 30 June — 5 July 2002, vol. II: 311 — 315.

TOMÁŠ VYHNÁNEK¹JAN BEDNÁŘ¹WŁADYSŁAW KADŁUBIEC²¹ Mendel University of Agriculture and Forestry in Brno, Czech Republic² The Agriculture University of Wrocław, Poland

Polymorphism of grain storage proteins in triticale varieties registered in the Czech Republic*

Polimorfizm białek zapasowych ziarna w odmianach pszenżyta wpisanych do rejestru w Republice Czech

Analizowano polimorfizm białek zapasowych w 11 odmianach pszenżyta w Republice Czech, wykorzystując metodę PAGE ISTA (ISTA, 1999) i SDS PAGE (Laemmli, 1970). Ocena polimorfizmu białek zapasowych pozwoliła na zróżnicowanie indywidualnych odmian pszenżyta ze zbiorów uzyskanych w roku 2002 i 2003. Opierając się na współczynniku podobieństw (według Dice) wykryto, równolegle z genotypami, genotypy ze spektrum prolamin siostrzanych ze zróżnicowanym procentem uczestnictwa w poszczególnych latach. Jednolite spektrum zostało wykryte w następujących odmianach: Disco, Kolor, Lamberto, Marko, Presto, Sekundo, Ticino i Tricolor, natomiast odmiany Kitaro i Modus były formami dwuliniowymi. W 2003 roku trzy linie prolamin siostrzanych pojawiły się w odmianie Gabo, a w roku 2004 tylko dwie. W 2003 roku 5% domieszki obcego genotypu wykryto w odmianie Marko. Typowy w przypadku nieznanego genotypu był gliadin blok *Gld 1B3*, który jest markerem translokacji pszenno-żytniej T1BL1RS. Prolaminy białek z ziarna pszenżyta są odpowiednie do wykrycia różnorodności genetycznej i oszacowania odmianowej autentyczności, a także czystości w próbkach ziaren pszenżyta zarejestrowanych w Republice Czech. W odmianach pszenżyta: Presto, Sekundo, Tricolor, Ticino, Gabo, wykryto allele *Glu 1A2** i *Glu 1B 7+8*. W odmianach Kitaro, Marko i Disco stwierdzono allele *Glu 1A1*, *Glu 1B 7+8*. Heterogeniczny skład 1/2* w locus *Glu 1A* został wykryty w odmianach Kitaro i Sekundo (dwa ziarna w 2003 roku). W odmianach Kolor i Lamberto wykryto podjednostki HMW takie jak: *Glu 1A0* i *Glu 1B 7+8*. Jedynie w odmianie Modus stwierdzono allele *Glu 1A0* i *Glu 1B 6+8*.

Słowa kluczowe: białko zapasowe, elektroforeza, odmiana, pszenżyto

Genetic diversity was detected in 11 varieties of triticale registered in the Czech Republic by means of polymorphism of storage proteins using the PAGE ISTA method (ISTA, 1999) and SDS PAGE method (Laemmli, 1970). The polymorphism of storage proteins allowed the differentiation of the

* Supported by the Czech Science Foundation, Project No. 521/03/P173

individual triticale varieties of the 2002 and 2003 harvests. On the basis of Dice's calculations of coefficients of similarity we discovered, in parallel with the uniform genotypes, genotypes with sister prolamin spectrums with a different percentage of participation in the respective years. A uniform spectrum was detected in the following varieties: Disco, Kolor, Lamberto, Marko, Presto, Sekundo, Ticino and Tricolor; Kitaro and Modus were dimorphous varieties. In 2003 three sister prolamin lines appeared in the variety Gabo, and in 2004 only two. In 2003 a 5% admixture of a foreign genotype was detected in the variety Marko. Typical of the unknown genotype was the gliadin block *Gld 1B3*, which is the marker of wheat-rye translocation T1BL.1RS. The prolamin proteins of triticale grain are suitable for the detection of the genetic diversity and for the assessment of varietal authenticity and purity in seed samples of triticale varieties registered in the Czech Republic. The individual glutenin electrophoreograms were interpreted qualitatively by means of a catalogue of glutenin alleles for wheat (Payne & Lawrence, 1983). In the triticale varieties Presto, Sekundo, Tricolor, Ticino and Gabo the alleles *Glu 1A2** and *Glu 1B 7+8* were detected. In the varieties Kitaro, Marko and Disco the alleles *Glu 1A1* and *Glu 1B 7+8* were found. The heterogeneous constitution 1/2* on locus *Glu 1A* was detected in varieties Kitaro and Sekundo (two grains in 2003). In the varieties Kolor and Lamberto the *Glu 1A0* and *Glu 1B 7+8* of HMW glutenin subunits were found. Only in the variety Modus the alleles *Glu 1A0* and *Glu 1B 6+8* were found.

Key words: triticale, *X Triticosecale* Wittmack, storage proteins, electrophoresis

INTRODUCTION

Triticale (*X Triticosecale* Wittmack.) is an autogamous plant with a low share of cross-pollination (4–5%). This means that the majority of varieties are of the line type or a mixture of isogenic lines (Chloupek, 2000). A number of methods are now available for the detection of the genetic variability (diversity), e.g. morphological characteristics; analysis of pedigrees; biochemical markers, particularly proteins and their various isoenzyme variants; molecular (DNA) markers etc. The author's department has gained important experience in the area of detection of polymorphism of storage proteins of triticale grain, i.e. the alcohol-soluble fraction — prolamins (gliadins and secalins). Prolamin proteins are characterised by high polymorphism in comparison with HMW glutenin subunits and many authors detected them in a number of crops, e.g. wheat (*T. monococcum*, *T. spelta* and *T. aestivum*), barley (*H. vulgare*) and triticale (Šašek and Černý, 1996; Šašek *et al.*, 2000; Vyhnánek and Bednář, 2003). In comparison with other markers of genetic variability they have many advantages. There are not so dependent on environmental conditions as isoenzymes, and they are not dependent on the ontogenetic stage of the plant (Koch, 1998). Other markers of genetic variability, the importance of which is continually increasing, are DNA markers. These methods, however, are extremely costly in terms of material and instrumentation compared to the detection of polymorphism of prolamin proteins. Considering these aspects the polymorphism of storage proteins of grain is very suitable for the detection of the genetic variability of cereals.

The objective of the present study was to detect the genetic variability by means of spectrums of grain storage proteins (prolamins and HMW glutenin subunits) in triticale varieties registered in the Czech Republic.

MATERIAL AND METHODS

The polymorphism of storage proteins of grain was analysed in 10 winter forms and one spring form of triticale varieties (X *Triticosecale* Wittmack., $2n = 6x = 42$, AABBRR) registered in the Czech Republic. Mixed samples of certified seeds from the 2002 and 2003 harvests were obtained from the Central Control and Testing Agricultural Institute, testing station in Hradec nad Svitavou.

Electrophoresis analysis of prolamin proteins by means of vertical polyacrylamid electrophoresis of the firm Biometra was conducted according to the PAGE ISTA method (ISTA, 1999) and electrophoresis analysis of HMW glutenin subunits was conducted according to the SDS PAGE (Laemmli, 1970). From each genotype we analysed 105 (prolamins) and 44 (glutenins) randomly selected seeds, each one separately (one grain = one electrophoresis path). The resulting prolamin electrophoreographs were qualitatively interpreted using REM (relative electrophoresis mobility), where a protein variant with electrophoresis mobility was the reference band $REM = 55$. Quantitative evaluations were based on the intensity of colouring of the protein variants in the resulting electrophoresis spectrum. These prolamin spectrums were graphically processed using macro Žížala in MS Excel. The Bio 1D++ software (Vilber Lourmat, France) was used for statistical interpretation of the electrophoreographs, i.e. by calculation of Dice's coefficients of similarity and elaboration of a dendrogram. The individual glutenin electrophoreograms were interpreted qualitatively by means of a catalogue of glutenin alleles for wheat (Payne and Lawrence, 1983).

RESULTS AND DISCUSSION

Metakovsky and Branlard (1998) used prolamin proteins of wheat grain to explore the genetic diversity and to differentiate the French wheat varieties. Prolamin proteins were also used to detect the variability in 100 wheat varieties registered in Spain in the past 40 years (Metakovsky *et al.* 2000). Our present results in the detection of polymorphism of prolamin grain proteins enabled to differentiate all the 11 analysed triticale varieties (Fig. 1). The effect of the weather conditions of the respective year on the use of electrophoresis spectrums for verification of the varieties was not confirmed.

The occurrence of varieties with a uniform prolamin spectrum and genotypes with two and more sister prolamin lines dependent on the harvest year was discovered for example in wheat (Černý and Šásek, 1996), barley (Černý and Šásek, 1998, Šásek *et al.* 2000) and triticale (Vyhnánek and Bednář, 2000). A uniform electrophoresis prolamin spectrum was discovered in 8 tritital winter varieties (Presto, Kolor, Disco, Sekundo, Marko, Tricolor, Lamberto and Ticino) and it is the case of a one-line variety (Fig. 1). Two prolamin spectrums with different percentage of participation dependent on the year were detected in the remaining genotypes of winter triticale (Tab. 1). In our case the difference did not exceed $\pm 6\%$. In both years the electrophoresis spectrums were identical and were not influenced by the weather conditions of the year. In both years two prolamin spectrums were detected in the varieties Modus and Kitáro.

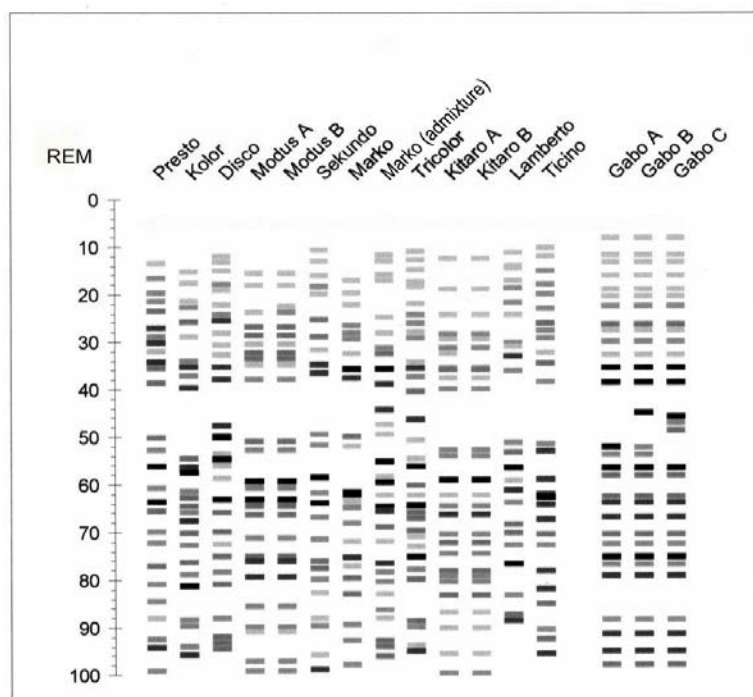


Fig. 1. Prolamin spectrums of triticale varieties

Table 1

Participation of sister prolamin lines (in %)			
Variety	Line	Year of harvest	
		2002	2003
Modus	A	73	70
	B	27	30
Kitaro	A	64	70
	B	36	30
Gabo	A	73	75
	B	23	25
	C	4	0

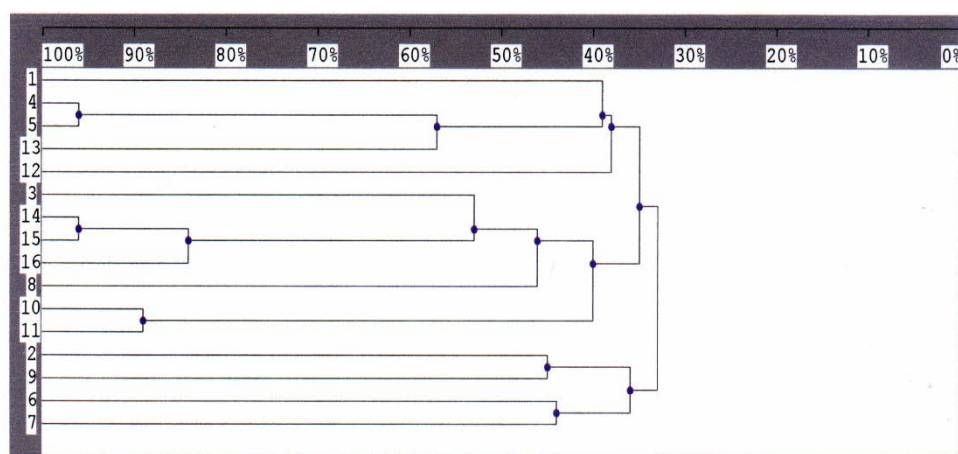
Based on Dice's coefficients of similarity and the dendrogram it is evident that this is a case of a sister prolamin line (Tab. 2, Fig. 2). On the basis of Dice's coefficient of similarity (0.38), in the variety Marko, where two prolamin spectrums were also discovered in the 2002 harvest, we can assume that it is an admixture of a foreign genotype in the seed sample. Typical of the admixture of the unknown genotype was the gliadin block *Gld 1B3*, which is the marker of wheat-rye translocation T1BL.1RS.

Table 2

Matrix of Dice's coefficients of similarity of prolamin spectrums of triticale using the Bio 1D++ software (P = 99%)

	L1	L2	L3	L4	L5	L6	L7	L8	L9	L10	L11	L12	L13	L14	L15	LL16
L1	1.00															
L2	0.28	1.00														
L3	0.41	0.37	1.00													
L4	0.33	0.36	0.37	1.00												
L5	0.39	0.35	0.36	0.96	1.00											
L6	0.26	0.38	0.30	0.34	0.33	1.00										
L7	0.39	0.34	0.29	0.33	0.44	0.44	1.00									
L8	0.31	0.30	0.47	0.24	0.23	0.32	0.38	1.00								
L9	0.43	0.45	0.42	0.32	0.34	0.28	0.33	0.27	1.00							
L10	0.38	0.38	0.41	0.41	0.43	0.43	0.39	0.40	0.40	1.00						
L11	0.34	0.37	0.40	0.36	0.38	0.38	0.34	0.36	0.39	0.90	1.00					
L12	0.39	0.28	0.35	0.23	0.22	0.29	0.31	0.28	0.30	0.32	0.28	1.00				
L13	0.42	0.34	0.35	0.58	0.61	0.36	0.39	0.26	0.40	0.32	0.28	0.35	1.00			
L14	0.40	0.43	0.54	0.32	0.34	0.41	0.49	0.42	0.41	0.44	0.36	0.33	0.44	1.00		
L15	0.39	0.45	0.56	0.38	0.37	0.40	0.51	0.41	0.43	0.39	0.32	0.36	0.43	0.97	1.00	
L16	0.33	0.45	0.52	0.31	0.33	0.37	0.47	0.44	0.43	0.36	0.29	0.29	0.39	0.84	0.82	1.00

Explanations: L1 — Presto, L2 — Kolor, L3 — Disco, L4 — Modus A, L5 — Modus B, L6 — Sekundo, L7 — Marko, L8 — admixture of variety Marko, L9 — Tricolor, L10 — Kitaro A, L11 — Kitaro B, L12 — Lamberto, L13 — Ticino, L14 — Gabo A, L15 — Gabo B, L16 — Gabo C



Explanations: 1 — Presto, 2 — Kolor, 3 — Disco, 4 — Modus A, 5 — Modus B, 6 — Sekundo, 7 — Marko, 8 — admixture of variety Marko, 9 — Tricolor, 10 — Kitaro A, 11 — Kitaro B, 12 — Lamberto, 13 — Ticino, 14 — Gabo A, 15 — Gabo B, 16 — Gabo C

Fig. 2. Dendrogram of similarity of prolamin spectrums of triticale using the Bio 1D++ software (Jaccard's coefficient, P = 99%)

This admixture was detected in the first year only and with all probability it is a genotype of hexaploid wheat. In the 2002 harvest three sister prolamin spectrums were detected in the spring triticale variety Gabo and two prolamin spectrums in the 2003 harvest (absence of line C). Based on Dice's coefficients of similarity and the dendrogram, the prolamin spectrum most similar to Disco is the prolamin spectrum of the variety Gabo, the only spring triticale variety registered in the Czech Republic.

When detecting polymorphism of storage proteins of triticale grain it was discovered that subunits of glutenin with high molecular weight had a lower level of polymorphism compared to the gliadin fraction (Vyhnánek & Bednář, 2000). On chromosome 1A we detected three alleles in homozygous state 0 (27%), 1 (27%), 2* (45%) (Tab. 3).

Table 3

Genetic interpretation of HMW glutenin subunits of triticale			
Variety	Chromosome		Glu score (Šašek <i>et al.</i> , 2000)
	1A	1B	
Gabo	2*	7+8	6
Disco	1	7+8	6
Lamberto	0	7+8	4
Kitaro ⁺	1 and 1/2*	7+8	6/6
Kolor	0	7+8	4
Marko	1	7+8	6
Modus	0	6+8	2
Presto	2*	7+8	6
Sekundo ⁺	2* and 1/2*	7+8	6/6
Ticino	2*	7+8	6
Tricolor	2*	7+8	6

⁺ Heterogeneous constitution — two grains in 2003

In 2003 heterozygous constitution 1/2* was discovered in two grains of varieties Kitaro and Sekundo. On chromosome 1B of triticale the cluster *Glu 1B 7+8* (91%) was dominant. The glutenin block *Glu 1B 6+8* (9%) was detected only in the variety Modus. Amiour *et al.* (2002) obtained the same results with varieties Ticino and Tricolor. An average to low level of the Glu score was calculated where the highest value in points was 6 (Gabo, Disco, Kitaro, Marko, Presto, Sekundo, Ticino and Tricolor), 4 (Lamberto and Kolor) and the lowest 2 (Modus). The information capacity of the Glu score in triticale is considerably affected by using point values of the Glu score for wheat (*Triticum aestivum* L.), i.e. by the absence of the D genome of wheat and presence of the genome R of rye in triticale. That is why it is important to discover the correlation between the technological quality of triticale and the genetic constitution of polymorphism of glutenins with VMH. Starovičová *et al.* (2003) drew the same conclusions with hard wheat (*T. durum*, genom AABB).

Electrophoresis spectrums of storage proteins were identical in both years and were not affected by the weather conditions of the year, confirming the results of a number of authors.

REFERENCES

- Amiour N., Bouguennec A., Marcoz C., Sourdille P., Bourgoïn M., Khelifi D., Branlad G. 2002. Diversity of seven glutenin and secalin loci within triticale cultivars grown in Europe. *Euphytica* 123: 295 — 305.
- Černý J., Šašek A. 1996. Bílkovinné signální geny pšenice obecné. ÚZPI, Praha: 62 s.
- Černý J., Šašek A. 1998. Metodiky pro zemědělskou praxi. Stanovení odrůdové pravosti pšenice a ječmene elektroforézou genetických markerů. ÚZPI, Praha: 60 s.
- Chloupek O. 2000. Genetická diverzita, šlechtění a semenářství, Academia: 311 s.
- ISTA — International Rules for Seed Testing. 1999. Chap. VIII. Verification of species and cultivars: 41 — 43 and 252 — 254.

- Koch G. 1998. Comparison of the efficiency of biochemical and molecular marker methods for the description of genetic diversity. Proc. symposium on the utilisation of genetic resources, Gatersleben: 49 — 54.
- Laemmli V. K. 1970. Cleavage of structural proteins during assembly of the head bacteriophage. *Nature*, 227: 680 — 685.
- Metakovsky E. V., Branlard G. 1998. Genetic diversity of French common wheat germplasm based on gliadin alleles. *Theoretical and Applied Genetics* 96: 209 — 218.
- Metakovsky E. V., Gomes M., Vazquez J. F., Carrillo J. M. 2000. High genetic diversity of Spanish common wheat as judged from gliadins alleles. *Plant Breeding* 119: 37 — 42.
- Payne P. I., Lawrence G. J. 1983. Catalogue of alleles for the complex gene loci, Glu-A1, Glu-B1 and Glu-D1, which code for high-molecular-weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. *Cereal Research Communications*, 11: 29 — 35.
- Starovičová M., Gálová Z., Knoblochová H. 2003. Identification of glutenin markers in cultivars of three wheat species. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding* 39: 51 — 58.
- Šašek A., Černý J., Sýkorová S., Bradová J. 2000. Inovované katalogy bílkoviných genetických markerů pšenice seté a ječmene. ÚZPI, Praha: 51 s.
- Vyhnánek T., Bednář J. 2000. Analysing the efficiency of the genesis gametocide in triticale (*X Triticosecale* Wittmack). *Folia Universitatis Agriculturae Stetinensis, Agricultura* (82), 206: 293 — 298.
- Vyhnánek T., Bednář J. 2003. Detection of the varietal purity in sample of harvested wheat and triticale grains by prolamin marker. *Plant, Soil and Environment* 49: 95 — 98.

HELENA KUBICKA
JERZY PUCHALSKI
MACIEJ NIEDZIELSKI,
WIESŁAW ŁUCZAK
ANNA MARTYNISZYN

Ogród Botaniczny — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN, Warszawa

Gromadzenie i ocena zasobów genowych żyta

Collecting and evaluation of genetic resources of rye

Żyto uprawne, pomimo tendencji zmniejszania się powierzchni jego uprawy, pozostaje nadal jedną z najważniejszych roślin zbożowych w Polsce. Największy udział w światowym areale jego uprawy przypada na Europę i Azję i głównie w tych rejonach występuje największa różnorodność genetyczna form żyta. Mając na uwadze konieczność gromadzenia i ochrony zmienności u tego gatunku, w Ogrodzie Botanicznym — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN od 33 lat gromadzone są w banku nasion oraz oceniane, dziko rosnące gatunki *Secale*, formy lokalne, odmiany uprawne i linie wsobne żyta. Łącznie kolekcja rodzaju *Secale* wynosi 2560 obiektów. W latach 1977–2004 poddano ocenie: 1166 form lokalnych, 772 odmian uprawnych i 352 linii wsobnych. Wszystkie obiekty kolekcji rodzaju *Secale* były reprodukowane w izolacji i charakteryzowane pod względem cech morfologicznych i fenologicznych. Zakres zmienności w obrębie odmian populacyjnych, form lokalnych i linii wsobnych żyta uprawnego był zróżnicowany, ale najwyższy dla 3 cech: wysokości roślin 30–200 cm, długości kłosa 4,0–14,8 cm i masy 1000 ziarniaków 10–58 g. Na podstawie tych obserwacji stwierdzono, iż zgromadzona kolekcja *Secale* stanowi cenne źródło zmienności cech, dla badań genetyczno-hodowlanych nad tym gatunkiem.

Słowa kluczowe: gromadzenie, ocena, różnorodność genetyczna, *Secale* ssp, zasoby genowe

The rye, despite the recent tendency to decrease the area of its cultivation, is still one of the most important crops in Poland being cultivated on 2 million hectares. The main regions of rye cultivation are Europe and Asia. In these regions the greatest variety of genetic forms of rye is recorded. Taking into account the necessity of collecting and evaluating rye genetic resources, the Botanical Garden – Centre for Biological Diversity Conservation of the Polish Academy of Sciences has focused for the last 30 years its interests on gathering in a gene bank and assessing wild species, local landraces, varieties and inbred lines of the genus *Secale*. The collection includes altogether 2 560 forms. The accessions were multiplied and reproduced in the isolated plots. They were evaluated for their morphological and phenological traits. In the years 1977–2004 1166 local landraces, 772 varieties and 352 inbred lines were characterized. The highest diversity was recorded for local landraces and inbred lines. Variability was lower in the rye varieties, in spite of their different origin. The highest levels of variability were recorded for height of plants, length of spikes and weight of 1000 grains, ranging 30–200 cm, 4–14.8 cm and 10–58 g, respectively. It has been concluded based on the data obtained that the collection represents a wide spectrum of genetic diversity, thus being a valuable source of forms to be used both in rye breeding and in scientific investigations.

Key words: collection, evaluation, genetic diversity, genetic resources, rye, *Secale* ssp.

WSTĘP

W wyniku niekorzystnych zmian w środowisku naturalnym powodowanych uprzemysłowieniem i urbanizacją, a także intensyfikacją produkcji rolnej, między innymi przez wprowadzanie nowych wydajnych odmian, występuje proces określany jako erozja genetyczna, czyli ubożenie naturalnych zasobów genowych. Lugo (1988) szacuje, że 15%–20% gatunków roślin uprawnych wyginie bezpowrotnie w okresie od 1988 roku przez dwadzieścia lat. Przyczynia się do tego również fakt, że 90% produkcji żywności na świecie pochodzi z uprawy tylko 30 gatunków roślin. W zastraszającym tempie giną odmiany i formy lokalne. Według Hawkesa i wsp. (2000) w Chinach w 1949 roku uprawiono 10000 odmian miejscowych pszenicy, zaś w 1970 pozostało ich tylko 1000. Giniące formy roślin uprawnych są naturalnym źródłem wielu wartościowych cech niezbędnych dla dalszego postępu hodowli.

Ochroną różnorodności genetycznej roślin zajmuje się wiele instytucji o charakterze banków genów zarówno na szczeblu lokalnym, jak i międzynarodowym. Podejmowanych jest szereg działań dla ochrony zasobów genowych w ich środowisku naturalnym (*in situ*), jak i w kolekcjach i bankach genów (*ex situ*). Formalną podstawą takich działań są tworzone i ratyfikowane przez rządy większości państw różne akty prawne, na przykład „Konwencja o Różnorodności Biologicznej” oraz wynikająca z niej „Globalna Strategia Ochrony Roślin”.

Zasoby genowe, gromadzone w postaci kolekcji żywych roślin lub nasion w bankach genów, mają tym większe znaczenie im są dokładniej scharakteryzowane z punktu widzenia zabezpieczenia naturalnej zmienności, jak i oceny wartości użytkowej (Święcicki, 1998). W kolekcjach dąży się do oceny zakresu zmienności genetycznej gatunku, zarówno poprzez obserwację cech morfologicznych i fenologicznych jak i analizy różnego typu markerów molekularnych, z pomocą narzędzi statystycznych.

Uwzględniając poziom zagrożenia, jak i potrzeby hodowli nowych odmian, od ponad 30 lat w Ogrodzie Botanicznym — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej PAN gromadzone są i oceniane w banku genów, gatunki, formy lokalne (w tym odmiany miejscowe i formy prymitywne), odmiany i linie wsobne rodzaju *Secale*.

Żyto, mimo tendencji zmniejszania się powierzchni jego uprawy, jest nadal jedną z najważniejszych roślin zbożowych w Polsce, pozostając w uprawie na powierzchni 2 mln ha. Największy udział w światowym areale jego uprawy przypada na Europę i Azję i głównie w tych rejonach występuje największa różnorodność genetyczna form żyta.

Celem niniejszej pracy było przedstawienie struktury kolekcji żyta zgromadzonej w Ogrodzie Botanicznym oraz ocena jej zmienności pod względem wybranych cech morfologicznych i fenologicznych.

MATERIAŁY I METODY

Przedmiotem badań były dzikie gatunki z rodzaju *Secale* oraz formy lokalne, odmiany i linie wsobne żyta uprawnego *S. cereale* stanowiące kolekcję żyta w Ogrodzie Botanicznym — CZRB PAN w Warszawie. Ocenę zakresu zmienności cech określono na podstawie wyników obserwacji prowadzonej w latach 1977–2004 na 2290 obiektach, w tym: 1166 form lokalnych, 772 odmian uprawnych i 352 linii wsobnych żyta. Próbkę po ok. 350 nasion wysiewano ręcznie na poletkach o powierzchni $1,5\text{ m}^2$ w rozstawie $2,5 \times 15\text{ cm}$. W czasie sezonu wegetacyjnego wykonano pomiary cech morfologicznych i użytkowych. Wschody, przezimowanie oraz cechy fenologiczne, takie jak: długość okresu nalewania ziarna i długość okresu wegetacji oznaczano dla całych poletek. Wschody i przezimowanie oceniano w skali od 1–9 (9 — pełna obsada roślin). Natomiast długość okresu nalewania i wegetacji podano w liczbie dni. Wysokość roślin, długość kłosa, liczba pięterek, liczba ziaren w kłosie, liczba międzywęźli oznaczano dla 30 losowo wybranych roślin na poletku. Po ręcznym zbiorze kłosów, nasiona wyląciano mechanicznie i oznaczano masę 1000 ziaren oraz zdolność kiełkowania. Wyniki podano jako średnie wartości tych cech i wyznaczono współczynniki zmienności średnich. Przed kwitnieniem poletka izolowano przy użyciu izolatorów płóciennych (rys. 1). Nasiona zbierano w fazie pełnej dojrzałości i przechowywano w temperaturze -20°C po obniżeniu zawartości wody do ok. 6%–8% (mś) (Niedzielski i Puchalski, 1998).

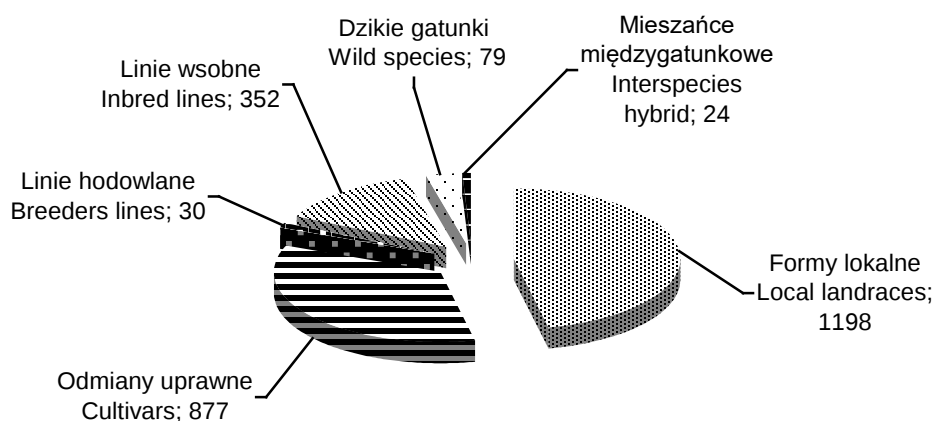


Rys. 1. Widok poletek pod izolatorami płóciennymi
Fig. 1. Experimental field with linen insulators

WYNIKI I DYSKUSJA

Pochodzenie i struktura kolekcji żyta

Kolekcja *Secale* zgromadzona w latach 1977–2004 w Ogrodzie Botanicznym stanowi cenne źródło zmienności genetycznej i liczy 2560 obiektów. W pracy przedstawiono wyniki oceny 2290 obiektów: w tym 1166 form lokalnych, 772 odmian i 352 linii wsobnych żyta uprawnego. Na rysunku 2. przedstawiono strukturę kolekcji żyta. Materiały znajdujące się w tej kolekcji pochodzą z wymiany z innymi bankami nasion, a także w mniejszym stopniu z wypraw. Najwięcej zgromadzono form lokalnych i odmian uprawnych żyta. W tabeli 1 podano liczbę odmian uprawnych żyta oraz kraj, z którego pochodzą. Większość odmian pochodzi z krajów europejskich, następnie z Ameryki, Afryki i Azji. W kolekcji znajduje się również 75 odmian, których pochodzenie jest nieznane. Pochodzenie form lokalnych żyta przedstawiono na rysunku 3. Najwięcej próbek pochodzi z terenu Bliskiego Wschodu (Turcja) i krajów basenu Morza Śródziemnego (Jugosławia, Macedonia i Portugalia), obszarów bliskich pierwotnemu centrum różnicowania żyta. Skład kolekcji dzikich taksonów żyta, wg klasyfikacji Hammera (1990) zamieszczono w tabeli 2. W kolekcji znajduje się 79 obiektów jednorocznych i wieloletnich gatunków oraz podgatunków żyta. Od 1997 roku kolekcja żyta wzbogacona została o 352 linie wsobne wyselekcjonowane z różnych odmian uprawnych (tab. 3). Linie te wyselekcjonowano z odmian polskich, rosyjskich, materiałów z kolekcji IHAR w Radzikowie oraz materiałów krótkoźdźbłowych z SHR Jeleniec. Najwięcej linii otrzymano po samozapyleniu odmiany Dańkowskie Złote i form krótkosłomych.

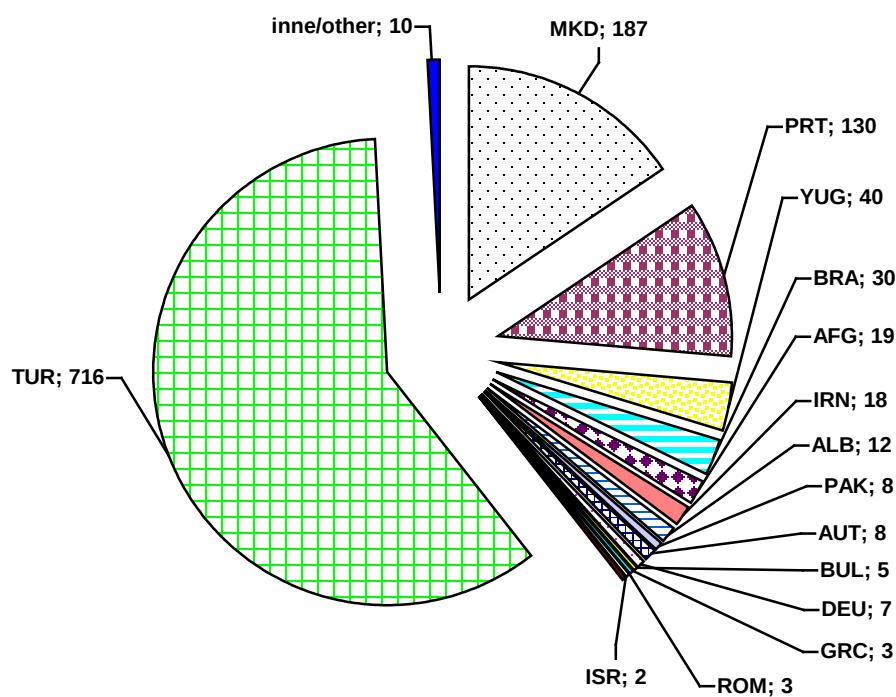


Rys. 2. Struktura kolekcji żyta w Ogrodzie Botanicznym — CZRB PAN
Fig. 2. Structure of the collection maintained in the Botanical Garden in the Warsaw

Tabela 1

Pochodzenie odmian uprawnych kolekcji *Secale*
Origin of rye cultivars

Kraj Country	Liczba odmian Number of cultivars	Kraj Country	Liczba odmian Number of cultivars
Niemcy/ Germany	147	Ukraina/ Ukraine	19
Polska/ Poland	95	Afryka Południowa/ South Africa	17
Rosja/ Russia	85	Bułgaria/ Bulgaria	11
USA	57	Afganistan/ Afghanistan	11
Austria	55	Portugalia/ Portugal	9
Finlandia/ Finland	46	Białoruś/ Belarus	7
Węgry/ Hungary	29	Francja, Brazylia, Litwa, Łotwa	4
Czechy/ Czech Republic	28	France, Brasil, Lithuania, Latvia	
Szwecja/ Sweden	25	Belgia/ Belgium, Turcja/ Turkey, Chiny/ China	3
Rumunia/ Romania	24	Norwegia/ Norway i Wlk. Brytania/ Great Britain	
Hiszpania/ Spain	22	Indie/ India, Meksyk/ Mexico, Słowacja/ Slovakia,	
Argentyna/ Argentina	22	Estonia, Włochy/ Italy, Urugwaj /Uruguay	2
Kanada/ Canada	21	Szwajcaria/ Switzerland	
Holandia/ the Netherlands	21	Japonia/ Japan, Australia, Pakistan,	1
		Korea, Grecja/ Grece, i Kazachstan/ Kazakstan	



Skróty nazw państw wg FAO — Abbreviations of the names of countries according to FAO

Rys. 3. Pochodzenie form lokalnych *Secale cereale*

Fig. 3. Origin of local landraces of *Secale cereale*

Tabela 2

Dzikie gatunki i podgatunki rodzaju *Secale* w kolekcji żyta
Wild species of the genus *Secale* in the collection

Gatunek — Species	Liczba obiektów — Number of accessions
Jednoroczne — Annual	
<i>Secale cereale</i> subsp. <i>ancestrale</i> Zhuk.	8
<i>Secale cereale</i> subsp. <i>afghanicum</i> (Vav.) Hammer	3
<i>Secale cereale</i> subsp. <i>dighoricum</i> Vav.	3
<i>Secale cereale</i> subsp. <i>segetale</i> Zhuk.	6
<i>Secale vavilovii</i> Grossh.	11
<i>Secale sylvestre</i> Host.	12
Wieloletnie — Perennial	
<i>Secale strictum</i> (Presl.) Presl	19
<i>Secale strictum</i> subsp. <i>africanum</i> (Stapf) Hammer	2
<i>Secale strictum</i> subsp. <i>anatolicum</i> (Boiss.) Hammer	5
<i>Secale strictum</i> subsp. <i>ciliatoglume</i> (Boiss.) Hammer	1
<i>Secale strictum</i> subsp. <i>kuprijanovii</i> (Grossh.) Hammer	7
<i>Secale strictum</i> subsp. <i>strictum</i>	2

Tabela 3

Pochodzenie linii wsobnych żyta (*Secale cereale* L.) pokolenia S₂₄
Origin of rye (*S. cereale*) inbred lines, S₂₄ generation

Odmiany lub populacje wyjściowe — Source of inbred lines	Liczba linii — Number of lines
Dańkowskie Złote (DZ)	58
Dańkowskie Selekcyjne (DS)	49
Chrobre (Ch)	37
Garczyńskie (G)	45
Pancerne (P)	50
Smolickie (S)	41
Populacje z SHR-Jeleniec (J)	52
Odmiany rosyjskie (R)/ Russian cultivars	13
Odmiany z IHAR Radzików (I)/ Cultivars from IHAR Radzików	7

Wyniki obserwacji polowych

W wyniku prowadzonej w latach 1977–2004 reprodukcji i oceny kolekcji *Secale*, zgromadzono obszerną bazę danych wieloletnich obserwacji cech morfologicznych i fenologicznych obiektów kolekcji: form lokalnych, odmian uprawnych i linii wsobnych żyta. Dane w tabelach 4, 5 i 6 są wartościami średnimi dla co najmniej trzech lat obserwacji. W tych tabelach podano wyniki obserwacji dla obiektów pogrupowanych pod względem kraju pochodzenia. Na podstawie uzyskanych wyników można stwierdzić, iż odmiany uprawne są najmniej zróżnicowaną grupą obiektów, mimo pochodzenia z bardzo odległych źródeł. Znacznie większym zróżnicowaniem charakteryzowały się formy lokalne i linie wsobne. Spośród obserwowanych cech długość okresu wegetacji i okres nalewania ziarniaków wykazywały najmniejszą zmienność, a wartości tych cech były zbliżone dla wszystkich obiektów. Najbardziej zmienne były wysokość roślin i masa tysiąca ziaren, w przypadku tej ostatniej cechy stwierdzono wysokie współczynniki zmienności średnich. Formy lokalne i linie wsobne wykazywały również wyraźnie zróżnicowaną długość kłosa. Linie wsobne charakteryzowały się także znaczną zmiennością wielkości i kształtu kłosa (rys. 4).

Tabela 4

Wartości średnie obserwacji wieloletnich i współczynniki zmienności średnich dla badanych cech morfologicznych i fenologicznych obiektów z kolekcji form lokalnych żyta
Means values from multi-year observations and coefficients of variability of the means for evaluated morphological and phenological traits in local landraces of rye

Liczba obiektów Number of accessions	Pochodzenie Origin	Długość okresu wegetacji (dni) Length of vegetation period (days)		Okres nalewania ziarniaków (dni) Length of grain feeling period (days)		Wysokość roślin (cm) Plants height (cm)		Długość kłosa (cm) Ear length (cm)		Masa 1000 ziaren (g) Thousand kernels weight (g)	
			CV%		CV%		CV%		CV%		CV%
16	AFG	298	0,79	43	2,16	142,6	6,18	10,4	6,81	26,4	10,5
12	ALB	293	0,39	45	2,92	139,9	6,25	8,6	6,32	31,5	6,48
9	AUT	297	1,73	42	9,67	164,6	7,89	10,9	12,69	28,9	19,38
26	BRA	296	1,12	43	2,65	150,0	5,94	10,6	4,80	27,7	6,59
25	IRN	295	1,80	43	2,15	137,0	4,91	10,5	7,42	25,4	14,02
192	MKD	290	2,01	44	5,46	169,7	5,92	10,9	8,37	27,9	14,02
164	PRT	287	2,97	43	6,15	137,7	11,60	9,4	12,01	32,3	17,59
633	TUR	284	6,69	46	7,75	161,5	8,45	11,5	9,69	26,9	16,60
55	YUG	290	1,96	44	7,75	171,4	11,65	11,5	12,24	28,5	12,46
1166	ogółem total	287	5,28	44	7,59	158,6	10,84	11,0	11,88	28,1	17,55

Tabela 5

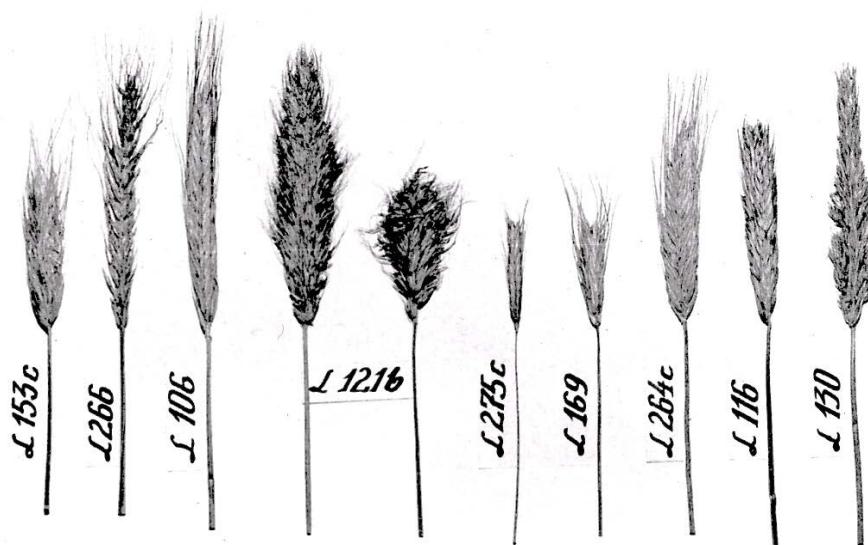
Wartości średnie obserwacji wieloletnich i współczynniki zmienności średnich dla badanych cech fenotypowych odmian uprawnych żyta
Means values from multi-year observations and coefficients of variability of the means for evaluated phenotypic traits in rye cultivars

Liczba obiektów Number of accessions		Długość okresu wegetacji (dni) Length of vegetation period (days)		Okres nalewania ziarniaków (dni) Length of grain feeling period (days)		Wysokość roślin (cm) Plants height (cm)		Długość kłosa (cm) Ear length (cm)		Masa 1000 ziaren (g) Thousand kernels weight (g)	
			CV%		CV%		CV%		CV%		CV%
25	ARG	292	2,37	42	4,29	148,4	6,12	10,0	6,86	30,1	20,53
73	AUT	292,5	7,81	40,8	8,68	161,6	6,61	10,3	8,09	33,2	10,75
32	CAN	290,7	11,92	40,7	8,06	158,4	8,79	10,4	10,63	31,9	10,42
34	CZE	284,1	15,56	40,7	7,92	161,1	6,48	10,4	8,46	32,6	8,78
177	DEU	289,5	10,98	40,7	8,30	154,5	10,56	10,3	11,24	34,03	11,67
24	ESP	262,5	26,42	42,4	7,59	141,4	8,82	10,0	7,85	33,0	12,12
50	FIN	291,4	1,96	40,2	8,73	155,84	9,96	11,0	8,00	30,3	17,19
42	HUN	296,1	2,00	42,1	6,53	163,8	7,13	10,5	7,97	33,4	18,70
28	NLD	294,2	2,30	39,6	6,76	158,0	9,36	9,9	11,57	34,6	18,90
92	POL	293,1	9,77	41,7	8,88	147,2	15,59	10,2	8,91	34,6	16,55
90	RUS	295,7	2,22	40,4	6,24	167,8	11,93	11,2	10,47	30,1	17,15
32	SWE	294,1	2,22	40,1	9,84	155,2	9,15	10,4	8,92	32,4	18,96
56	USA	285,4	12,20	41,1	7,26	156,1	7,60	10,2	8,28	31,1	14,82
17	ZAF	234,7	38,66	42,8	5,74	146,7	7,58	10,1	14,53	30,8	18,44
772	ogółem total	288,9	11,42	41,0	7,67	156,9	10,31	10,4	9,79	32,7	16,07

Tabela 6

Zmienność wartości cech morfologicznych i fenologicznych w kolekcji linii wsobnych żyta
Variability of morphological and phenological traits in inbred lines collection of winter rye

Cechy Traits	Średnia Mean	Min	Max	CV%
Wschody (0-9) Germination (0-9)	6,5	1	9	24,0
Przezimowanie (0-9) Winterhardiness (0-9)	6,8	1	9	25,7
Liczba kłosów produktywnych Number of productive ears	4,1	2	8	28,3
Wysokość roślin (cm) Height of plants (cm)	109,7	30,5	156,8	31,6
Okres nalewania ziarna (dni) Grain filling period (days)	44,0	34	45	6,1
Okres wegetacji (dni) Vegetation period (days)	300,8	292	31,2	6,8
Długość kłosa (cm) Ears length (cm)	8,5	4,5	14,5	19,3
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per ear	29,4	1	89	37,2
MTZ (g) Weight of 1000 grains (g)	21,3	10,6	32,7	30,4
Liczba pięterek w kłosie Number of levels in ear	14	7	19	10,5



Rys. 4. Zmienność kształtu i wielkości kłosa w liniach wsobnych żyta
Fig. 4. Differentiation in size and shape of spikes in inbred lines of rye

W ramach obserwacji linii wsobnych dodatkowo oceniono liczbę ziaren z kłosa, liczbę kłosów produktywnych oraz wschody i przezimowanie. Cechy te istotnie różnicowały linie

wsobne, o czym świadczą wysokie wartości współczynników zmienności (CV) odpowiednio: 37,2; 28,3; 24,0 i 25,7 (CV%). Zróżnicowanie fenotypowe obiektów kolekcyjnych było modyfikowane warunkami klimatycznymi. W najwyższym stopniu zmiany dotyczyły takich cech jak: przezimowanie, masa 1000 ziaren, wysokość roślin i długość okresu wegetacji. Celem nadrzędnym funkcjonowania banków nasion jest zgromadzenie i przechowywanie w optymalnych warunkach możliwie szerokiego spektrum naturalnej zmienności badanych gatunków roślin. Wstępna charakterystyka cech użytkowych wskazuje na wyraźne zróżnicowanie zgromadzonych obiektów kolekcji żyta. Dla uzyskania pełnego obrazu tej zmienności, a także dla bardziej szczegółowej charakterystyki przechowywanych materiałów, badania i obserwacje są kontynuowane.

Zachowanie roślinnych zasobów genowych zapewnia bezpieczeństwo żywieniowe świata, a zatem pośrednio lub bezpośrednio wpływa na życie każdego człowieka (Świąćicki i Podyma, 1998; Cyrkler i Podyma, 2004).

Zasoby genowe kolekcji rodzaju *Secale* znajdujące się w Ogrodzie Botanicznym — CZRB PAN w Warszawie, są udostępniane zainteresowanym placówkom naukowo-badawczym oraz wykorzystywane w praktyce jako źródło genów w hodowli odmian heterozyjnych żyta, np. genów męskiej sterility i przywracających płodność.

WNIOSKI

1. Zasoby genowe kolekcji żyta OB. — CZRB PAN, stanowią cenne źródło zmienności genetycznej, które może być wykorzystane w placówkach naukowo-badawczych oraz w praktycznej hodowli.
2. Największą zmienność obserwowanych cech, stwierdzono w obrębie form lokalnych i linii wsobnych.
3. Spośród obserwowanych cech fenotypowych największy zakres zmienności stwierdzono dla wysokości roślin, masy tysiąca ziaren i długości kłosa, a dodatkowo u linii wsobnych dla liczby ziaren z kłosa.

LITERATURA

- Cyrkler M., Podyma W. 2004. In situ and on-farm management of plant genetic resources. *Bulletin of Botanical Gardens* 13: 34 — 44.
- Hammer K. 1990. Breeding system and phylogenetic relationships in *Secale* L. *Biol. Zent. bl.* 109, Heft 1: 45 — 50.
- Hawkes J. G., Maxted N., Forf-Lloyd B. V. 2000. *Plant genetic resources*. Kluwer Academic Publisher, London: 1 — 43.
- Lugo A. E. 1988. Estimating reductions in the diversity of tropical forest species. In: *Biodiversity* (ed. Wilson E.). National Academy Press, Washington DC: 58 — 70.
- Niedzielski M., Puchalski J. 1998. Kriogeniczne przechowywanie nasion wybranych gatunków roślin użytkowych. *Zesz. Probl. Nauk Rol.* 463: 255 — 267.
- Świąćicki W. K., Podyma W. 1998. Zasoby genowe roślin uprawnych w ochronie różnorodności biologicznej. *Zeszyty Problemowe Nauk Rolniczych*. 463: 17 — 20.
- Świąćicki W. K. 1998. Charakterystyka zmienności zasobów genowych roślin użytkowych. *Zesz. Probl. Nauk Rol.* 464: 309 — 317.

HENRYK BUJAK¹**ANNA DOPIERAŁA**²**PAWEŁ DOPIERAŁA**²**KAMILA NOWOSAD**¹¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza, Wrocław² Lochow - Petkus Polska Sp. z o. o.

Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej plonu odmian żyta ozimego

Analysis of genotype-environment interaction for the yield of rye cultivars

Przeprowadzono analizę interakcji odmian żyta ozimego ze środowiskami dla plonu ziarna. Materiałem badawczym było 14 odmian żyta ozimego: populacyjne — Motto, Warko, Dańkowskie Żłote, Amilo, Wibro, Hegro, Zduno, Kier, Walet, Bosmo oraz mieszańcowe — Klawo, Nawid, Ursus, Fernando. Doświadczenia polowe z badanymi odmianami zostały założone metodą pasów prostopadłych w dwóch powtórzeniach w latach 2001–2003 w ośmiu miejscowościach (Wrocikowo, Marianowo, Sulejów, Tomaszów Bolesławiecki, Pokój, Lubliniec, Głodowo, Wyczechy). Otrzymane wyniki plonu ziarna z poszczególnych lat i miejscowości opracowano statystycznie za pomocą programu Sergen 3 (Caliński i in., 1998) dla analizy serii doświadczeń odmianowych. Stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu badanych odmian żyta ozimego w analizowanych doświadczeniach. Wykazano również istotne zróżnicowanie lat badań, miejscowości oraz występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$). Odmiany mieszańcowe, za wyjątkiem odmiany Nawid, plonują istotnie lepiej od odmian populacyjnych jednak podlegają one wpływom warunków środowiskowych. Odmiany Bosmo w standardowych oraz Warko i Hegro w intensywnych warunkach uprawy nie wykazały istotnych odchyleń od regresji, co świadczy o ich stabilności.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, plon ziarna, żyto

The paper presents results of analysis of cultivar $\times$ environment interaction in winter rye yield trials. Ten open-pollinated (Motto, Warko, Dańkowskie Żłote, Amilo, Wibro, Zduno, Kier, Walet, Hegro, Bosmo) and 4 hybrid (Klawo, Nawid, Ursus, Fernando) cultivars were sown in a split-block design with two replications at 8 locations (Wrocikowo, Marinowo, Sulejów, Tomaszów Bolesławiecki, Pokój, Lubliniec, Głodowo, Wyczechy) over a three-year period (2001–2003). The data were analyzed statistically with the computer program SERGEN 3. Mean squares for cultivars, years, locations and genotype $\times$ environment interaction were all significant. The hybrid cultivars, with the exception of Nawid, yielded higher than the open-pollinated cultivars, but they were more sensitive to changing environmental conditions. Cultivar Bosmo in standard husbandary conditions and the cultivars Warko and Hegro in intensive variant of cultivation showed stable performance.

Key words: genotype-environment interaction, grain yield, rye cultivars

WSTĘP

W badaniach nad odmianami roślin uprawnych doświadczenie założone w jednym środowisku daje jedynie informacje o zachowaniu się poszczególnych genotypów w określonej miejscowości. Zwykle dąży się do tego, aby doświadczenie dostarczyło informacji o zachowaniu się badanych genotypów (odmian) nie w jednym środowisku, a w określonym rejonie uprawy w różnych warunkach glebowo-klimatycznych. Tych informacji dostarczają doświadczenia prowadzone w ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego. W analizie wyników tych doświadczeń najbardziej interesującą jest interakcja genotypowo-środowiskowa, która charakteryzuje wartość adaptacyjną odmian do różnych warunków glebowo-klimatycznych. Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej umożliwia wyodrębnienie genotypów stabilnych, czyli takich, które plonują dobrze we wszystkich środowiskach oraz genotypów niestabilnych, czyli takich, których plon zależy w dużym stopniu od warunków glebowo-klimatycznych środowisk. Genotypy niestabilne można jeszcze podzielić na intensywne, czyli te, które plonują dobrze w bardziej sprzyjających środowiskach oraz ekstensywne, które względnie dobrze plonują w mniej sprzyjających środowiskach. Zagadnienie to staje się szczególnie ważne w ostatnich latach, kiedy obserwuje się dynamiczny postęp hodowlany u żyta (Kadłubiec i in., 1998; Dopierała i in., 2003). Badanie reakcji odmian w środowiskowej mikroskali przy różnych poziomach agrotechniki staje się ważnym elementem z poznawczego i utylitarne punktu widzenia. Sposobów szacowania interakcji genotypowo-środowiskowej jest wiele, a wśród nich często wykorzystywane są modele opisane w pracach Eberhat i Russela (1966), Shukli (1972), Calińskiego i wsp. (1980), Kaczmarka (1986), Mądrego (2003 a, 2003 b).

Celem niniejszych badań było określenie interakcji genotypowo-środowiskowej genotypów z miejscowościami i latami dla plonowania populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego w warunkach standardowej i intensywnej uprawy.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były przyjęte do programu doświadczeń porejestrowych odmiany żyta ozimego populacyjne: Motto, Warko, Dańkowskie Złote, Amilo, Wibro, Zduno, Hegro, Kier, Walet, Bosmo oraz mieszańcowe: Klawo, Nawid, Ursus, Fernando.

Doświadczenia polowe z badanymi odmianami zostały założone metodą pasów prostopadłych w dwóch powtórzeniach w latach 2001–2003 w ośmiu miejscowościach (Wrocikowo, Marianowo, Sulejów, Tomaszów Bolesławiecki, Pokój, Lubliniec, Głodowo, Wyczechy) na dwóch poziomach uprawy standardowym (a1) i intensywnym (a2). Poziom a1 odpowiada standardowym warunkom uprawy dostosowanym do odpowiedniej klasy gleby, poziom intensywny a2 różnił się od poziomu a1 wyższym o 40 kg/ha nawożeniem azotowym, dolistnym dokarmianiem oraz pełną chemiczną ochroną roślin przed chorobami i wyleganiem. Wielkość poletek do zbioru wynosiła 15 m². Otrzymane wyniki plonu ziarna w poszczególnych latach i miejscowościach opracowano statystycznie za pomocą programu SERGEN 3 (Caliński i in., 1998) do analizy serii doświadczeń odmianowych.

Wszystkie przeprowadzone testy ogólne przedstawiono za pomocą statystyki F. Wyraża ona stosunek dwóch odpowiednich średnich kwadratów. Testowanie genotypów oparte zostało na wielowymiarowej statystyce Hottellinga T^2 , przekształconej następnie w statystykę F, natomiast testowanie interakcji genotypy $\times$ lata i genotypy $\times$ miejscowości oparto na statystyce Hottellinga-Lawleya T_0^2 , także przekształconej w statystykę F (Caliński i in., 1998). Plony badanych odmian oraz interakcję ze środowiskiem analizowano odrębnie dla standardowego i intensywnego poziomu uprawy. Poprzez środowisko należy rozumieć doświadczenie założone w poszczególnym roku, w określonej miejscowości.

WYNIKI

Średnie wartości plonów 14 odmian żyta ozimego z doświadczeń przeprowadzonych w 8 miejscowościach we wszystkich latach badań oraz średnie generalne dla odmian i miejscowości przedstawiono w tabelach 1 i 2. Z zestawień tych można zauważyć wyraźnie dodatnią reakcję wszystkich odmian na wyższy poziom nawożenia i ochrony roślin. Badane odmiany reagowały wzrostem plonu od 10,8 dt/ha (odmiana Kier) do 14,8 dt/ha (odmiana Fernando). W standardowych warunkach agrotechniki wyraźnie wyższym plonem charakteryzują się mieszańcowe odmiany Fernando, Ursus i Klawo. Również te same odmiany plonują najlepiej w warunkach zwiększonego poziomu agrotechniki. Spośród tych odmian wyróżnia się heterozyjna odmiana Fernando, której średni plon ze wszystkich lat badań przekroczył 80 dt/ha.

Tabela 1

Średnie wartości plonów (dt/ha) odmian żyta ozimego w standardowym wariancie uprawy w latach 2001–2003
Mean yield values (dt/ha) of the analyzed winter rye cultivars at the standard cultivation (2001–2003)

Genotypy Genotypes	Wrocikowo	Marianowo	Sulejów	Tomaszów Bol.	Pokój	Lubliniec	Głódowo	Wyczechy	Średnia Mean
Motto	69,1	57,9	66,8	58,1	46,1	60,4	62,8	51,5	59,1
Warko	67,9	55,1	63,4	55,8	49,2	57,1	63,4	52,3	58,0
Klawo (F ₁)	71,3	59,6	64,8	65,1	60,7	61,2	68,7	59,7	63,9
Dańkowskie Złote	66,9	54,4	63,1	57,2	43,0	58,5	59,6	54,0	57,1
Amilo	68,1	53,6	60,0	56,4	47,0	56,1	60,9	51,1	56,7
Wibro	67,7	58,6	65,2	54,6	49,0	54,3	60,3	53,8	57,9
Zduno	68,1	57,3	63,0	55,2	49,4	60,3	63,3	50,2	58,3
Nawid (F ₁)	66,8	56,2	66,4	61,8	44,3	55,3	65,0	55,0	58,9
Hegro	69,0	58,5	63,7	57,3	47,3	58,4	61,3	54,8	58,8
Kier	70,6	57,7	62,5	54,8	48,3	56,8	59,9	54,8	58,2
Walet	70,0	59,2	64,4	60,1	43,4	55,8	62,1	56,5	58,9
Ursus (F ₁)	76,3	62,3	65,8	65,1	54,9	62,8	65,8	60,3	64,2
Bosmo	72,8	55,6	62,9	51,8	44,5	61,4	61,1	52,6	57,8
Fernando (F ₁)	72,5	65,2	69,3	69,1	53,0	69,6	73,7	61,6	66,7
Średnia Mean	69,8	57,9	64,4	58,7	48,6	59,1	63,4	54,9	

F₁ — Odmiana mieszańcowa; Hybrid cultivar

Tabela 2

Średnie wartości plonów (dt/ha) odmian żyta ozimego w intensywnym wariacie uprawy w latach 2001–2003

Mean yield values (dt/ha) of the analyzed winter rye cultivars at the intensive cultivation (2001–2003)

Genotypy Genotypes	Wrocław	Mariano- wo	Sulejów	Tomaszów Bol.	Pokój	Lubliniec	Głódowo	Wyczechy	Średnia Mean
Motto	83,5	67,3	87,0	70,0	55,3	71,6	72,0	68,0	71,8
Warko	82,6	63,8	83,3	69,5	60,0	72,9	72,3	67,0	71,4
Klawo (F ₁)	90,1	66,5	88,3	76,4	65,3	76,8	79,5	76,4	77,4
Dańkowskie Złote	81,2	64,8	80,1	68,5	57,5	70,3	72,4	67,7	70,3
Amilo	79,9	61,4	79,1	66,8	57,0	71,5	69,6	69,6	69,4
Wibro	81,9	64,5	78,9	66,7	57,3	69,5	72,8	65,8	69,7
Zduno	82,3	64,8	83,5	68,1	59,8	68,3	72,7	65,5	70,6
Nawid (F ₁)	79,6	66,6	83,1	70,1	59,1	66,1	74,0	68,4	70,9
Hegro	81,5	68,8	84,5	65,5	56,8	67,4	73,5	70,4	71,1
Kier	81,6	62,5	81,3	67,6	58,2	64,7	70,6	65,8	69,0
Walec	83,4	68,8	82,6	67,5	59,6	71,8	73,0	67,0	71,7
Ursus (F ₁)	92,0	73,0	86,9	73,6	56,1	73,4	76,8	72,3	75,5
Bosmo	82,7	62,9	81,7	64,4	51,2	76,7	71,6	69,5	70,1
Fernando (F ₁)	92,4	78,7	92,9	79,8	67,4	84,9	82,9	73,5	81,5
Średnia Mean	83,9	66,8	83,8	69,6	85,6	71,9	73,8	69,1	

F₁ — Odmiana mieszańcowa; Hybrid cultivar

W tabeli 3 przedstawiono średnie kwadraty z łącznej analizy wariancji, które pozwoliły na weryfikację hipotez dotyczących braku zróżnicowania efektów genotypów, lat, miejscowości, środowisk oraz interakcji genotypowo-środowiskowej. Jak wynika z rezultatów analiz wariancji przedstawionych w tej tabeli wszystkie hipotezy zerowe zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariacie uprawy zostały odrzucone. Na obydwu poziomach agrotechniki wystąpiła istotna regresyjna zależność interakcji genotypowo-środowiskowej od przeciętnego poziomu plonowania wszystkich odmian w danym środowisku, czyli od średniej środowiskowej.

Szczegółowe wyniki analiz dotyczące poszczególnych odmian oraz ich współdziałania ze środowiskami glebowo-przyrodniczymi przedstawiono w tabeli 4. Wyniki analiz szczegółowych genotypów wskazują, że wśród czternastu porównywanych odmian w standardowych warunkach uprawy jest dziesięć takich, których efekty główne można uznać za różne od zera. Wśród nich odmiany Klawo, Ursus i Walec odznaczają się dodatnimi efektami, a pozostałe wykazują ujemne efekty. Porównując odmiany o istotnych efektach głównych między sobą można stwierdzić, że najbardziej od przeciętnego plonowania odbiega odmiana Fernando, a następnie Ursus i Klawo. Wymienione odmiany wykazują również istotną interakcję ze środowiskami, czyli podlegają dość silnym wpływom środowiska, tzn. są mniej stabilne w plonowaniu. Spośród badanych odmian jedynie sześć można uznać za stabilne, ale ich efekty główne są ujemne. Odmiany populacyjne Hegro i Walec nie wykazują istotnej interakcji ze środowiskiem i można by je uznać za stabilne, a ich efekty główne przyjmują ujemne, ale nieistotne wartości.

Tabela 3

Średnie kwadraty dla źródeł zmienności w łącznej analizie wariancji
Mean squares in the combined analysis of variance

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares	
		wariant standardowy standard cultivation	wariant intensywny intensive cultivation
Lata — Years	2	4838,95**	12106,09**
Miejscowości — Locations	7	1734,04**	3026,44*
Lata × miejscowości Years × locations	14	1240,54**	2440,33**
Genotypy Genotypes	13	219,77**	303,27**
Genotypy × lata Genotypes × years	26	46,35**	26,06**
Genotypy × miejscowości Genotypes × locations	91	17,09*	15,96**
Genotypy × lata × miejscowości Genotypes × years × locations	182	13,46**	13003**
Regresja względem środowiska Regression on environments	13	30,12	21,11
Odchylenie od regresji Regression deviation	169	12,18	12,41
Błąd doświadczeń — Experimental error	312	5,43	4,82

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; significant at the level $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 4

Testowanie odmian żyta ozimego i ich interakcji ze środowiskami
Testing of winter rye cultivars and their interaction with environments

Genotypy Genotypes	Wariant standardowy — Standard cultivation			Wariant intensywny — Intensive cultivation		
	Ocena efektu głównego Estimate of main effect	statystyka F dla — statistic F for:		Ocena efektu głównego Estimate of main effect	statystyka F dla — statistic F for:	
		efektu głównego main effect	interakcji genotypy × miejscowości × lata interaction genotypes × years × locations		efektu głównego main effect	interakcji genotypy × miejscowości × lata interaction genotypes × years × locations
Motto	-0,50	0,44	2,68*	-0,33	0,33	1,79
Warko	-1,59	6,27*	1,91*	-0,74	1,28	2,30*
Klawo (F ₁)	4,26	10,27*	8,42*	5,23	21,04*	6,96*
Dańkowskie Złote	-2,53	11,72*	2,60*	-1,86	10,05*	1,84*
Amilo	-2,95	35,20*	1,18	-2,80	15,64*	2,69*
Wibro	-1,67	17,49*	0,76	-2,51	33,84*	1,00
Zduno	-1,26	6,40*	1,17	-1,56	7,44*	1,75*
Nawid (F ₁)	-0,75	1,65	1,62	-1,32	5,66*	1,65
Hegro	-0,82	1,96	1,63	-1,13	3,79	1,80*
Kier	-1,43	7,67*	1,28	-3,15	20,11*	2,64*
Walet	-0,68	0,83	2,66*	-0,45	0,50	2,13*
Ursus (F ₁)	4,55	35,83*	2,76*	3,32	19,26*	30,7*
Bosmo	-1,78	7,32*	20,6*	-2,08	6,14*	3,77*
Fernando (F ₁)	7,14	60,95*	3,98*	9,37	106,21*	4,43*
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$		4,60	1,72		4,60	1,72
Critical values $\alpha = 0.05$						

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at the level $\alpha = 0.5$

Wartości współczynnika regresji, odpowiedniego współczynnika determinacji, statystyki F dla testowania hipotezy o zerowości tej regresji oraz statystyki F dla hipotezy o zerowości odchyleń od regresji dla każdej odmiany przedstawiono w tabeli 5. W standardowym wariancie uprawy istotną regresją charakteryzują się odmiany Klawo i Bosmo, przy czym tylko druga z nich daje interakcję dającą się wyjaśnić poprzez regresję ze średnim plonowaniem tego genotypu w środowisku. Niskie i nieistotne współczynniki regresji świadczą o braku regresyjnej zależności między efektami interakcyjnymi plonu pozostałych analizowanych odmian a efektami środowiska. Wyniki te świadczą o stabilności plonowania odmian żyta ozimego, dla których nie stwierdzono istotnej interakcji. Klawo oraz sześć innych odmian (Motto, Warko, Dańkowskie Żłote, Walet, Ursus, Fernando) wykazuje natomiast istotne odchylenie od regresji. Odmiany, dla których stwierdzono istotne wariancje odchyleń regresyjnych wobec nieistotnych współczynników regresji są odmianami nieprzewidywalnymi, o nieregularnej reakcji na środowisko.

Tabela 5

Testowanie regresji interakcji odmian żyta ozimego względem środowiska
Testing of regression of interaction of winter rye cultivars on environment

Genotypy Genotypes	Wariant standardowy — Standard variant				Wariant intensywny — Intensive variant			
	współczynnik coefficient of:		statystyka F dla: statistic F for:		współczynnik coefficient of:		statystyka F dla: statistic F for:	
	regresji regression	determinacji % determination	regresji regression	odchyleń deviations	regresji regression	determinacji % determination	regresji regression	odchyleń deviations
Motto	0,01	0,02	0,00	2,89*	-0,04	3,83	0,52	1,85*
Warko	0,12	13,68	2,06	1,78*	0,13	30,29	5,65*	1,73
Klawo (F ₁)	0,42	36,68	7,53*	5,74*	0,15	11,91	1,76	6,60*
Dańkowskie Żłote	0,00	0,00	0,00	2,80*	0,11	24,59	4,24	1,49
Amilo	-0,11	17,88	2,83	1,04	0,03	1,30	0,17	2,86*
Wibro	-0,02	1,21	0,16	0,81	-0,01	0,64	0,08	1,07
Zduno	-0,04	2,96	0,40	1,22	-0,06	7,90	1,12	1,73
Nawid (F ₁)	0,11	6,52	0,91	1,63	-0,09	18,22	2,90	1,45
Hegro	-0,08	13,84	20,9	1,51	-0,14	40,86	8,98*	1,15
Kier	-0,11	0,74	0,10	1,37	0,00	0,00	0,00	2,84*
Walet	0,02	0,45	0,06	2,86*	0,01	0,09	0,01	2,30*
Ursus (F ₁)	-0,03	19,55	3,16	2,39*	-0,06	4,31	0,59	3,16*
Bosmo	0,18	34,99	7,00*	1,44	-0,13	16,08	2,49	3,41*
Fernando (F ₁)	-0,14	8,34	1,18	3,93*	0,10	8,46	1,20	4,37*
Wartość krytyczna $\alpha = 0,05$			4,67	1,75				4,67
Critical values $\alpha = 0,05$								

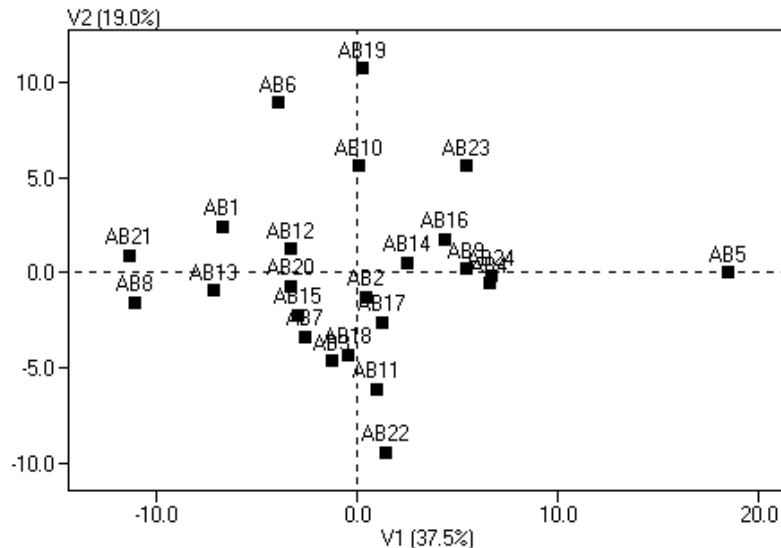
* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at the level $\alpha = 0,05$

Oceniając przeciętną wysokość plonowania odmian żyta ozimego za pomocą wartości efektów głównych oraz odpowiednich statystyk F można stwierdzić, że w intensywnym wariancie uprawy odmiany mieszańcowe Fernando, Klawo i Ursus odznaczały się wyższymi plonami w porównaniu do pozostałych analizowanych genotypów (tab. 4). Odmiany te wykazywały się jednak istotną reakcją na warunki środowiska. Spośród analizowanych odmian jedynie trzy (Motto, Wibro i Nawid) można uznać za stabilne nie podlegające

wpływow warunków środowiska glebowo- klimatycznego, przy czym Motto plonuje na poziomie średniej ogólnej badanych genotypów. Dalszą analizę stabilności plonowania odmian żyta przeprowadzono za pomocą regresji łącznej interakcji poszczególnych genotypów względem środowiska. Odmiany populacyjne Warko i Klawo charakteryzują się istotną regresją, przy braku istotnych odchyleń od regresji (tab. 5). Wyniki te pozwalają na wyjaśnienie, że ich interakcja ze środowiskami wynika całkowicie z regresyjnej zależności średniego plonowania genotypu w środowisku. Zerowe odchylenia od regresji zaobserwowano ponadto u czterech odmian (Dańkowskie Złote, Wibro, Zduno, Nawid), które również można uznać za stabilne w plonowaniu.

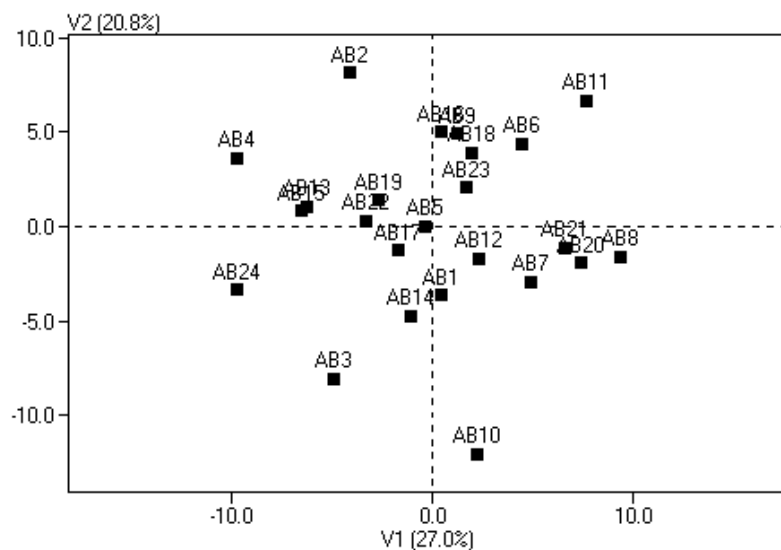
W celu uzyskania więcej informacji o zachowaniu się odmian żyta w zróżnicowanych warunkach glebowo-pogodowych przeprowadzono badanie struktury interakcji genotypowo-środowiskowej za pomocą analizy składowych głównych. Uwzględniając dwa pierwsze kontrasty o najwyższym udziale w statystyce F, przedstawiono rozmieszczenie środowisk w układzie składowych głównych dla standardowego (rys. 1) i intensywnego (rys. 2) poziomu agrotechniki.



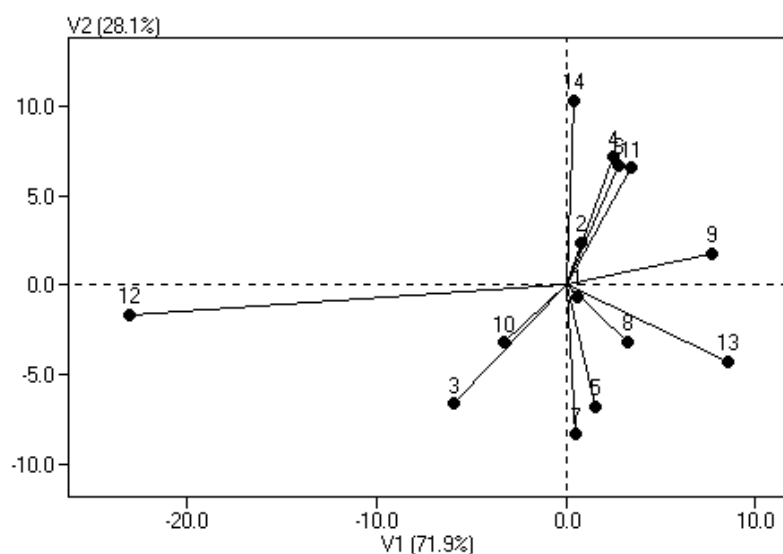
Środowiska — Environments:

AB1 — Wrocikowo	2001	AB9 — Wrocikowo	2002	AB17 — Wrocikowo	2003
AB2 — Marianowo	2001	AB10 — Marianowo	2002	AB18 — Marianowo	2003
AB3 — Sulejów	2001	AB11 — Sulejów	2002	AB19 — Sulejów	2003
AB4 — Tomaszów B.	2001	AB12 — Tomaszów B.	2002	AB20 — Tomaszów B.	2003
AB5 — Pokój	2001	AB13 — Pokój	2002	AB21 — Pokój	2003
AB6 — Lubliniec	2001	AB14 — Lubliniec	2002	AB22 — Lubliniec	2003
AB7 — Głodowo	2001	AB15 — Głodowo	2002	AB23 — Głodowo	2003
AB8 — Wyczechy	2001	AB16 — Wyczechy	2002	AB24 — Wyczechy	2003

Rys. 1. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych: wariant standardowej uprawy
Fig. 1. Representation of the location environments in the system of principal components: standard cultivation variant



Rys. 2. Przedstawienie środowisk w układzie składowych głównych — wariant intensywnej uprawy
Fig. 2. Representation of the location environments in the system of principal components — intensive cultivation variant

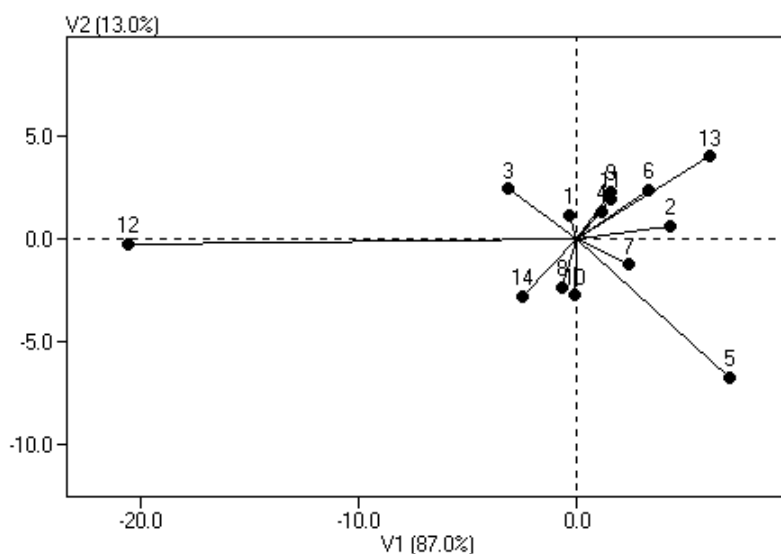


Odmiany — Cultivars:

1 — Motto 3 — Klawo F₁ 5 — Amilo 7 — Zduno 9 — Hegro 11 — Walet 13 — Bosmo
 2 — Warko 4 — Dańkowskie Złote 6 — Wibro 8 — Nawid F₁ 10 — Kier 12 — Ursus F₁ 14 — Fernando F₁

Rys. 3. Wektorowe przedstawienie odmian żyta ozimego w układzie składowych głównych — wariant standardowej uprawy

Fig. 3. Vector representation of winter rye cultivars in the system of principal components — standard cultivation variant



Rys. 4. Wektorowe przedstawienie odmian żyta ozimego w układzie składowych głównych — wariant intensywniej uprawy

Fig. 4. Vector representation of winter rye cultivars in the system of principal components — intensive cultivation variant

Zarówno w standardowym, jak i intensywnym wariancie można zauważyć duże zróżnicowanie plonowania odmian żyta w miejscowościach w kolejnych latach badań. Świadczą o tym duże odległości od początku układu współrzędnych i między sobą punktów obrazujących miejscowości w poszczególnych latach. Na rysunkach 3 i 4 przedstawiono wektorowe rozmieszczenie odmian żyta ozimego w układzie dwóch pierwszych składowych głównych odpowiednio dla standardowych i intensywnych warunków uprawy. Znaczne oddalenie od środka układu współrzędnych odmiany mieszańcowej Ursus wskazuje na dużą interakcję tej odmiany ze środowiskami zarówno w standardowych (rys. 3), jak i intensywnych (rys. 4) warunkach uprawy. Wynika to z faktu, że odmiana ta miała słabe wschody w 2002 roku i jej plon był wyraźnie niższy od pozostałych odmian. W pozostałych latach odmiana ta plonowała wysoko, co potwierdzają również wysokie dodatnie wartości efektów głównych oraz ich istotna interakcja ze środowiskami. Najniższym poziomem interakcji genotypowo-środowiskowej, w obydwu wariantach uprawy charakteryzowała się odmiana Motto. Pomiedzy niektórymi punktami obrazującymi badane odmiany żyta występują znaczne odległości, co świadczy o znacznym modyfikującym wpływie warunków glebowo-klimatycznych na plonowanie tych odmian.

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu badanych odmian żyta ozimego w analizowanych doświadczeniach. Wykazano istotne zróżnicowanie lat badań,

- miejsowości oraz występowanie interakcji genotypowo-środowiskowej ($G \times E$) dla obydwu wariantów uprawy.
2. Odmiany mieszańcowe Fernando, Klawo i Ursus plonują istotnie lepiej od odmian populacyjnych w obydwu wariantach uprawy, jednak podlegają one istotnym wpływom warunków środowiskowych.
 3. Odmiana Bosmo w standardowych oraz odmiany Warko i Hegro w intensywnych warunkach uprawy wykazują interakcję genotypowo-środowiskową, dającą się w pełni wyjaśnić poprzez regresję ze średnim plonowaniem genotypów w środowisku.
 4. Odmiany populacyjne plonowały na niższym poziomie, lecz były z reguły stabilniejsze w plonowaniu.

LITERATURA

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1980. Analiza jednorocznej serii ortogonalnej doświadczeń odmianowych ze szczególnym uwzględnieniem interakcji odmianowo-środowiskowej. *Analiza ogólna. Biul. Oceny Odmian* 2 (12): 67 — 81.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1998. Podręcznik użytkownika programu Sergen 3. IGR Poznań.
- Dopierała P., Bujak H., Kaczmarek J., Dopierała A. 2003. Ocena interakcji genotypowo-środowiskowej plonu populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego. *Biul. IHAR* 230: 243 — 253.
- Eberhart S. A., Russel W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop. Sci.* 6: 36 — 40.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej w doświadczeniach zakładanych w blokach niekompletnych. *Rocz. Nauk. AR Poznań*.
- Kadłubiec W., Bujak H., Kaczmarek J., Grochowski L. 1998. Ocena podobieństwa populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego. *Biul. IHAR* 205/206: 23 — 29.
- Mądry W. 2003 a. Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów. Cz. I. Podstawy teoretyczne. *Biul. IHAR* 226/227: 7 — 14.
- Mądry W. 2003 b. Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów. Cz. II. Przykład dla pszenicy jarej. *Biul. IHAR* 226/227: 15 — 23.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. *Heredity* 89: 327 — 345.

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI**STANISŁAW WĘGRZYN**

Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Kraków

Analiza zmienności i współzależności cech użytkowych owsa (*Avena sativa* L.)

The analysis of variability and of the relationships between useful traits in oats (*Avena sativa* L.)

Celem badań było poznanie zmienności, stopnia genetycznego zróżnicowania oraz fenotypowych i genotypowych korelacji między ważnymi cechami rolniczymi u odmian i rodów hodowlanych owsa badanych w serii doświadczeń wstępnych w latach 2002–2004. W doświadczeniach polowych przeprowadzonych w 6 miejscowościach wykonano obserwacje, pomiary i analizy laboratoryjne siedmiu cech owsa; plon ziarna, wysokość roślin, wiechowanie (data wyrzucania wiech), odporność na wyleganie i rdzę koronową, masę 1000 ziaren i zawartość łuski. Na podstawie przeprowadzonych doświadczeń polowych stwierdzono silne wahania plonu owsa od 55,8 dt/ha w 2003, do 77,8 dt/ha w 2004. Istotną rolę w kształtowaniu plonów ziarna owsa w 2003 roku odgrywały warunki klimatyczne, które spowodowały silne wyleganie roślin owsa oraz niższe wartości większości pozostałych cech. Genetyczne uwarunkowanie plonu owsa w latach badań mierzone wskaźnikiem (h^2) wykazywało tendencję malejącą (0,789; 0,621; 0,472). Również niestabilne pod względem genetycznego zróżnicowania okazały się wysokość roślin i odporność na wyleganie, natomiast termin wiechowania, zawartość łuski oraz odporność na rdzę koronową owsa charakteryzowały się wysokimi i stabilnymi wskaźnikami genetycznego zróżnicowania cech (h^2) przekraczającymi wartość 0,800. Silnym zróżnicowaniem odznaczyły się 2 cechy owsa; odporność na rdzę koronową (CV=57,3% w 2002 roku i 16,1% w 2004 roku) oraz wyleganie (CV = 10,9% w 2002, 13,7% w 2003 roku i 19,8% w 2004 roku), niskim natomiast wysokość roślin i plon ziarna. Stabilną zmiennością w 3 latach badań charakteryzowała się masa 1000 ziaren. Stwierdzono korzystne fenotypowe i genotypowe korelacje między plonem a odpornością na rdzę koronową owsa ($r_P=0,41^*$, $r_G = 0,49^*$) w 2002 roku i ($r_P = 0,47^*$, $r_G = 0,76^{**}$) w 2004 roku. Tylko w 2002 roku ujawniono niekorzystne współczynniki korelacji między badanymi cechami owsa między plonem a wyleganiem ($r_P= -0,42^*$, $r_G= -0,56^{**}$) oraz plonem a terminem wiechowania ($r_P = 0,51^{**}$, $r_G = 0,56^{**}$).

Słowa kluczowe: cechy fenotypowe, cechy użytkowe, genotypowe współczynniki korelacji, owies

The aim of the study was to estimate variability, a level of genetic variability and phenotypic and genotypic correlation between important agricultural traits in cultivars and strains of oats investigated in the series of preliminary trials carried out in the years 2002–2004. The experiments were performed in 6 plant breeding stations. The following seven traits were evaluated: grain yield, height of plants, date of heading, resistance to lodging, resistance to crown rust, 1000 grains weight and a content of hull. The yield of the oat ranged from 55.8 dt/ha in 2003 to 77.8 dt/ha in 2004. In 2003, the grain yield

was strongly affected by unfavourable weather conditions which caused lodging of plants and lowered the values of the other traits. The values of coefficients (h^2) for genetic effects upon oat showed the decreasing tendency in the years 2002, 2003 and 2004 (0.789, 0.621 and 0.472, respectively). The height of plants and the resistance to lodging also appeared unstable in respect of genetic variability. The h^2 coefficients characterizing the heading, hull content and resistance to crown rust were high (> 0.8) and stable. High variability characterized two traits: resistance to crown rust (CV = 57.3% in 2002, and 16.1% in 2004) and the resistance to lodging (CV = 10.9% in 2002, 13.7% in 2003, and 19.8% in 2004). Low variability was recorded for the yield of grain. The coefficient of variability for the weight of 1000 grains was stable throughout the study years. Desirable phenotypic and genotypic correlation between the grain yield and the resistance to crown rust was recorded in 2002 ($r_P = 0.41^*$, $r_G = 0.49^*$) and in 2004 ($r_P = 0.47^*$, $r_G = 0.76^{**}$). Undesirable correlation between the yield of grain and the resistance to lodging ($r_P = -0.42^*$, $r_G = -0.56^{**}$) and between the grain yield and the heading ($r_P = 0.51^{**}$, $r_G = 0.56^{**}$) was only found in 2002.

Key words: oat, phenotypic correlation genotypic correlation, useful traits

WSTĘP

Przeprowadzone w latach poprzednich badania zmienności oraz zależności i współzależności (Śmiałowski i in., 2002, 2003; Śmiałowski, 2003) pomiędzy ważnymi cechami użytkowymi owsa wykazały, że plenność nowych odmian owsa jarego w doświadczeniach wstępnych zależy od wysokiej odporności na rdzę koronową rodów owsa. Prowadzone prace hodowlane przyczyniły się również do przełamania niekorzystnej korelacji między wiechowaniem a plennością owsa. Wyniki tych prac dowodzą możliwości poprawienia wielu cech owsa w trakcie selekcji materiałów hodowlanych (Śmiałowski i in., 2002). Warunkiem jest rozpoczęcie hodowli i selekcji z możliwie szerokiego materiału wyjściowego o dużej zmienności (Rezai i in., 1988) a także znajomość korelacji fenotypowych i genotypowych pomiędzy cechami objętymi selekcją. Skuteczne wykorzystanie w selekcji owsa korelacji pomiędzy cechami opisuje Eagles i wsp. (1974), Machan i wsp. (1991), Peterson i wsp. (2005), Petr i wsp. (1966), Pixley i wsp. (1991), Johnson (1983), Takeda i wsp. (1976), Saad i wsp. (1979), Sawicki (1984) i Węgrzyn (1983). W celu wykorzystania w hodowli owsa, (zgodnie z opisanymi w literaturze wynikami), podjęto badania mające na celu poznanie zmienności, stopnia genetycznego różnicowania cech oraz fenotypowych i genotypowych korelacji pomiędzy ważnymi właściwościami rolniczymi kilkudziesięciu odmian i rodów owsa. Kontynuowane są prace z lat wcześniejszych, które obejmują liczne rody owsa z doświadczeń wstępnych z lat 1996–2000.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym w niniejszej pracy były grupy rodów i odmian owsa liczące w każdym roku od 25 do 30 rodów w tym 3 wspólne odmiany wzorcowe; Chwat, Deresz i Bohun. Doświadczenia polowe zakładane metodą losowanych bloków w 3 powtórzeniach na poletkach o powierzchni 10 m² w okresie 3 lat i 6 miejscowościach. W trakcie wegetacji mierzono wysokość roślin, odnotowano daty wyrzucania wiech, oceniano odporność na wyleganie i rdzę koronową, po żniwach ważono plon ziarna, a

w badaniach laboratoryjnych oceniano masę 1000 ziaren i zawartość łuski. Rdzę koronową i wyleganie oceniano w 1 lub 2 terminach. Plony ziarna zebrane z poletka przeliczono z kg na dt/ha i w tej postaci użyto do dalszych obliczeń. Analiza statystyczno-genetyczna obejmowała w każdym roku obliczenie; średnich wartości dla cech, współczynników zmienności (CV%), wskaźników genetycznego zróżnicowania cech (h^2) oraz oszacowanie ich błędów (tab. 1), korelacji fenotypowych (r_P) i genotypowych, (r_G , tab. 2). Do obliczeń parametrów statystyczno-genetycznych zastosowano program komputerowy FEGEKOR 3 (TP) opracowany w Zakładzie Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie przez Stanisława Węgrzynę.

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie przeprowadzonych doświadczeń polowych stwierdzono silne wahania plonowania rodów i odmian owsa; od przeciętnych w 2002 (65,0 dt/ha), niższych w 2003 (55,8 dt/ha), do wysokich w 2004 (77,8 dt/ha) (tab. 1).

Tabela 1

Parametry genetyczno-statystyczne cech użytkowych owsa w latach 2002–2004
Genetic-statistical parameters for useful traits in oat in the years 2002–2004

Cechy Traits	Średnie wartości cechy Average values for traits			Współczynniki zmienności CV Coefficients of variability CV			Wskaźniki genetycznego warunkowania (h^2) oraz błędy standardowe S.E. Coefficients of heritability (h^2) and standard errors (S.E.)		
							lata badań — years of study		
	2002	2003	2004	2002	2003	2004	2002	2003	2004
Plon ziarna (dt/ha) Yield of grain	65,0	55,8	77,8	13,4	9,2	7,9	0,789±0,046	0,621±0,047	0,479±0,040
Wysokość (cm) Plant height	101,4	86,4	96,9	6,9	7,8	17,3	0,881±0,060	0,472±0,056	0,919±0,039
Wyleganie (1–9) Lodging score	7,8	6,4	7,3	10,9	13,7	19,8	0,652±0,071	0,565±0,058	0,801±0,059
Wiechowanie No. of days to heading	38	43	47	11,9	5,9	6,7	0,942±0,056	0,852±0,097	0,930±0,047
Łuska (%) Hull	26,1	24,6	24,7	13,1	12,5	11,3	0,854±0,069	0,815±0,069	0,856±0,078
MTZ (g) 1000 grains weight	36,1	35,9	37,8	11,7	15,7	14,8	0,899±0,069	0,896±0,056	0,882±0,078
Rdza koronowa (1–9) Crown rust score	7,3	—	7,3	57,3	—	16,1	0,927±0,056	—	0,720±0,079

Istotną przyczyną różnej wysokości plonów były warunki klimatyczne, które powodowały silne wyleganie roślin owsa w 2003 roku a także obniżyły wartości większości cech. Przeprowadzona analiza statystyczno-genetyczna wykazała silne wahania wskaźników genetycznego zróżnicowania plonu owsa w kolejnych latach badań (tab. 1). Wartość tego parametru mierzona wskaźnikiem (h^2) spadała odpowiednio w kolejnych latach; 0,789, 0,621, 0,472 (tab. 1). Również niestabilne pod względem genetycznego zróżnicowania okazały się wysokość roślin i odporność na wyleganie, natomiast wiechowanie, zawartość łuski oraz odporność na rdzę koronową owsa charakteryzowały

się wysokimi i wyrównanymi wskaźnikami genetycznego zróżnicowania cech (h^2) przekraczającymi wartość 0,800 (tab. 1). Badane rody owsa jako gotowy produkt pracy hodowlanej różnią się skłonnością odmian na porażenie rdzą koronową lub odpornością na wyleganie. W latach silniejszego porażania się rodów owsa w 2002 i 2004 roku, rdza koronowa charakteryzowała się wysoką zmiennością (w 2002, CV = 57,3% a w 2004 roku, 16,1%). Natomiast zróżnicowanie rodów owsa pod względem odporności na wyleganie sukcesywnie zwiększało się w kolejnych latach i wynosiło w 2002 roku CV = 10,9%, w 2003, CV = 13,7% a w 2004, CV = 19,8% (tab. 1). Zjawisko to oznaczało pojawienie się form skłonnych do wylegania i wskazywało na stopniowo postępujące zróżnicowanie rodów owsa pod względem tej cechy. Niską i na ogół wyrównaną zmiennością w 3 latach badań charakteryzowały się: wysokość roślin, termin wiechowania, plon ziarna i masa 1000 ziaren (tab. 1). W tabeli 2 przedstawiono współczynniki korelacji fenotypowych i genotypowych pomiędzy badanymi cechami obliczone w latach 2002–2004.

Tabela 2

Fenotypowe i genotypowe współczynniki korelacji pomiędzy siedmioma cechami owsa
Phenotypic and genotypic coefficients of correlation among seven traits in oat

Cechy korelowane Traits correlated with:	Lata Years	Wysokość Plant height		Wyleganie Lodging		Wiechowanie No. of days to heading		zawartość łuski hull content (%)		MTZ 1000 grains weight		Rdza koronowa Crown rust	
		rP	rG	rP	rG	rP	rG	rP	rG	rP	rG	rP	rG
Plon ziarna Yields of grain	2002	0,05	0,06	-0,42*	-0,56**	0,51**	0,56**	0,11	0,22	0,09	0,07	0,45**	0,49**
	2003	0,17	0,18	0,03	0,12	0,26	0,35*	0,16	0,25	-0,11	-0,22	—	—
	2004	0,50**	0,82**	0,17	0,25	0,11	0,23	-0,25	-0,41**	0,12	-0,18	0,47**	0,76**
Wysokość Plant height	2002			-0,27	-0,32	0,01	-0,02	0,39*	0,42**	0,62**	0,69**	-0,14	-0,17
	2003			0,01	0,10	-0,42**	-0,83**	0,13	0,24	0,39*	0,48**	—	—
	2004			-0,28	-0,33*	-0,01	-0,02	-0,27	-0,29	0,25	0,32*	0,13	0,14
Wyleganie Lodging	2002					-0,31	-0,38*	0,11	0,15	0,12	0,15	-0,19	-0,26
	2003					0,03	0,09	0,16	0,21	0,22	0,48**	—	—
	2004					0,32*	0,39*	-0,08	-0,12	-0,20	-0,29	0,44*	0,47**
Wiechowanie No. days to headings	2002							0,07	0,09	-0,01	-0,08	0,12	0,13
	2003							-0,26	-0,34	-0,37*	-0,39*	—	—
	2004							-0,07	-0,08	-0,37*	-0,41**	0,30	0,35*
Zawartość łuski (%) Hull content	2002									0,25	0,33*	-0,32	-0,37*
	2003									-0,32	-0,38*	—	—
	2004									0,10	0,07	-0,26	-0,35*
MTZ TKW	2002											-0,01	-0,06
	2003											—	—
	2004											-0,16	-0,17

*, ** Istotne odpowiednio dla poziomu prawdopodobieństwa $P = 0,05$ lub $0,01$

*, ** Significant at $P = 0.05$ and 0.01 , respectively

rP — Fenotypowy współczynnik korelacji; Phenotypic coefficient of correlation

rG — Genotypowy współczynnik korelacji; Genotypic coefficient of correlation

Oceniając korelacje występujące między latami zauważa się dodatnie współczynniki korelacji pomiędzy plonem a odpornością na rdzę koronową owsa w 2002 ($rP = 0,41^*$, $rG = 0,49^*$) oraz w 2004 roku ($rP = 0,47^*$, $rG = 0,76^{**}$). Uzyskane wyniki potwierdzają wcześniejsze obliczenia (Śmiałowski i in., 2002), dotyczące silnej współzależności między

plonem a wysoką odpornością na rdzę koronową. Niekorzystna zależność między plonem owsa a odpornością na wyleganie ($r_P = -0,42^*$, $r_G = -0,56^{**}$) ujawniła się tylko w 2002 roku (tab. 2). Podobnie tylko w 2002 roku odnotowano niekorzystne korelacje fenotypowe i genotypowe między plonem a terminem wiechowania ($r_P = 0,51^{**}$, $r_G = 0,56^{**}$, tab. 2). Ten rezultat mógł być spowodowany sprzyjającymi warunkami ujawniającymi silne korelacje tylko w 2002 roku, przełamaniem niekorzystnych zależności, lub obu czynnikami równocześnie. Analizując pozostałe korelacje można zauważyć, że tylko w roku 2004 odnotowano istotną, korzystną, ale niskiej wartości korelację genotypową pomiędzy plonem a zawartością łuski ($r_G = -0,41^{**}$, tab. 2). Reasumując, na podstawie przeprowadzonej analizy statystyczno genetycznej można stwierdzić, że między badanymi cechami owsa nadal obserwuje się występowanie wielu niekorzystnych zależności. Mogą one utrudniać hodowcom skuteczną pracę w osiągnięciu postępu hodowlanego, zwłaszcza otrzymania rodów owsa o wyższej plenności połączonej z lepszymi parametrami rolniczymi, na co wskazują wyniki wcześniejszych badań (Śmiałowski i in., 2002).

WNIOSKI

1. Wyniki doświadczeń wstępnych z rodami i odmianami owsa wskazują na postęp hodowlany wyrażający się rosnącymi plonami rodów owsa w doświadczeniach w latach 2002–2004.
2. Wysoką zmiennością charakteryzowała się odporność na wyleganie i rdzę koronową owsa. Silne zróżnicowanie tych cech wskazuje na konieczność kontynuowania dalszych prac hodowlanych z rodami owsa w celu poprawienia ich właściwości.
3. Dla większości analizowanych cech owsa stwierdzono wysokie wskaźniki h^2 genetycznego zróżnicowania (z wyjątkiem plonu, wysokości roślin i odporności na wyleganie). Na tej podstawie można przypuszczać, że cechy owsa o wysokim wskaźniku h^2 powinny być w dużym stopniu niezależne od wpływów środowiskowych.
4. Nieliczne wysoce istotne współczynniki korelacji fenotypowe i genotypowe między cechami owsa obliczone w kolejnych latach ujawniły zarówno korzystne jak niekorzystne zależności. Silne korelacje genotypowe, między plonem a niektórymi cechami owsa szczególnie trudne do przełamania w procesie selekcyjnym mogą utrudniać postęp hodowlany. Pozytywny przykład przełamania niekorzystnej zależności stanowią wysoce istotne dodatnie korelacje fenotypowe i genotypowe pomiędzy plonem a odpornością na porażenie rdzą koronową odnotowana w 2002 i 2004 roku.

LITERATURA

- Eagles H. A., Frey K. J. 1974. Expected and actual gains in economic value of oat lines from five selection methods. *Crop Sci.* 14: 861 — 664.
- Johnson S. K., Hesel D. B., Frey K. J. 1983. Direct and indirect selection for grain yield in oat (*Avena sativa* L.). *Euphytica* 32 no. 3: 407 — 413.
- Machan. F., Vybiralova M. 1991. Methods of indirect selection in oat breeding. *Genetika a Šlechtění* 27: 29 — 38.

- Peterson D. M., Wesenberg D. M., Barrup D. E., Erickson Ch. A. 2005. Relationships among agronomic traits and grain composition in oat genotypes grown in different environments. *Crop Sci.* 45: 1249 — 1255.
- Petr F. C., Frey K. J. 1966. Genotypic correlation, dominance, and heritability of quantitative characters in oats. *Yield Sci.*: 259 — 280.
- Pixley K. V., Frey K. J. 1991. Inheritance of test weight and its relationships with grain yield of oat. *Crop Sci.* 31: 36 — 40.
- Rezai A., Frey K. J. 1988. Variation and relation to geographical distribution of wild oats (*Avena sativa* L.). *Euphytica* 33: 407 — 413.
- Takeda K., Frey K. J. 1976. Contribution of vegetative growth rate and harvest index to grain yield of progenies from *Avena sativa* × *A. sterilis* crosses. *Crop Sci.* 16: 817 — 821.
- Saad El Din, Mohamed Sami. 1979. Selection indexes for assigning economic values to oat lines. PhD. Dissertation. Iowa State Univ., Ames, Iowa. Diss. Abstr.: 169.
- Sawicki J. 1984. Struktura plonu u odmian i rodów owsa raz udział jej komponentów w kształtowaniu plonu ziarna. *Acta Agraria et Silvestra* Vol. XXIII: 59 — 77.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2002. Zmienność oraz genetyczne uwarunkowanie ważnych cech u rodów i odmian owsa (*Avena sativa* L.). *Biul. IHAR* 223/224: 186 — 194.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2003. Zastosowanie analizy współczynników ścieżek do oceny współzależności elementów struktury plonu owsa jarego (*Avena sativa* L.). *Biul. IHAR* 229: 85 — 93.
- Śmiałowski T. 2003. Zmienność oraz zależność między plonem a cechami użytkowymi owsów oplewionych, nieoplewionych i wczesnych. *Biul. IHAR* 230: 399 — 408.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S., Nita Z., Werwińska K. 2003. Dziedziczenie cech warunkujących plon owsa jarego. *Biul. IHAR* 226/227: 345 — 352.
- Węgrzyn S. 1983. Znaczenie korelacji w hodowli roślin. *Zeszyty Probl. PNR* 290: 15 — 21.

RAFAL KURIATA ¹ARTUR TOPOLSKI ²¹Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu²Hodowla Roślin Rolniczych Nasiona Kobierzyc sp. z o.o.

Wartość hodowlana linii wsobnych kukurydzy z hodowli w Kobierzycach

Breeding value of maize inbred lines originating from the breeding in Kobierzyc

Materiał badawczy stanowiło 12 linii wsobnych krzyżowanych z czterema testerami (układ czynnikowy). Doświadczenie zostało założone metodą bloków niekompletnych w trzech powtórzeniach. W okresie wegetacji oraz po zbiorze roślin oceniono: odporność na krzewienie i porażenie głownią oraz zawartość suchej masy i plon ziarna. Stwierdzono istotność wariancji GCA i SCA dla wszystkich badanych cech, najwięcej korzystnych efektów stwierdzono u linii 1728-5. W dziedziczeniu wszystkich cech większą rolę odgrywają geny o działaniu addytywnym.

Słowa kluczowe: heterozja, kukurydza, zdolność kombinacyjna

Combining ability of forty-eight crosses obtained by crossing 12 inbred lines with four testers was investigated in 2004 using factorial design North Carolina Design II. The experiment was carried out using incomplete block design with three replications. The following traits were evaluated: resistance to tillering, resistance to infection with smut, dry matter content and grain yield. GCA and SCA variations were statistically significant for all the traits. Line 1728-5 was characterized by the greatest number of statistically significant and positive effects. The GCA values were higher than the SCA ones for all traits studied. This finding indicates the importance of additive gene action.

Key words: combining ability, heterosis, maize

WSTĘP

Obecna hodowla kukurydzy opiera się na wykorzystaniu zjawiska heterozji mieszańców linii wsobnych. W pierwszych latach dwudziestego wieku, niezależnie od siebie zapoczątkowali tę metodę dwaj Amerykanie Shull i East (Rebenbauer, 1964).

Nowoczesne rolnictwo i sektory produkcji z nim związane stawiają wysokie wymagania mieszańcom kukurydzy (Michalski, 1997). Dla uzyskania wysokoplennych mieszańców o dobrej jakości niezbędne są odpowiednio dobrane linie wsobne o dobrej, a najlepiej bardzo dobrej zdolności kombinacyjnej. Posiadanie dobrych linii wsobnych ma zasadnicze znaczenie nie tylko dla uzyskania dużego efektu heterozji w mieszańcach, ale też dla

tworzenia nowych jeszcze lepszych linii kolejnego cyklu chowu wsobnego i możliwości wyboru dobrych testerów do ich selekcji.

Mimo wielu hipotez starających się wyjaśnić heterozję (bujność pokolenia F_1), takich choćby jak hipoteza naddominacji i dominacji, zjawiska tego nie udało się wyjaśnić w zadawalający sposób. W świetle tych faktów ocena zdolności kombinacyjnej linii wsobnych i decyzja związana z doбором testerów, wyboru pokolenia do testowania i właściwą interpretacją wyników staje się jedną z ważniejszych (obok doboru i sposobu krzyżowania materiałów wyjściowych) decyzji hodowlanych.

Zdolność kombinacyjną ocenia się stosując metody doświadczalne i parametry statystyczno genetyczne (Hoffman i in., 1979). Do parametrów tych zalicza się wartość kombinacyjną ogólną (GCA) i swoistą (SCA). Ogólna wartość kombinacyjna jest to średnia wartość cechy ilościowej mieszańców, uzyskanej przez krzyżowanie badanej formy w licznych kombinacjach. Ocena dotyczy więc pojedynczej formy rodzicielskiej krzyżowanej z pewną liczbą partnerów i jest miarą średniej wartości gamet jednego z rodziców, siły ich addytywnego oddziaływania. Addytywne działanie genów ma charakter ustalony i stanowi o genetycznym uwarunkowaniu cechy. Im wyższa jest część addytywna wariancji, tym wyższa jest wariancja GCA.

Swoista wartość kombinacyjna wyraża różnicę pomiędzy przewidywaną ogólną wartością kombinacyjną a rzeczywistą wartością określonej kombinacji krzyżówkowej. Odnosi się, więc do pojedynczych kombinacji krzyżówkowych, których wartość może być niższa lub wyższa od ogólnej wartości kombinacyjnej i jest częścią nieaddytywnej siły działania genów (Ubysz-Borucka i in., 1985; Griffing, 1956). Składniki wariancji nieaddytywnej (SCA), dominacji i interakcji (epistazy) są wysoce niestabilne. Wielkość stosunku ilorazu GCA do SCA daje możliwość oceny sposobu działania genów warunkujących daną cechę (Lipińska, 1985).

Układ czynnikowy pozwala na obliczenie zarówno GCA, jak i SCA. Ocena GCA pozwala na wybór linii o dobrej zdolności przekazywania najkorzystniejszych cech potomstwu i w efekcie rezygnację z krzyżowań z liniami słabymi. Ocena SCA ma znaczenie dla hodowli odmian mieszańcowych, ponieważ pozwala na znalezienie najlepszych kombinacji, w których jest łączona wysoka zdolność GCA i SCA.

Celem pracy była ocena zdolności kombinacyjnych linii wsobnych kukurydzy znajdujących się w kolekcji roboczej Hodowli Roślin Rolniczych Nasiona Kobierzyc i ustalenie sposobu działania genów warunkujących niektóre podstawowe cechy użytkowe.

MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem analiz było 48 mieszańców, uzyskanych w wyniku krzyżowania 12 linii wsobnych (S5) z 4 testerami w układzie czynnikowym (North Carolina II Design). Wśród linii matecznych było 5 form kukurydzy zębokształtnej (dent), 3 formy kukurydzy szklistej (flint) i 4 formy pośrednie (semident). Wśród użytych testerów (2 linie i 2 SC): K202 × K208 i S245 to formy dent; K186 × K194 i S41324A2 to formy flint. Linie użyte jako testery to jedne z czołowych linii z hodowli w Smolicach i Kobierzycach. Badane linie

mateczne zostały uzyskane z 4 SC, 4 mieszańców i 1 syntetyka. Linie te przeszły wcześniej selekcję fenotypową i na poziomie S3, S4 testowanie na GCA z 2 testerami SC.

W 2004 roku założono w HRR Nasiona Kobierzyc w Kobierzycach doświadczenie metodą bloków niekompletnych w trzech powtórzeniach na czarnej ziemi. Zmianowanie na polu doświadczalnym obejmuje trzy rośliny w następstwie: kukurydza, pszenica jara, bobik. Nasiona do siewu zaprawiono mieszaniną zaprawy Vitawax i Gaucho. Przed siewem zastosowano nawożenie mineralne: N-140 kg/ha, P₂O₅-84 kg/ha, K₂O-128 kg/ha i w celu zwalczania chwastów oprysk Primextra Gold + Gesaprim 90 WP w dawce 3,0 l + 0,3 kg/ha. Siew punktowy został przeprowadzony 22 kwietnia na poletkach 2-rzędkowych o powierzchni 5 m² w rozstawie rzędów 75 cm. Połowę (50%) wschodów obserwowano 4 maja, a 19 czerwca dokonano przerywki do obsady 18 roślin i rozstawy 18,6 cm w rzędzie.

W czasie wegetacji roślin przeprowadzono oprócz obserwacji wschodów następujące obserwacje: liczba roślin na poletku, liczba roślin porażonych przez głównię guzową (*Ustilago maidis*), odporność na krzewienie roślin (w skali 9°). Po mechanicznym zbiorze oznaczono procent zawartości suchej masy i obliczono plon ziarna przy wilgotności 15%.

Podczas sezonu wegetacyjnego w maju i czerwcu zanotowano dłuższe okresy niskich temperatur, co z pewnością miało wpływ na wydłużenie wegetacji i obniżenie plonu w stosunku do lat ubiegłych (2002–2003) bardzo korzystnych dla kukurydzy.

Korzystając z programu Explan przeprowadzono analizę wariancji cech ilościowych, następnie wykorzystując średnie oszacowano ogólną i swoistą zdolność kombinacyjną. W celu sprawdzenia hipotez zerowych mówiących o zerowych efektach GCA linii i testerów oraz zerowych efektach SCA badanych mieszańców zastosowano statystykę F.

Opierając się na wartościach średnich kwadratów GCA i SCA określono sposoby działania genów.

WYNIKI

Przeprowadzona analiza wariancji pozwoliła stwierdzić istotność efektów ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej dla wszystkich badanych cech (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech
Mean squares of variability for investigated traits

Źródło zmienności Variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat — Mean square			
		plon ziarna grain yield	zawartość suchej masy dry matter content	odporność na krzewienie tillering resistance	porażenie głównią smutted plants
GCA linii GCA of lines	11	5,75**	19,41**	19,37**	387,10**
GCA testerów GCA of testers	3	20,46**	131,54**	58,55**	138,18*
SCA mieszańców SCA of hybrids	33	1,86**	2,47**	4,79**	71,0**
Błąd — Error	91	0,58	0,97	2,18	35,69

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

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

Podobne wyniki dla plonu ziarna, zawartości suchej masy i porażenia głownią uzyskali Kadłubiec i wsp. (2000) oraz Kuriata i wsp. (2003), dla plonu ziarna Mostafa i wsp. (1996), a dla zawartości suchej masy Zieger (1987).

Istotnie dodatnimi efektami dla plonu ziarna charakteryzują się cztery linie: 1693-4, 1706-26, 1728-5 i 1741-8, trzy inne linie charakteryzuje również efekt istotny, jest to jednak efekt ujemny. U czterech spośród badanych linii matecznych stwierdzono dla zawartości suchej masy istotnie dodatnie efekty GCA: 1700-1, 1728-5, 1736-3 i 1747-42, linie te w swoim potomstwie zwiększają na korzyść wartość tej cechy. U trzech innych linii wykazano również istotność efektów, jednak przyjmowały one ujemne wartości. Charakterystyczną rzeczą jest, że linie o dodatnich efektach GCA dla plonu wykazują jednocześnie ujemny efekt GCA dla zawartości suchej masy w ziarnie i odwrotnie, jedynie linia 1728-5 posiada oba te efekty dodatnie. W przypadku odporności na krzewienie przeprowadzona analiza pozwoliła stwierdzić istotność dodatnich efektów GCA dla czterech linii są to: 1653-379, 1728-5, 1736-3 i 1747-42. Wśród badanych linii matecznych trzy linie (1653-379, 1693-4 i 1749-34) charakteryzuje istotnie ujemny efekt ogólnej zdolności kombinacyjnej dla porażenia głownią. Oznacza to, że ich potomstwo powinno charakteryzować się większą odpornością na porażenie przez głownię, natomiast trzy linie o dodatnim efekcie GCA wywierają ujemny wpływ na wartość cechy w swoim potomstwie. Wśród badanych linii największą liczbę korzystnych efektów posiada linia 1728-5, u której stwierdzono dodatni efekt ogólnej zdolności kombinacyjnej dla plonu ziarna, zawartości suchej masy oraz dla odporności na krzewienie. Na uwagę zasługuje też linia 1693-4, która przy dodatnim efekcie GCA dla plonu ziarna nie powoduje ujemnego efektu dla suchej masy, a przy tym zachowuje korzystny ujemny efekt dla porażenia głownią (tab. 2).

Tabela 2

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej linii matecznych
Effects of general combining ability of mother lines

Linie Lines	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Odporność na krzewienie Tillering resistance	Porażenie głownią Smutted plants
1653-379	0,35	0,00	0,90*	-6,50**
1673-5	-0,01	0,27	0,42	-2,41
1693-4	0,80**	0,29	-1,46**	-5,29**
1700-1	-0,32	0,87**	0,65	2,14
1706-26	0,62**	-1,66**	-1,26**	-1,98
1728-5	0,62**	0,72*	0,96*	4,55*
1728-6	-0,66**	0,16	0,66	6,84**
1736-3	-0,08	0,86**	1,41**	14,08**
1741-5	-0,45*	-0,26	-0,78	-3,07
1741-8	0,92**	-2,04**	-0,35	-3,07
1747-42	-1,71**	2,63**	1,52**	0,3
1749-34	-0,08	-1,84**	-2,67**	-5,59**

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

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

Wykazano w przypadku wszystkich testerów istotność efektów GCA dla plonu ziarna, jednak tylko dwa, tj. S41324A-2 i S245 charakteryzuje efekt dodatni. Dla zawartości suchej masy dwa testery charakteryzują się dodatnimi efektami ogólnej zdolności kombinacyjnej (S41324A-2 i K202 × K208). Linia S41324A-2 cechuje się dodatnim efektem zarówno dla plonu ziarna jak i zawartości suchej masy. Korzystne, istotnie dodatnie efekty GCA dla odporności na krzewienie stwierdzono w przypadku dwu testerów tj. S245 i K186 × K194. Dla porażenia przez głownię jedynie linia S41324A-2 charakteryzuje się korzystnym, istotnie ujemnym efektem GCA (tab. 3).

Wśród 48 badanych mieszańców stwierdzono istotność efektów SCA w przypadku plonu ziarna dla 13 kombinacji linii rodzicielskich, z których 7 charakteryzuje się dodatnim efektem. Ocena efektów SCA dla zawartości suchej masy wykazała ich istotność u 11 badanych kombinacji linii rodzicielskich, z których sześć wyróżnia się efektem dodatnim. Analizując odporność na krzewienie stwierdzono, że siedem badanych mieszańców charakteryzuje efekt istotny, natomiast korzystny dodatni przejawia pięć spośród nich. Trzy spośród badanych mieszańców charakteryzuje się korzystnym, istotnie ujemnym efektem SCA dla porażenia przez głownię (tab. 4).

Tabela 3

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej testerów
Effects of general combining ability of testers

Tester	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Odporność na krzewienie Tillering resistance	Porażenie głownią Smutted plants
S41324A-2	0,80**	1,03**	-1,52**	-2,88**
K186 × K194	-0,39**	-2,70**	0,92**	1,79*
S245	0,49**	-0,05	1,26**	0,89
K202 × K208	-0,90**	1,72**	-0,66**	0,21

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

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

Tabela 4

Efekty swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców
Effects of specific combining ability of hybrids

Mieszaniec Hybrid	Plon ziarna Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Odporność na krzewienie Tillering resistance	Porażenie głownią Smutted plants
1	2	3	4	5
1653-379 × S41324A2	-0,27	-0,28	0,43	2,82
1653-379 × K186*K194	-0,99*	1,03*	-0,82	-3,35
1653-379 × S245	0,42	-0,76	-1,00	-1,10
1653-379 × K202*K208	0,84*	0,00	1,39	1,64
1673-5 × S41324A2	-0,04	0,06	-0,56	0,41
1673-5 × K186*K194	0,68*	-0,12	0,35	-1,79
1673-5 × S245	-0,16	-1,02*	-0,78	4,15
1673-5 × K202*K208	-0,49	1,08*	0,99	-2,77
1693-4 × S41324A2	-0,42	-0,07	-0,52	-0,15
1693-4 × K186*K194	0,10	-0,07	1,74*	-2,64

c.d. Tabela 4

1	2	3	4	5
1693-4 × S245	0,10	0,48	1,65*	-1,26
1693-4 × K202*K208	0,22	-0,34	-2,78**	4,05
1700-1 × S41324A2	0,33	-0,41	-0,20	-0,47
1700-1 × K186*K194	1,07**	-0,30	0,47	-2,18
1700-1 × S245	-0,39	0,90	-0,73	2,79
1700-1 × K202*K208	-1,01**	-0,19	0,46	-0,15
1706-26 × S41324A2	0,05	0,09	-0,33	-3,38
1706-26 × K186*K194	-0,88*	-0,06	0,65	3,12
1706-26 × S245	0,10	0,14	0,55	-1,31
1706-26 × K202*K208	0,74	-0,18	-0,88	1,58
1728-5 × S41324A2	0,71	0,81	0,96	-5,72
1728-5 × K186*K194	0,57	-1,74**	-0,73	10,15**
1728-5 × S245	-1,36**	1,26*	-0,55	-2,70
1728-5 × K202*K208	0,07	-0,33	0,32	-1,73
1728-6 × S41324A2	1,08**	-1,78**	0,27	-3,52
1728-6 × K186*K194	0,09	-0,14	-0,40	4,14
1728-6 × S245	-0,03	1,66**	-0,56	2,88
1728-6 × K202*K208	-1,14**	0,26	0,68	-3,51
1736-3 × S41324A2	-1,58**	0,34	1,81*	7,29*
1736-3 × K186*K194	0,32	0,18	-0,82	-0,75
1736-3 × S245	1,76**	-1,16*	-1,07	-5,13
1736-3 × K202*K208	-0,50	0,64	0,08	-1,41
1741-5 × S41324A2	-0,13	-0,50	-1,69*	0,34
1741-5 × K186*K194	-0,18	0,61	1,09	-6,69*
1741-5 × S245	-0,11	0,28	0,41	-2,84
1741-5 × K202*K208	0,42	-0,40	0,19	9,19**
1741-8 × S41324A2	-0,39	0,13	-2,03**	5,51
1741-8 × K186*K194	-0,47	0,48	1,10	-7,86*
1741-8 × S245	0,62	-0,55	1,08	2,91
1741-8 × K202*K208	0,25	-0,06	-0,15	-0,55
1747-42 × S41324A2	0,13	0,03	1,69*	-3,89
1747-42 × K186*K194	-0,18	-0,77	-1,18	11,49**
1747-42 × S245	0,26	-0,71	-1,39	-0,22
1747-42 × K202*K208	-0,20	1,45**	0,88	-7,37*
1749-34 × S41324A2	0,53	1,56**	0,15	0,76
1749-34 × K186*K194	-0,13	0,90	-1,45	-3,64
1749-34 × S245	-1,20**	-0,53	2,40**	1,84
1749-34 × K202*K208	0,80*	-1,9**	-1,09	1,04

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Wszystkie ilorazy średnich kwadratów GCA i SCA były większe od 1, co świadczy o przewadze genów o działaniu addytywnym nad nieaddytywnymi w dziedziczeniu badanych cech, co potwierdzają badania innych autorów (Kadłubiec i in., 2000).

WNIOSKI

1. Stwierdzono istotność wariancji GCA i SCA dla wszystkich analizowanych cech.
2. Linia 1728-5 charakteryzuje się dodatnim efektem GCA dla plonu ziarna, suchej masy, jak też dla odporności na krzewienie.

3. Przewaga addytywnego działania genów determinuje wszystkie analizowane cechy.

LITERATURA

- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. Austr. J. Biological Sci. 9: 463 — 492.
- Hoffman W., Mudra A., Plarre W. 1979. Szczegółowa hodowla roślin. PWRiL, Warszawa.
- Kadłubiec W., Karwowska C., Kurczyk Z., Kuriata R., Wilczowska-Kurczyk S. 2000. Zdolność kombinacyjna linii wsobnych kukurudzy. Biul. IHAR 216: 371 — 377.
- Kuriata R., Kadłubiec W., Adamczyk J., Cygiert H. 2003. Analiza dialleliczna mieszańców pojedynczych kukurudzy. Biul. IHAR 230: 417 — 422.
- Lipińska J. 1985. Ogólna i swoista zdolność kombinacyjna w hodowli roślin. Biul. IHAR 156: 91 — 101.
- Michalski T. 1997. Kukurydza jako surowiec dla przemysłu. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 450: 201 — 217.
- Mostafa M. A. N., Al. Aziz A.A.A, Mahgoub G. M. A., El Sherbiney H. Y. S. 1996. Diallel analyses of grain yield and natural resistance to late wilt disease in newly developed inbred lines of maize. Bulletin of Faculty of Agriculture, University of Cairo. 47 (3): 393 — 403.
- Ruebenbauer T. 1964. Kukurydza. PWRiL, Warszawa.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński W. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych w hodowli roślin. Wydawn. SGGW-AR, Warszawa.
- Zieger G. 1987. Results obtained from maize crossing series (*Zea mays* L.) with consequences for breeding. II. Assessment of variances components from tester crosses. Archiv für Züchtungsforchung 17 (6): 381 — 386.

RAFAŁ KURIATAKatedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Analiza dialleliczna cech ilościowych mieszańców F₁ kukurydzy (*Zea mays* L.)

Diallel analysis of quantitative traits of single crosses in maize (*Zea mays* L.)

Badano 8 linii wsobnych i 28 mieszańców otrzymanych w wyniku krzyżowania w układzie półdiallelicznym wg drugiej metody Griffinga. Doświadczenia założono metodą losowanych bloków w 3 powtórzeniach w trzech miejscowościach w latach 2001–2002. Ziarno wysiano punktowo na 2 rzędowych poletkach o powierzchni 5 m² w rozstawie rzędów 75 cm. W okresie wegetacji wykonano następujące pomiary: wysokości roślin i wysokości osadzenia pierwszej kolby, długość kolby, grubość kolby, masa ziaren z kolby. Po zbiorze określono zawartość suchej masy w ziarnie i plon ziarna. Wykazano istotne interakcje miejscowości i lat dla wszystkich badanych cech. Analizując efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej wyróżniono linię S245, charakteryzującą się korzystnymi efektami GCA, które jednak nie są stabilne, oraz linię K2577A, która cechuje się stabilnym efektem GCA dla zawartości suchej masy. Wśród badanych kombinacji linii rodzicielskich na uwagę zasługuje mieszańiec S245×S43523, którego charakteryzują dodatnie i stabilne efekty SCA. W dziedziczeniu większości badanych cech stwierdzono przewagę działania genów nieaddytywnych nad genami o działaniu addytywnym.

Słowa kluczowe: kukurydza, krzyżowanie dialleliczne, zdolność kombinacyjna

Progenies from a half diallel (second Griffing's model) cross involving 8 inbreed lines were grown with their parents in 2001–2002 at three locations. The experiment was carried out using randomized complete blocks design with three replications. Each experimental unit consisted of two rows spaced 75 cm apart. Data were recorded for plant height, ear height, ear length, ear diameter, grain yield from ear, dry matter content and grain yield. Line S245 was characterised by positive GCA effects which showed significant interaction with years and locations. Hybrid S245×S43523 was characterised by positive effects for all the traits except dry matter content. The GCA/SCA variance ratios suggest nonadditive gene actions for almost all studied traits.

Key words: combining ability, diallel design, maize

WSTĘP

Uzyskanie odmiany mieszańcowej kukurydzy jest procesem czasochłonnym i złożonym. Wśród kilku etapów hodowli jednym z bardziej istotnych jest ocena wartości uzyskanych linii. Ocena ta ma zarówno charakter wizualny, jak również pomiarów

biometrycznych. Do najważniejszych z badanych cech należy zaliczyć: plon ziarna, zawartość suchej masy, wysokość roślin, wysokość osadzenia pierwszej kolby oraz inne cechy decydujące o plonie.

Plon ziarna jest cechą zależną od masy kolby, długości kolby, grubości kolby, wysokości roślin i wysokości zawieszenia pierwszej kolby (Królikowski, 1975; Landi i in., 1986; Kumar i in., 1999). W dziedziczeniu tej cechy zasadniczą rolę odgrywają geny działające nieaddytywnie (Królikowski, 1973; Dehghanpour i in., 1997).

Mieszańce uprawiane z przeznaczeniem na ziarno w czasie zbioru powinny charakteryzować się wysoką zawartością suchej masy, co przyczynia się do zmniejszenia kosztów dosuszania ziarna. Formy wczesne charakteryzują się większą zawartością suchej masy, lecz jednocześnie niższym plonem. Na szybkość oddawania wody przez ziarno dodatnio wpływają: opóźnienie zasychania liści okrywowych kolb, grubość perikarpium (Królikowski, 1989) oraz liczba liści okrywowych (Królikowski, 2001). Nie potwierdzono, że linie i mieszańce o ziarnie zęboksztalnym oddają szybciej wodę w porównaniu do form szklistych (Królikowski, 2000).

Wysokość roślin jak i wysokość osadzenia pierwszej kolby są cechami, od których zależy plon. Wysokość zawieszenia pierwszej rozwiniętej kolby ma znaczenie ze względu na przystosowanie roślin do mechanicznego zbioru. Zbyt nisko znajdujące się kolby mogą zostawać na roślinach lub są uszkodzane przez maszyny. Jest ona dodatnio skorelowana z wysokością roślin. Formy zęboksztalne zwykle mają wyżej osadzoną kolbę niż formy o ziarnie szklistym. W dziedziczeniu tych cech istotną rolę odgrywa dominowanie (Królikowski, 1973, 1975, 1977; Debnath i Sarkar, 1987; Dehghanpour i in., 1997).

Celem pracy była ocena wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy krzyżowanych w układzie diallelicznym, tj. oszacowanie efektów ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 28 mieszańców pojedynczych pokolenia F_1 oraz 8 linii rodzicielskich. Krzyżowanie linii w układzie półdiallelicznym zostało wykonane w 2000 roku. Linie wsobne użyte w programie krzyżowań zostały udostępnione przez „Hodowlę Roślin Smolice”. Linie K1653 i K2577A zostały wyhodowane w niemieckiej firmie Nordsaat, pozostałe pochodzą ze Smolic.

Doświadczenie z 28 mieszańcami pokolenia F_1 oraz 8 liniami rodzicielskimi założono na polach doświadczalnych „Hodowli Roślin Smolice” w dwóch miejscowościach: Łagiewniki i Dubin oraz na polu doświadczalnym Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach w latach 2001–2002. Nasiona wysiano na poletkach dwurzędowych o powierzchni 5 m^2 w rozstawie rzędów wynoszącej 75 cm. Docelowa ilość roślin na poletkach w Łagiewnikach i Dubinie wynosiła 40 roślin, co dało obsadę 8 roślin na 1 m^2 , natomiast w Kobierzycach na poletkach znajdowało się po 36 roślin, co dało obsadę wynoszącą 7,19 roślin na 1 m^2 .

W okresie wegetacji roślin, po kwitnieniu wykonano na dwudziestu losowo wybranych roślinach z każdego poletka następujące pomiary: wysokość roślin, wysokość zawieszenia

pierwszej kolby (cm), oba te pomiary zostały wykonane z dokładnością do 1 cm. Przed zbiorom pobrano losowo z każdego poletka po pięć kolb, na których po wysuszeniu wykonano następujące pomiary: długość kolby (cm), grubość kolby (cm), masa ziaren z kolby (g). Zbiór doświadczeń został wykonany mechanicznie. Po zbiorze określono procentową zawartość suchej masy w ziarnie, oraz obliczono plon ziarna z 1 ha.

Obliczenia statystyczne zostały przeprowadzone na wartościach średnich z każdego poletka. Wykonano analizę wariancji według modelu mieszanego. Wszystkie przeprowadzone testy ogólne przedstawione są za pomocą statystyki F. Wyraża ona stosunek dwóch odpowiednich średnich kwadratów, z wyjątkiem testu dla GCA i SCA, który oparty jest na wielowymiarowej statystyce Hotellinga T^2 , przekształcanej następnie w statystykę F, oraz testach interakcji GCA $\times$ lata, SCA $\times$ lata i GCA $\times$ miejscowości i SCA $\times$ miejscowości opartych na statystyce Hotellinga-Lawleya T_0^2 , także przekształcanej w statystykę F. Otrzymane wartości statystyki F porównuje się z odpowiednimi wartościami krytycznymi na poziomie istotności 0,05 i 0,01. Wykonano analizę ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej. Wartość ilorazu GCA do SCA większa od 1 wskazuje na przewagę genów o działaniu addytywnym w dziedziczeniu cechy ilościowej, natomiast mniejsza od 1 świadczy o przewadze genów o działaniu nieaddytywnym (Lipińska, 1985). Do analizy statystyczno-genetycznej został wykorzystany program Sergen w wersji 3.0.

WYNIKI

Analiza wariancji pozwoliła stwierdzić istotność interakcji lat z miejscowościami w przypadku wszystkich badanych cech, interakcji efektów GCA z latami i miejscowościami w przypadku plonu, zawartości suchej masy i wysokości roślin nie można całkowicie wyjaśnić za pomocą regresji względem efektów głównych lat i środowisk, jest to możliwe w przypadku masy ziarna z kolby (tab. 1).

Analiza efektów GCA linii biorących udział w krzyżowaniu pozwoliła wyróżnić linię S245, która w swoim potomstwie podnosi poziom plonowania oraz korzystnie wpływa na wartość pozostałych cech z wyjątkiem zawartości suchej masy gdzie stwierdzono istotny ujemny efekt (tab. 2). W przypadku tej linii istotną interakcję efektów GCA z latami i miejscowościami stwierdzono dla plonu ziarna, zawartości suchej masy, wysokości roślin oraz wysokości zawieszenia 1 kolby (tab. 3). Linia K2577A charakteryzuje się dodatnim istotnym efektem GCA dla zawartości suchej masy efekt ten zachowuje stabilność w latach i miejscowościach badań. Pozostałe istotne efekty GCA tej linii mają wartość ujemną i również zachowują się stabilnie.

Analiza wariancji pozwoliła stwierdzić istotność interakcji lat z miejscowościami oraz istotność interakcji SCA z latami i miejscowościami dla plonu, zawartości suchej masy oraz grubości kolby.

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności ogólnej zdolności kombinacyjnej badanych cech użytkowych
Mean squares of GCA for the investigated traits

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Plon Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Wysokość roślin Plant height	Wysokość zawieszenia 1 kolby Ear height	Długość kolby Ear length	Grubość kolby Ear diameter	Masa ziarna z kolby Ear grain yield
Lata Years	1	58,56	1877,18	28,50	1102,52	84,75	1,11	103,00
Miejscowości Locations	2	5,70	43,69	127,79	5115,76	3,4	0,07	10,36
Lata × miejscowości Years × location	2	5,18**	267,47**	107,46**	2629,77**	6,71**	0,08**	12,04**
GCA	7	1,78	11,03	6,24	129,22	2,68	0,05	4,24
GCA × lata GCA × years	7	0,12	0,54	0,28	9,25	0,08	0,004	0,19
GCA × miejscowości GCA × locations	14	0,07	0,25	0,06	5,08	0,04	0,001	0,02
GCA × lata × miejscowości GCA × years × location	14	0,04**	0,27**	0,04**	1,0	0,05	0,002	0,07**
Regresja względem środowiska Regression on environment	7	0,04	0,42	0,02	0,36	0,03	0,001	0,13
Odchylenie od regresji Regression deviation	7	0,04*	0,13**	0,06**	1,64	0,07	0,0001	0,01
Błąd Error	420	0,14	0,18	0,16	6,12	0,55	0,01	0,31

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$ * Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$ ** Significant at $\alpha = 0.01$

Interakcji tej w przypadku plonu i zawartości suchej masy nie można wyjaśnić za pomocą regresji względem efektów interakcji lat z miejscowościami (tab. 4). Wśród badanych kombinacji linii rodzicielskich na uwagę ze względu na efekty SCA zasługuje kombinacja S245×S43523, która charakteryzuje się istotnym efektem dla plonu ziarna oraz pozostałych cech z wyjątkiem zawartości suchej masy, nie stwierdzono istotności interakcji efektów SCA z latami i miejscowościami. Mieszaniec S245×K1653 jako jedyny charakteryzuje się jednocześnie dodatnim efektem SCA dla plonu ziarna i zawartości suchej masy, jednakże efekt ten dla plonu ziarna nie jest stabilny. Ponadto dodatni i istotny efekt u tego mieszańca stwierdzono dla wysokości roślin, wysokości zawieszenia 1 kolby oraz masy ziarna z kolby (tab. 5 i 6).

Obliczona wartość ilorazu GCA do SCA jedynie w przypadku zawartości suchej masy była znacznie większa od 1, co wskazuje na przewagę genów o działaniu addytywnym w dziedziczeniu tej cechy w pozostałych przypadkach wartość ta była znacznie mniejsza od 1 co wskazuje na przewagę genów o działaniu nieaddytywnym.

Tabela 2

Ocena efektów GCA
Evaluation of GCA effects

Linia Line	Plon Grain yield	F emp.	Zawartość suchej masy Dry matter content	F emp.	Wysokość roślin Plant height	F emp.	Wysokość zawiesze- nia 1 kolby Ear height	F emp.	Masa ziarna z kolby Ear grain yield	F emp.	Długość kolby Ear length	F emp.	Grubość kolby Ear diameter	F emp.
S160	0,22	6,59	1,21*	70,14	-9,15**	3094,10	-1,39*	22,78	4,5	6,76	0,04	0,19	0,01	0,29
S245	0,99**	136,82	-2,33**	114,64	18,13**	191,85	2,65*	19,11	8,1**	264,53	0,48*	35,34	0,08*	20,20
S41806A	0,31	18,20	-1,74*	48,23	6,06**	345,25	4,15**	335,45	10,8**	293,72	0,01	0,02	0,16**	248,99
K1653	-0,11	5,41	-0,12	0,91	8,32**	277,76	1,18*	30,94	-0,3	0,15	0,56**	1280,96	-0,11*	72,68
S41324A-2	0,13	4,31	1,31	12,34	-10,70**	188,44	-6,22**	106,73	3,6	3,86	0,72*	77,69	0,03	1,31
K2577A	-0,37	12,91	0,93**	573,81	8,4	0,61	0,21	0,46	-8,0**	128,23	-0,37*	88,53	-0,01	1,54
S48566-3	-0,80**	2542,18	0,61*	32,86	9,42**	1168,80	-6,78**	757,05	-4,9**	626,98	-0,05	0,11	-0,01	0,85
S43523	-0,38	15,96	0,13	0,84	2,39	11,47	6,20**	404,54	-13,8**	750,37	-1,39**	663,01	-0,14*	42,64

$F_{\text{tab}(0,05)} = 18,5$, $F_{\text{tab}(0,01)} = 98,50$ dla testowania indywidualnego

Critical values for individual testing at level $\alpha = 0.05$ and $\alpha = 0.01$

$F_{\text{tab}(0,05)} = 158,5$, $F_{\text{tab}(0,01)} = 798,50$ dla testowania jednoczesnego

Critical values for simultaneous testing at level $\alpha = 0.05$ and $\alpha = 0.01$

Tabela 3

Wartość statystyki F_{emp} dla interakcji efektów GCA z latami i miejscowościami
The value of F-statistic for interaction of GCA effects with years and locations

Linia Line	Plon Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Wysokość roślin Plant height	Wysokość zawieszenia 1 kolby Ear height	Długość kolby Ear length	Grubość kolby Ear diameter	Masa ziarna z kolby Ear grain yield
S160	3,61*	7,94**	0,12	0,95	1,24	3,87*	6,55**
S245	3,51*	18,11**	7,44**	4,13*	0,83	2,21	0,54
S41806A	2,56	24,15**	0,46	0,58	0,52	0,71	0,86
K1653	1,04	5,89**	1,08	0,50	0,03	1,29	1,52
S41324A-2	1,94	53,66**	2,64	4,07*	0,83	4,20*	7,46**
K2577A	5,10**	0,57	4,98**	1,12	0,20	0,97	1,09
S48566-3	0,15	4,31*	0,33	0,68	3,16*	0,31	0,08
S43523	4,32*	8,23**	2,17	1,06	0,36	3,37*	0,56

 $F_{\text{tab}(0,05)} = 3,02$
 $F_{\text{tab}(0,01)} = 4,66$

Tabela 4

Średnie kwadraty zmienności swoistej zdolności kombinacyjnej badanych cech użytkowych
Mean squares of SCA for the investigated traits

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Plon Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Wysokość roślin Plant height	Wysokość zawiesz- nia 1 kolby Ear height	Długość kolby Ear length	Grubość kolby Ear diameter	Masa ziarna z kolby Ear grain yield
Lata Years	1	58,56	1877,18	28,50	1102,52	84,75	1,11	103,00
Miejscowości Locations	2	5,70	43,69	127,79	5115,76	3,40	0,07	10,36
Lata × miejscowości Years × locations	2	5,18**	367,47**	107,46**	2629,77**	6,71**	0,08**	12,04**
SCA	28	15,31	3,34	13,77	328,24	8,35	0,11	23,91
SCA × lata SCA × years	28	0,47	1,38	0,36	25,75	0,62	0,01	0,38
SCA × miejscowości SCA × locations	56	0,33	0,6	0,13	6,48	0,65	0,01	0,28
SCA × lata × miejscowości SCA × years × locations	56	0,30**	0,55**	0,13	5,33	0,51	0,01*	0,24
Regresja względem środowiska Regression on environment	28	0,23	0,57	0,15	6,8	0,15	0,01	0,37
Odchylenie od regresji Regression deviation	25	0,37**	0,54**	0,12	3,86	0,86	0,01	0,11
Błąd Error	420	0,14	0,18	0,16	6,12	0,55	0,01	0,31

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

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

** Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 5

Ocena efektów SCA
Evaluation of GCA effects

Mieszańce Hybrids	Plon Grain yield	F emp.	Zawartość suchej masy Dry matter content	F emp.	Wysokość roślin Plant height	F emp.	Wysokość zawieszenia 1 kolby Ear height	F emp.	Długość kolby Ear length	F emp.	Grubość kolby Ear diameter	F emp.	Masa ziarna z kolby Ear grain yield	F emp.
S160×S245	0,45	7,80	-0,56	1,88	18,42**	1120,76	10,24**	115,75	0,94*	45,57	0,27	6,62	19,50*	50,98
S160×s41806A	0,75	11,33	0,23	0,75	17,34**	115,77	11,14**	128,77	0,50	5,40	0,00	1,78	2,90	4,17
S160×K1653	1,38**	351,36	-0,62	7,24	15,70**	108,12	5,10*	26,85	0,92*	55,23	0,02*	67,33	22,9**	345,83
S160×S41324A-2	1,66*	58,09	-0,62	18,39	15,90**	234,15	3,29*	35,66	1,48**	99,25	0,08*	21,57	21,0**	425,91
S160×K2577A	1,58*	75,26	-0,59*	18,86	13,40*	63,62	7,78**	107,82	0,55	8,77	0,06	2,63	11,80*	26,35
S160×48566-3	2,50**	163,61	0,16	1,07	22,46**	671,33	10,45**	358,51	2,69	4,10	0,03	0,68	18,90**	159,76
S160×43523	1,37*	25,01	0,78	4,72	6,91*	55,08	2,43	3,64	0,76*	40,26	0,07	4,29	13,70*	56,35
S245×S41806A	-0,12	0,39	0,72	2,06	9,30**	244,71	2,93	4,33	-0,06	0,16	0,00	0,01	2,00	0,32
S245×K1653	1,67*	22,79	0,78*	25,66	14,52**	180,65	6,21*	41,39	0,41	8,89	0,15	17,57	20,40**	98,55
S245×S41324A-2	1,94*	34,50	0,43*	69,21	15,54*	62,78	1,74**	193,93	0,83*	18,70	0,26*	37,57	32,00**	136,94
S245×K2577A	2,63**	108,67	-1,28	11,91	16,86**	412,38	7,51*	79,67	1,38**	201,73	0,19**	155,48	29,00**	1393,74
S245×S48566-3	2,03*	67,37	-0,41	3,61	17,54**	123,72	8,31**	327,29	0,51	16,64	0,18**	101,27	20,60**	319,81
S245×S43523	2,76**	1377,64	-1,00*	30,30	16,17**	1863,76	8,85**	694,82	2,17**	386,63	0,01**	367,00	37,30**	3278,25
S41806A×K1653	1,18**	262,34	0,15	0,53	13,15*	60,58	7,83**	457,53	0,41*	70,38	0,10	18,46	14,80**	570,80
S41806A×S41324A-2	1,97*	54,19	-0,54	13,53	22,42*	49,85	5,35	6,70	1,35**	238,88	0,17*	34,57	30,10**	2159,98
S41806A×K2577A	2,36*	162,11	-0,98	10,50	21,68**	341,01	9,40**	161,77	1,84**	186,34	0,15*	46,06	28,80**	193,35
S41806A×S48566-3	1,63**	143,80	-1,27*	72,14	18,96*	51,90	9,92*	90,05	1,40**	277,51	0,15*	54,57	23,50**	965,15
S41806A×S43523	1,46*	32,38	-1,07	7,29	6,39*	20,36	3,39*	65,76	2,50**	316,53	0,14*	39,40	26,80**	106,94
K1653×S41324A-2	2,19**	103,13	-0,20	0,08	16,32**	234,35	9,70**	128,60	1,10*	44,39	0,07	7,52	18,40*	27,41
K1653×K2577A	1,35*	30,61	1,04*	56,15	11,79*	85,14	5,84*	72,67	1,15*	45,78	0,07*	52,72	19,20**	661,63
K1653×S48566-3	1,94**	244,76	-0,16	0,08	19,43**	164,94	10,24*	28,19	1,01*	19,53	0,14*	37,45	25,40**	1104,55
K1653×S43523	1,24*	48,94	-0,63*	21,59	13,96**	109,92	10,64**	1294,37	1,15**	366,47	0,00	0,01	14,70**	167,22
S41324A-2×K2577A	0,29	5,36	-0,45**	141,43	8,03	9,24	3,69	6,80	0,12	0,26	0,03	0,42	2,50	0,66
S41324A-2×S48566-3	0,77**	114,59	-0,60	6,30	5,59*	77,55	4,95*	36,24	0,37	7,50	0,15	12,85	10,70	10,65
S41324A-2×S43523	-0,06	0,16	-0,75	6,33	12,53**	486,80	8,41**	135,76	-0,35*	33,61	0,14	1,30	-4,60	2,82
K2577A×S48566-3	-1,01*	27,99	1,14	9,79	-4,23	6,14	0,62	1,44	-0,44	3,58	0,02	0,99	-7,30*	32,57
K2577A×S43523	0,24	0,46	-0,24	4,03	17,40**	629,68	9,29**	358,23	-0,11	0,45	-0,01	0,12	-0,60	0,31
S48566-3×S43523	-0,97	5,41	1,14	16,18	7,98*	57,76	2,56*	19,34	0,26	2,52	0,01	0,14	5,90	8,95

$F_{\text{tab}(0,05)} = 18,51$, $F_{\text{tab}(0,01)} = 98,50$ dla testowania indywidualnego
 $F_{\text{tab}(0,05)} = 558,5$, $F_{\text{tab}(0,01)} = 2798,5$ dla testowania jednoczesnego

Critical values for individual testing at level $\alpha = 0.05$ and $\alpha = 0.01$
Critical values for simultaneous testing at level $\alpha = 0.05$ and $\alpha = 0$,

Tabela 6

Wartość statystyki F_{emp} dla interakcji efektów SCA ze latami i miejscowościami
 The value of F-statistic for interaction of SCA effects with years and locations

Mieszaniec Hybrid	Plon Grain yield	Zawartość suchej masy Dry matter content	Wysokość roślin Plant height	Wysokość zawieszenia 1 kolby Ear height	Długość kolby Ear length	Grubość kolby Ear diameter	Masa ziarna z kolby Ear grain yield
S160×S245	1,33	6,84**	0,14	1,08	0,26	8,27**	1,72
S160×s41806A	2,56	2,83	1,20	1,15	0,62	0,01	0,47
S160×K1653	0,29	2,16	1,05	1,16	0,20	0,39	0,35
S160×S41324A-2	2,37	0,86	0,50	0,36	0,29	0,21	0,24
S160×K2577A	1,69	0,74	1,30	0,67	0,45	1,16	1,23
S160×48566-3	1,99	1,00	0,35	0,36	23,46**	0,80	0,52
S160×43523	3,96*	5,26**	0,40	1,94	0,19	0,79	0,78
S245×S41806A	1,71	10,23**	0,16	2,36	0,31	2,57	2,83
S245×K1653	6,25**	0,98	0,54	1,11	0,26	0,97	0,97
S245×S41324A-2	5,63**	0,11	1,78	0,02	0,49	1,36	1,73
S245×K2577A	3,37*	5,6**	0,32	0,84	0,13	0,18	0,14
S245×S48566-3	3,24*	1,94	1,15	0,25	0,21	0,24	0,31
S245×S43523	0,28	1,34	0,06	0,13	0,16	0,09	0,09
S41806A×K1653	0,27	1,88	1,32	0,16	0,03	0,39	0,09
S41806A×S41324A-2	3,76*	0,87	4,66**	5,10	0,10	0,73	0,10
S41806A×K2577A	1,88	3,76*	0,64	0,65	0,24	0,37	0,99
S41806A×S48566-3	0,92	0,91	3,20*	1,30	0,09	0,32	0,13
S41806A×S43523	3,37*	6,40**	0,93	0,21	0,26	0,38	1,56
K1653×S41324A-2	2,37	21,96**	0,53	0,87	0,37	0,57	2,86
K1653×K2577 A	3,01	0,78	0,75	0,56	0,39	0,08	0,13
K1653×S48566-3	0,83	12,88**	1,06	4,44*	0,70	0,41	0,14
K1653×S43523	1,58	0,74	0,82	0,10	0,05	0,37	0,30
S41324A-2× K2577A	0,82	0,06	3,23*	2,38	0,72	1,19	2,26
S41324A-2×S48566-3	0,30	2,35	0,19	0,81	0,25	1,27	2,51
S41324A-2×S43523	1,10	3,64*	0,15	0,62	0,05	11,72**	1,71
K2577A×S48566-3	1,96	5,43**	1,35	0,32	0,71	0,31	0,38
K2577A×S43523	6,47**	0,60	0,22	0,29	0,35	0,35	0,29
S48566-3×S43523	8,96**	3,27*	0,51	0,40	0,35	0,23	0,89

 $F_{\text{tab}(0,05)} = 3,02$
 $F_{\text{tab}(0,01)} = 4,66$

WNIOSKI

1. Wykazano istotność interakcji lat z miejscowościami.
2. Analizując efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej wyróżniono linię S245, charakteryzującą się korzystnymi efektami GCA, które jednak nie są stabilne, oraz linię K2577A, która cechuje się stabilnym efektem GCA dla zawartości suchej masy.
3. Wśród badanych kombinacji linii rodzicielskich na uwagę zasługuje mieszaniec S245×S43523, którego charakteryzują dodatnie i stabilne efekty SCA.
4. W dziedziczeniu większość badanych cech stwierdzono przewagę działania genów nieaddytywnych nad genami o działaniu addytywnym.

LITERATURA

- Debnath S. C., Sarkar K. R. 1987. Diallel analysis of plant and ear height in maize. *Acta Agronomica Hungarica* 36: 1–2: 77 — 87.
- Dehghanpour Z., Ehdaie B., Moghaddam M., Griffing B., Hayman B. I. 1997. Diallel analysis of agronomic characters in white endosperm corn. *J. Genetics and Breeding* 50 (4): 357 — 365.
- Królikowski Z. 1973. Szacowanie ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy krzyżowanych w układzie diallelicznym. *Biul. IHAR* 3 (4): 39 — 47.
- Królikowski Z. 1975. Dziedziczenie cech ilościowych na podstawie diallelicznych krzyżowań. *Hod. Rośl. Aklim.* 19 (3): 187 — 221.
- Królikowski Z. 1989. Szybkość oddawania wody przez ziarno niektórych linii i mieszańców kukurydzy. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 382: 263 — 270.
- Królikowski Z. 2000. Analiza ubytku wody z kolb linii wsobnych i mieszańców kukurydzy (*Zea mays* L.) o szklistym i zębokształtnym bielmie. *Biul. IHAR* 215: 245 — 253.
- Królikowski Z. 2001. Zmienność liczby liści okrywowych kolb linii wsobnych kukurydzy (*Zea mays* L.) na tle różnych środowisk. *Biul. IHAR* 217: 139 — 150.
- Kumar Alok, Gangashetti M. G., Anju-Dahiya, Kumar A, Dahiya A. 1999. Analysis of direct and indirect effects for quantitative traits in diallel crosses of maize (*Zea mays*). *Annals of-Biology Ludhiana*, 15 (2): 173 — 176.
- Landi P., Camussi A., Verderio A., Lorenzoni C. 1986. Combining ability of early maize (*Zea mays* L.) inbred lines as evaluated under conditions of double cropping. *Maydica* 31: 369 — 377.
- Lipińska J. 1985. Ogólna i swoista zdolność kombinacyjna w hodowli roślin. *Biul. IHAR* 156: 91 — 101.

WŁADYSŁAW KADŁUBIEC¹**RAFAŁ KURIATA**¹**CECYLIA KARWOWSKA**²**ZBIGNIEW KURCZYCH**²¹ Akademia Rolnicza we Wrocławiu, Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa² Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc”

Ocena zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy (*Zea mays* L.)

Estimation of combining ability of inbred lines of maize (*Zea mays* L.)

Badano potomstwo pochodzące ze skrzyżowania 6 linii wsobnych formy dent z 8 testerami. Doświadczenie założono metodą bloków niekompletnych w dwóch powtórzeniach, w dwóch miejscowościach. Wykonano pomiary następujących cech: plonu ziarna z poletka przy 15% wilgotności, procentowej zawartości suchej masy w ziarnie, procentu roślin porażonych głownią, procentu roślin wyległych przed zbiorem oraz odporności na krzewienie. Wykonano analizę wariancji dla ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej oraz oszacowano efekty GCA i SCA. Stwierdzono zróżnicowanie środowisk pod względem badanych cech. Wykazano istotną interakcję efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej dla wszystkich cech za wyjątkiem plonu ziarna. Na uwagę zasługuje linia 1390-19 zwiększająca u potomstwa zawartość suchej masy w ziarnie oraz linia 1417-3 zwiększająca odporność na krzewienie. Istotną interakcję efektów swoistej zdolności kombinacyjnej ze środowiskami stwierdzono dla wszystkich badanych cech. Na wyróżnienie zasługują linie tworzące mieszańca 1390-19 × K324 o dodatnich efektach SCA dla plonu i odporności na krzewienie w obu miejscowościach oraz linia 1560-5 i K324 o dodatnich efektach dla zawartości suchej masy.

Słowa kluczowe: kukurydza, plon, zdolność kombinacyjna

Offspring of 6 maternal dent lines crossed with 8 testers were investigated. The experiments were carried out at two locations with two replications using incomplete block design. Data were recorded for grain yield, dry matter content, lodging before harvest, tillering and smutted plants. Analyses of general and specific combining ability were done. There were significant differences between environments for all traits. Interactions GCA and SCA effects with environments were significant for all traits except grain yield. Lines 1390-1; 1417-3 and hybrids 1390-19 × K324 and 1560-5 × K324 were the most valuable.

Key words: combining ability, maize, yield

WSTĘP

Wartością często stosowaną w pracach genetyczno-hodowlanych do oceny linii i ich potomstwa jest zdolność kombinacyjna. Wyodrębnia się dwie wielkości: ogólną zdolność kombinacyjną (GCA) i swoistą zdolność kombinacyjną (SCA) (Griffing, 1956). Parametry te znajdują różne zastosowanie w hodowli. Ocena GCA ma większe znaczenie w przypadku hodowli odmian obcopylnych i syntetycznych, natomiast ocena SCA znajduje zastosowanie w hodowli odmian gdzie wykorzystuje się zjawisko heterozji. Znając wartość wariancji ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej można określić wartość ich wzajemnego stosunku, a to pozwala na wnioskowanie o sposobie działania genów warunkujących badaną cechę (Lipińska, 1985). Ocena obu tych parametrów jest możliwa tylko wtedy, gdy badany materiał spełnia pewne ściśle określone warunki tzn. jest wyrównany genetycznie i pochodzi z określonego układu krzyżowania, który umożliwia bądź to ocenę tylko pierwszego parametru bądź obu jednocześnie (Ubysz-Borucka i in., 1985; Węgrzyn, 1996; Gilbert, 1958).

Celem badań było oszacowanie zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy.

MATERIAŁ I METODY

Badano 48 mieszańców pojedynczych otrzymanych ze skrzyżowania 6 linii wsobnych, zębkształtnych (1390-19, 1417-3, 1560-10, 1560-17, 1560-5, 1560-24) z 8 testerami (K182, K188, K194, K231, K296, K324, K376, S335) w układzie czynnikowym. Linie z symbolem K są hodowli własnej Kobierzyc natomiast z symbolem S są hodowli Smolice. Po serii doświadczeń ustalono linie: 1560-5, 1560-17, 1565-24 i uzyskały odpowiednie symbole: K431, K432, K433. Pozostałe linie były nieustalone o stopniu wsobności S₇. Linie zostały wyprowadzone z mieszańców pojedynczych krajowych i zagranicznych oraz z kombinacji linii zagranicznych oraz z krzyżówek wypierających. Doświadczenie założono metodą bloków niekompletnych w dwóch powtórzeniach, w dwóch miejscowościach (Kobierzycie i Smolice). Ziarno wysiano 22 kwietnia 2004 roku na poletkach 5 m² w dwóch rzędkach a zbioru dokonano 28 września. Zastosowano następujące nawożenie: 140 kg N, 84 kg P₂O₅, 128 kg K₂O na hektar. Wykonano oprysk herbicydem PRIM EXTRA 3l plus 0,3 kg Gesparim 90 na hektar. Wykonano pomiary następujących cech: plonu ziarna z poletka przy 15% wilgotności, procentowej zawartości suchej masy w ziarnie, procentu roślin porażonych głownią, procentu roślin wyległych przed zbiorem oraz odporności na krzewienie. Wykonano analizę wariancji na średnich z 2 miejscowości dla ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz oszacowano efekty GCA i SCA.

WYNIKI

Wykonana analiza wariancji wykazała istotność zróżnicowania środowisk dla wszystkich badanych cech, istotność interakcji GCA ze środowiskami dla procentu roślin porażonych głownią, odporności na krzewienie, procentu roślin wyległych przed zbiorem, zawartości suchej masy (tab. 1). Istotność interakcji GCA ze środowiskami dla suchej masy

stwierdzili także Dhillon i wsp. (1990). Dla plonu ziarna interakcja GCA ze środowiskami była nieistotna, podobnie jak w badaniach Cross (1975). Istotność interakcji SCA ze środowiskami stwierdzono dla wszystkich badanych cech. Istotność interakcji SCA ze środowiskami dla suchej masy wykazali Dhillon i wsp. (1990), a dla plonu ziarna Cross (1975).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech
Mean squares of investigated traits

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square				
		procent roślin porażonych gównia percentage of smutted plant	odporność na krzewienie tillering resistance	procent roślin wyległych przed zbiorem percentage of lodged plants	zawartość suchej masy w ziarnie dry matter content	plon ziarna grain yield
Środowiska Environments	1	1302,85*	131,92*	36,30*	145,90*	94,81*
GCA	5	4,11	1,80	18,01	4,51	1,92
GCA × środowiska GCA × environments	5	4,68*	1,68*	18,48*	0,25*	0,09
SCA	35	26,32	1,16	27,85	2,55	0,60
SCA × środowiska SCA × environments	35	23,30*	1,14*	22,30*	1,28*	0,55*
Błąd Error	100	6,15	0,54	8,71	0,31	0,29

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

Tabela 2

Ocena efektów GCA linii w poszczególnych środowiskach
GCA effects of lines across environments

Linia Line	Procent roślin porażonych gównia Percentage of smutted plant		Odporność na krzewienie Tillering resistance		Procent roślin wyległych przed zbiorem Percentage of lodged plants		Zawartość suchej masy w ziarnie Dry matter content		Plon ziarna Grain yield	
	K	S	K	S	K	S	K	S	K	S
1390-19	-0,99	0,25	-1,55	-0,16*	0,97	0,96	1,99	0,99*	-1,27	-1,23
1417-3	-4,55	0,10*	1,95	0,03*	11,17	0,02*	1,48	1,96	-0,31	-0,98*
1560-10	-1,32	-0,05	1,14	0,03*	-5,70	0,56*	0,39	-0,33*	-0,86	-0,33*
1560-17	2,47	-0,52*	-0,30	0,03	-3,98	0,26*	-1,16	-1,10	1,00	1,20
1560-5	3,67	0,12*	-2,74	0,03*	-1,40	0,17	-0,27	0,40*	0,47	0,16
1560-24	0,72	0,10	1,51	0,03	-1,07	-1,97	-2,48	-1,92*	0,97	1,17

* Różnice istotne między miejscowościami na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant differences between locations at $\alpha = 0.05$

K — Kobierzyce

S — Smolice

Analizując efekty GCA w środowiskach dla procentu roślin porażonych przez gównię stwierdzono istotność ich różnicy dla linii 1417-3, 1560-17 i 1560-5. W przypadku odporności na krzewienie istotne różnice GCA stwierdzono dla czterech badanych form

rodzicielskich, a dla wylegania przed zbiorem dla trzech. W przypadku zawartości suchej masy wykazano istotność różnic GCA dla czterech linii, z których należy wyróżnić linię 1390-19, która zwiększa zawartość suchej masy w ziarnie potomstwa w badanych środowiskach. Dwie linie charakteryzuje istotna różnica ich efektu GCA ze środowiskami dla plonu ziarna.

Istotne różnice efektów swoistej zdolności kombinacyjnej w środowiskach dla procentu roślin porażonych stwierdzono u 12 mieszańców, z których kombinacje 1417-3 × K376 i 1560-5 × K376 charakteryzują się największym efektem ujemnym. Dla odporności na krzewienie wykazano istotność różnic u 10 kombinacji krzyżówkowych podobnie jak dla wylegania przed zbiorem. Największymi dodatnimi efektami SCA dla wylegania przed zbiorem charakteryzowały się linie tworzące mieszańce 1560-5 × K324, 1417-3 × S335 i 1560-17 × K182. U 17 form mieszańcowych dla zawartości suchej masy wykazano istotność różnic efektów SCA w środowiskach. Pozostałe kombinacje linii charakteryzowały się stabilnym efektem SCA w obu miejscowościach. Dla plonu ziarna 7 kombinacji linii rodzicielskich wykazano istotność różnic SCA w środowiskach, natomiast pozostałe charakteryzowały się stabilnymi efektami (tab. 3).

Tabela 3

Ocena efektów SCA dla poszczególnych kombinacji linii w środowiskach
SCA effects of hybrids across environments

Mieszaniec Hybrid	Procent roślin porażonych głównia Percentage of smutted plant		Odporność na krzewienie Tillering resistance		Procent roślin wyległych przed zbiorem Percentage of lodged plants		Zawartość suchej masy w ziarnie Dry matter content		Plon ziarna Grain yield	
	K	S	K	S	K	S	K	S	K	S
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1390-19 × K182	0,55	0,77	0,89	0,16	10,06	1,21*	0,26	-1,07*	-0,55	-0,28
1390-19 × K188	4,85	-0,87	-0,20	-1,09	-7,85	1,82*	-0,51	1,56*	0,14	0,18
1390-19 × K194	-0,70	0,78	2,05	0,15*	3,58	-0,33	-0,56	-1,13	0,73	0,63
1390-19 × K231	5,56	0,79	-2,28	0,15*	-1,02	-3,07	-2,26	-0,07*	0,08	0,73
1390-19 × K296	-5,37	-1,08	-2,03	0,16*	0,98	1,28	-0,82	0,84*	-0,04	-1,36*
1390-19 × K324	-2,58	-0,46	2,80	0,16*	-1,20	-5,50	1,72	-0,04*	0,10	1,40*
1390-19 × K376	-5,73	-0,72	-0,94	0,16	-2,38	3,39	1,52	-1,87	0,29	-0,23
1390-19 × S335	3,44	0,79	-0,28	0,16	-2,25	1,22	0,64	1,78	-0,76	-1,07
1417-3 × K182	1,22	-0,31	-0,11	-0,03	-0,42	-1,45	0,56	0,06	-0,30	1,28*
1417-3 × K188	2,66	-0,73	0,80	0,22	3,83	-2,33	1,61	0,28	1,35	0,39
1417-3 × K194	9,88	2,18*	-1,44	-0,03	-12,02	-0,64*	-3,22	-0,66*	-1,13	0,59*
1417-3 × K231	-3,37	-0,31	-0,78	-0,03*	-0,11	1,71	0,42	0,41	1,20	-1,40*
1417-3 × K296	3,37	0,31	1,97	-0,03	-8,10	1,80*	0,17	-1,23*	-0,49	-0,68
1417-3 × K324	1,02	-0,32	-0,70	-0,03	14,16	1,78*	2,49	0,08*	-0,40	0,45
1417-3 × K376	-9,08	-0,51*	0,05	-0,03	-6,94	-3,04	-0,66	-0,35	0,09	-0,43
1417-3 × S335	-5,70	-0,31	0,22	-0,03*	9,61	2,16*	-1,35	1,40*	-0,31	-0,20
1560-10 × K182	2,53	-0,15	-1,80	-0,03	-1,96	0,57	-0,06	-0,84	-0,37	-0,49
1560-10 × K188	2,25	1,92	1,61	0,22	-1,17	-2,94	-0,88	0,03	0,01	0,82
1560-10 × K194	-0,29	-1,42	-0,63	-0,03	4,77	-1,18	0,58	-0,16	0,49	-0,33
1560-10 × K231	-2,43	-0,16	0,03	-0,03	1,49	-0,18	0,67	-0,09	-0,38	-0,10
1560-10 × K296	-2,37	0,47	1,28	-0,03	1,98	-0,08	-0,28	-0,03	0,14	0,20

c.d. Tabela 3

1	2	34	4	5	6	7	8	9	10	11
1560-10 × K376	-8,14	-0,35*	-0,13	-0,03	4,33	-2,46	1,06	1,55	0,38	0,24
1560-10 × S335	6,35	-0,16*	1,03	-0,03	-11,02	0,24*	-1,23	-1,35	0,27	0,56
1560-17 × K182	1,13	0,32	-1,87	-0,03*	-6,84	2,06*	0,59	0,83	-0,04	-0,98
1560-17 × K188	-4,36	-0,11	-1,45	0,22	2,62	-0,13	-1,63	-0,90	-0,33	-0,74
1560-17 × K194	1,46	-0,95	0,80	-0,03	1,66	1,51	0,72	-0,54	-0,43	-0,26
1560-17 × K231	-6,15	0,31*	1,47	-0,03	4,18	4,21	1,43	-0,62*	-0,55	0,45
1560-17 × K296	16,04	-0,31*	-0,78	-0,03	3,04	-0,93	0,64	1,44	0,18	1,09
1560-17 × K324	-1,68	0,31	0,05	-0,03	-2,99	-3,73	-2,10	-0,75*	0,01	0,44
1560-17 × K376	-7,81	0,12*	2,30	-0,03*	3,96	1,47	-0,19	0,42	0,25	-0,05
1560-17 × S335	1,36	0,31	-0,53	-0,03	-5,63	-4,46	0,54	0,12	0,91	0,05
1560-5 × K182	-2,76	-0,32	3,07	-0,03*	3,28	-1,60	0,01	0,57	0,88	-0,11
1560-5 × K188	-1,39	0,53	-0,51	0,22	2,81	5,515	-0,94	-1,35	-0,51	-0,48
1560-5 × K194	-5,28	-0,27	0,24	-0,03	1,86	-0,71	0,64	0,05	-0,27	0,40
1560-5 × K231	-3,27	-0,33	1,90	-0,03*	-2,82	-4,78	0,35	0,47	-0,58	-0,84
1560-5 × K296	-5,81	0,30*	-1,34	-0,03	4,74	-0,84	-0,44	-0,97	0,91	0,49
1560-5 × K324	-1,56	0,95	-0,51	-0,03	-5,65	2,83*	0,48	2,65*	0,10	0,31
1560-5 × K376	18,77	-0,52*	-1,76	-0,03	1,38	-0,68	0,32	0,56	-0,20	0,73
1560-5 × S335	1,35	-0,33	-1,09	-0,03	-5,60	0,63	-0,42	-1,99*	-0,33	-0,50
1560-24 × K182	-2,67	-0,31	-0,18	-0,03	-4,12	-0,80	-1,35	0,45*	0,38	0,58
1560-24 × K188	-4,00	-0,73	-0,26	0,22	-0,25	-1,56	2,36	0,37*	-0,66	-0,17
1560-24 × K194	-5,07	-0,32	-1,01	-0,03	0,14	1,35	1,84	2,43	0,61	-1,02*
1560-24 × K231	9,68	-0,31*	-,34	-0,03	-1,71	2,11	-0,61	-0,10	0,22	1,15
1560-24 × K296	-5,81	0,31*	0,96	-0,03	-2,65	-1,23	0,72	-0,04	-0,70	0,26
1560-24 × K324	2,69	-0,32	-0,26	-0,03	-5,98	-1,41	-2,74	-2,83	0,74	-1,71*
1560-24 × K376	11,99	1,99*	0,49	-0,03	-0,34	1,32	-2,04	-0,31*	-0,81	-0,26
1560-24 × S335	-6,81	-0,31*	0,66	-0,03	14,90	0,21*	1,82	0,04*	0,22	1,16

* Różnice istotne między miejscowościami na poziomie $\alpha = 0,05$ * Significant differences between locations at $\alpha = 0,05$

K — Kobierzyce

S — Smolice

WNIOSKI

1. Stwierdzono nieistotność składników ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej.
2. Wykazano istotną interakcję ogólnej zdolności kombinacyjnej dla wszystkich cech za wyjątkiem plonu ziarna oraz istotną interakcję swoistej zdolności kombinacyjnej ze środowiskami dla wszystkich badanych cech.
3. Na uwagę zasługuje linia 1390-19 zwiększająca u potomstwa zawartość suchej masy w ziarnie oraz linia 1417-3 zwiększająca odporność na krzewienie.
4. Na wyróżnienie zasługują linie tworzące mieszańca 1390-19 × K324 o dodatnich efektach SCA dla plonu i odporności na krzewienie w obu miejscowościach oraz linie 1560-5, K324 o dodatnich efektach dla zawartości suchej masy.

LITERATURA

- Cross H. Z. 1975. Diallel analysis duration and rate of grain filling of seven inbred lines of corn. *Crop Sci.* 15: 532 — 535.
- Dhillon B. S., Gurrath P. A., Zimmer E., Wermke M., Pollmer W. G., Klein D. 1990. Analysis of diallel crosses of maize for variation and covariation in agronomic traits at silage and grain harvests. *Maydica* 35: 297 — 302.
- Gilbert N. E. G. 1958. Diallel cross in plant breeding. *Heredity*, 12: 477 — 492.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9:463 — 492.
- Lipińska J. 1985. Ogólna i swoista zdolność kombinacyjna w hodowli roślin. *Biul. IHAR* 156: 91 — 101.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński W. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych w hodowli roślin. Wydawnictwo SGGW-AR, Warszawa.
- Węgrzyn S. 1996. Teoretyczne oszacowanie komponentów wariancji genetycznych w czynnikowym modelu krzyżowania. *Biul. IHAR* 200: 7 — 13.

WŁADYSŁAW KADŁUBIEC**SYLWIA LEWANDOWSKA****RAFAŁ KURIATA**

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa

Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Ocena podobieństwa linii wsobnych kukurydzy (*Zea mays* L.)

The estimation of similarity of inbred lines of maize (*Zea mays* L.)

Badano 18 linii wsobnych kukurydzy o bardzo zróżnicowanym pochodzeniu. Linie wyprowadzono z form: amerykańskiej, francuskiej, niemieckiej i węgierskiej oraz z mieszańców pojedynczych i międzyliniowych. Wybrano losowo po 5 roślin z każdej linii, na których dokonano pomiarów następujących cech: długości i grubości kolby, liczby rzędów ziaren na kolbie, liczby ziaren z kolby, masy kolby i ziarna z kolby, grubości osadki oraz zawartości suchej masy w ziarnie. Do oceny podobieństwa linii zastosowano analizę skupień metodą średnich skupień na podstawie odległości euklidesowych. Analizowane linie zgodnie z pochodzeniem zostały podzielone na grupy. Wykorzystano również analizę regresji wielokrotnej do określenia zależności masy ziarna z kolby od pozostałych cech. Otrzymany model w 94% dopasowany jest do danych empirycznych. Masę ziarna z kolby determinują przede wszystkim liczba ziaren z kolby oraz masa kolby.

Słowa kluczowe: analiza regresji wielokrotnej, analiza skupień, linie wsobne, mieszańce pojedyncze

Eighteen inbred maize lines of different origin were tested. The lines were derived from American, French, German and Hungarian forms and from hybrids. Five plants of each line were chosen at random to evaluate the following features: ear length, ear diameter, number of grain rows in a cob, number of grains per cob, cob weight, grain yield from one cob, rachis diameter and dry matter content. Cluster analysis using a mean cluster method based on Euclidean distance was applied to estimate a similarity of maize lines. The lines were divided into groups based on their origin. Moreover, a multiple regression analysis was used to assess the extent to which the grain yield from one cob is affected by the other features. The model so obtained is fitted in 94% to the empirical data. It was found that the grain yield from one cob is determined mainly by a number of grains in the cob and cob weight.

Key words: cluster analysis, inbred lines, multiple regression analysis, single hybrids

WSTĘP

Badania nad występowaniem i wykorzystaniem heterozji u kukurydzy prowadzone są od wielu lat. Hodowla heterozyjna kukurydzy spowodowała wzrost jej produktywności, a zastosowanie heterozyjnych metod hodowli przyczyniło się do znacznej zwiększenia plonów

tej rośliny (Tarnowski, 1984). Wielkość plonu jest cechą najważniejszą, ale i jednocześnie bardzo złożoną tzn. na jego wielkość wywierają wpływ różne czynniki, tj. czynniki środowiskowe (siedliskowe i uprawowe) i genetyczne (geny), procesy fizjologiczne lub inne przyczyny (Mądry, Kozak, 2000). Należy podkreślić, iż wyżej wymienione czynniki nie zawsze stanowią główny przedmiot zainteresowania hodowcy.

Znając poziom zależności między cechami, ich wzajemne korelacje, a także zależności między pokoleniem rodziców i ich potomstwem można we właściwy sposób dobierać linie do krzyżowania, umożliwiając tym samym zwiększyć plonów omawianej rośliny (Kadłubiec, Kuriata, 2004). A zatem analiza zależności między plonem a cechami plonotwórczymi, zwłaszcza składowymi plonu umożliwia dokonanie opisu uwarunkowania plonu przez te cechy roślin, dostarczając wiedzy o ich ilościowej roli w kształtowaniu plonu. Może więc stanowić cenny przedmiot badań nad mechanizmem plonowania roślin oraz kryterium selekcji na plon w programie hodowlanym (Rasmusson i Cannell, 1970; Fraser i Eaton, 1983; Mohammadi i in., 2003) i biologicznymi podstawami uprawy roślin (Rozbicki, 1997).

U kukurydzy omawiane zależności cieszą się dużym zainteresowaniem (Królikowski, 1975). Wykazano między innymi zależności między cechami linii i ich potomstwem, w większości między cechami linii a plonem mieszańców, ponadto stwierdzono zależności między cechami linii i ich plonem. Celem pracy była ocena wpływu poszczególnych cech linii wsobnych kukurydzy na wielkość plonu, a także określenie stopnia zależności masy ziarna z kolby od pozostałych cech rośliny.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 18 linii wsobnych uzyskanych w Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” Sp. z o.o. Badane linie charakteryzowały się bardzo zróżnicowanym pochodzeniem. Linie wyprowadzono z form: amerykańskiej, francuskiej, niemieckiej, węgierskiej oraz mieszańców pojedynczych i międzyliniowych. Należy podkreślić, iż badane linie nie są ze sobą spokrewnione.

Na wysianych 18 liniach w roku 2004, wybrano losowo po 5 roślin z każdej linii, na których dokonano pomiarów następujących cech: długość i grubość kolby, liczba rzędów ziaren na kolbie, liczba ziaren z kolby, masa kolby i ziarna z kolby, grubość osadki oraz zawartość suchej masy w ziarnie. Do oceny podobieństw linii zastosowano analizę skupień metodą średnich skupień na podstawie odległości euklidesowych. Analizowane linie zgodnie z pochodzeniem zostały podzielone na grupy. Natomiast do określenia zależności masy ziarna z kolby od pozostałych cech, wykorzystano analizę regresji wielokrotnej.

WYNIKI

Na podstawie macierzy współczynników korelacji (tab. 1) można stwierdzić, że masa ziarna z kolby zależy od grubości kolby, masy kolby i liczby ziaren z kolby.

Tabela 1

Macierz współczynników korelacji cech linii wsobnych kukurydzy
Matrix of correlation coefficients for traits of maize inbred lines

Cechy Traits	Zawartość suchej masy Dry matter content	Długość kolby Ear length	Grubość kolby Ear diameter	Liczba rzędów ziaren Number of grain rows	Masa kolby Cob weight	Liczba ziaren z kolby Number of grains per cob	Grubość osadki Diameter of rachis	Masa ziarna z kolby Grain yield from cob
	A	B	C	D	E	F	G	H
A	1	0,40*	-0,35*	-0,36*	-0,36*	0,35*	-0,38*	0,04
B		1	-0,51*	-0,60*	-0,25*	0,28*	-0,57*	0,16
C			1	0,99*	0,91*	-0,25*	0,99*	0,23*
D				1	0,86*	-0,26*	0,99*	0,18
E					1	-0,01	0,86*	0,53*
F						1	-0,33*	0,79*
G							1	0,14

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

A — Zawartość suchej masy; Dry matter content

B — Długość kolby; Ear length

C — Grubość kolby; Ear diameter

D — Liczba rzędów ziaren; Number of grain rows

E — Masa kolby; Cob weight

F — Liczba ziaren z kolby; Number of grains per cob

G — Grubość osadki; Diameter of rachis

H — Masa ziarna z kolby; Grain yield from one cob

Zawartość suchej masy jest dodatnio skorelowana z długością kolby i liczbą ziaren z kolby a ujemnie z pozostałymi cechami. Nie stwierdzono zależności masy ziarna z kolby z zawartością suchej masy. Długość kolby jest dodatnio skorelowana z liczbą ziaren z kolby natomiast ujemnie z pozostałymi cechami, z wyjątkiem masy ziarna z kolby. Stwierdzono wysoką dodatnią korelację między grubością kolby, a liczbą rzędów ziaren, masą kolby i grubością osadki, natomiast ujemną z liczbą ziaren z kolby.

Tabela 2

Współczynniki regresji wielokrotnej
Coefficients of multiple regressions

Cechy Traits	Współczynnik regresji (B) Coefficient of regression (B)	Błąd standardowy (B) Standard error (B)	Poziom prawdopodobieństwa Probability level
Wyraz wolny Intercept	15,68	27,30	0,578
Zawartość suchej masy (x_1) Content of dry matter in grains (x_1)	0,13	0,41	0,747
Długość kolby (x_2) Length of cob (x_2)	-1,63	1,86	0,401
Grubość kolby (x_3) Thickness of cob (x_3)	-2,275	13,36	0,868
Liczba rzędów ziaren (x_4) Number of grain rows in one cob (x_4)	-0,60	1,06	0,581
Masa kolby (x_5) Mass of cob (x_5)	0,43	0,14	0,015
Liczba ziaren z kolby (x_6) Number of grains per cob (x_6)	0,14	0,02	0,0003
Grubość osadki (x_7) Thickness of rachis (x_7)	0,95	9,31	0,920

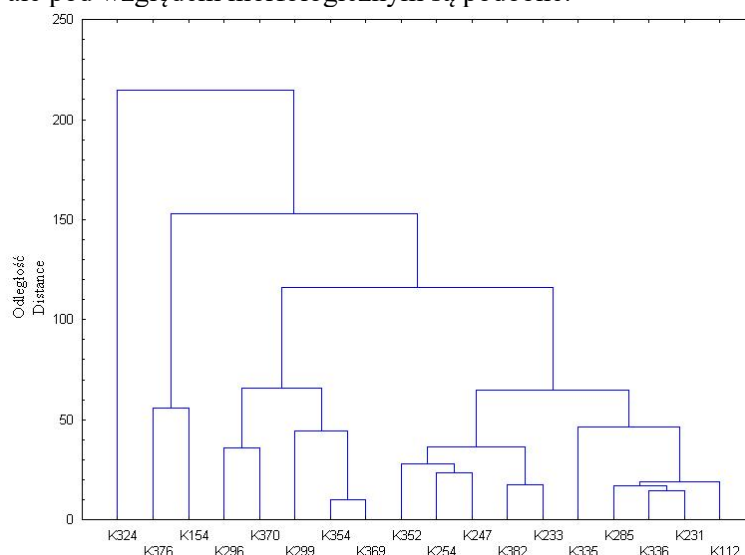
Liczba rzędów ziaren jest dodatnio skorelowana z masą kolby i grubością osadki, a ujemnie z liczbą ziaren z kolby. Wykazano istotną dodatnią korelację pomiędzy masą kolby a grubością osadki i masą ziarna z kolby. Liczba rzędów ziaren z kolby jest ujemnie skorelowana z grubością osadki.

Wyniki zróżnicowania linii pod względem każdej cechy przedstawiono w tabeli analizy regresji wielokrotnej (tab. 2). Za cechę objaśnianą (y) przyjęto masę ziarna z kolby, natomiast pozostałe cechy były cechami objaśniającymi. Otrzymany model w 94% dopasowany jest do danych empirycznych. Badania wykazują, iż masę ziarna z kolby determinują przede wszystkim liczba ziaren z kolby oraz masa kolby.

$$R^2 = 0,94$$

$$y = 0,44 x_5 + 0,15 x_6$$

Diagram przedstawia wynik analizy skupień wykonanej metodą średnich połączeń, gdzie jako miarę dystansu badanych obiektów przyjęto odległość euklidesową. Badane linie tworzą sześć zróżnicowanych grup. Najbardziej zróżnicowane morfologicznie są linia K324 i grupa linii, do której należą: K112, K231, K285 i K336. Pozostałe linie tworzą osobne grupy, ale pod względem morfologicznym są podobne.



Rys. 1. Podobieństwo linii wsobnych kukurydzy pod względem badanych cech
Fig. 1. Similarity of inbred lines in regard to the investigated traits

WNIOSKI

1. Badane linie nie są ze sobą spokrewnione.
2. Masę ziarna z kolby determinują przede wszystkim liczba ziaren z kolby oraz masa kolby.

LITERATURA

- Fraser J., Eaton G., W. 1983. Applications of yield component analysis to crop research. *Field Crop Abstracts* 36: 787 — 796.
- Kadłubiec W., Kuriata R. 2004. Wielocechowa analiza kształtowania plonu ziarna linii wsobnych i mieszańców F₁ kukurydzy. *Biul. IHAR* 231: 419 — 424.
- Królikowski 1975. Dziedziczenie cech ilościowych na podstawie diallelicznych krzyżowań. *Hod. Rośl. Aklim.* 19 (3): 187 — 221.
- Mądry W., Kozak M. 2000. Analiza ścieżek i sekwencyjna analiza plonu w badaniach zależności od cech łanu. Cz. I. Opis metod. *Rocz. Nauk ROL., Seria A*, 115: 143 — 157.
- Mohammadi S. A., Prasanna S. A., Singh N. N. 2003. Sequential path model for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize. *Crop Sci.* 43: 1690 — 1697.
- Rasmusson D. C., Cannel R. Q. 1970. Selection for grain yield and components of yield in barley. *Crop Sci.* 10: 51 — 54.
- Rozbicki J. 1997. Agrotechniczne uwarunkowania wzrostu, rozwoju i plonowania pszenżyta ozimego. Rozprawa habilitacyjna. Fundacja Rozwoju SGGW, Warszawa.
- Tarkowski Cz. 1984. Genetyka. Hodowla roślin. Nasiennictwo. PWN, Warszawa: 321.

WŁADYSŁAW KADŁUBIEC¹**RAFAŁ KURIATA**¹**CECYLIA KARWOWSKA**²**ZBIGNIEW KURCZYCH**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu² Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc”

Ocena wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy

Estimation of breeding values of inbred lines of maize

Badano 48 mieszańców pojedynczych otrzymanych ze skrzyżowania 6 linii wsobnych (1566-5, 1573-2, 1581-11, 1581-7, 1585-4, 1591-2) z 8 testerami (K182, K188, K194, K231, K296, K324, K376, S335) w układzie czynnikowym. Doświadczenie założono metodą bloków niekompletnych w dwóch miejscowościach (Kobierzycy i Smolice). Wykonano pomiary następujących cech: plonu ziarna z poletka przy 15% wilgotności, procentowej zawartości suchej masy w ziarnie, procentu roślin porażonych głownią, procentu roślin wyległych przed zbiorem oraz odporności na krzewienie. Wykonano analizę wariancji dla ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz oszacowano efekty GCA i SCA. Stwierdzono zróżnicowanie środowisk pod względem badanych cech. Wykazano istotną interakcję GCA ze środowiskami dla procentowej zawartości suchej masy w ziarnie, procentu roślin porażonych głownią, procentu roślin wyległych przed zbiorem oraz odporności na krzewienie, jedynie dla plonu ziarna efekty GCA linii były stabilne, co jest cenną informacją dla hodowcy. Istotną interakcję SCA ze środowiskami stwierdzono dla wszystkich badanych cech, z wyjątkiem plonu, co świadczy o tym, że badane mieszańce dla ostatniej cechy nie reagowały na zmienne warunki środowisk.

Słowa kluczowe: kukurydza, mieszaniec, plon, zdolność kombinacyjna

The offspring of 6 maternal dent form lines (1566-5, 1573-2, 1581-11, 1581-7, 1585-4, 1591-2) crossed with 8 testers (K182, K188, K194, K231, K296, K324, K376, S335) were investigated. The experiments were carried out at two locations (Kobierzycy and Smolice) with two replications using incomplete block design. Data were recorded for grain yield, dry matter content, lodging before harvest, tillering and smutted plants. Analyses of general and specific combining ability were done. Significant differences between environments for all studied traits were found. The interaction between GCA effect and environment was insignificant for grain yield, which is the valuable information for breeders. Insignificant interaction SCA effects with environment $\times$ were shown for grain yield.

Key words: combining ability, hybrid, maize, yield

WSTĘP

Podstawowym celem, który towarzyszy hodowli i selekcji linii wsobnych jest wytworzenie na drodze krzyżowania plennych i wartościowych pod każdym innym względem form mieszańcowych, które swoją wartością przewyższą istniejące (Troyer, 1999; Bilski i in., 1997). Selekcja prowadzona wśród linii w trakcie procesu hodowli, a oparta na wizualnej ocenie pozwala tylko częściowo ocenić ich wartość. O ile ocena ta ma duże znaczenie we wczesnych etapach hodowli linii, gdzie eliminuje się formy, które swoim fenotypem odbiegają od pożądanego ideotypu to przy jej pomocy hodowca nie ma możliwości oceny zdolności przekazywania danej cechy ilościowej na potomstwo. W zrealizowaniu tego celu z pomocą przychodzą narzędzia analizy statystyczno-genetycznej. Jednym z najczęściej szacowanych parametrów jest ogólna i swoista wartość kombinacyjna (Griffing, 1956; Królikowski, 1973; Piovarci, 1975). O ile ocena ogólnej zdolności kombinacyjnej pochłania stosunkowo mało nakładów pracy jak i materialnych to ocena swoistej zdolności kombinacyjnej z racji wymagań metodycznych angażuje dużo środków. Z tego względu w hodowli odmian mieszańcowych w pierwszej kolejności ocenia się ogólną wartość kombinacyjną, a następnie po znacznym ograniczeniu liczności ocenianych linii szacuje się swoistą wartość kombinacyjną linii tworzących formy mieszańcowe.

Celem badań było oszacowanie zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy.

MATERIAŁ I METODY

Badano 48 mieszańców pojedynczych otrzymanych ze skrzyżowania 6 zębokształtnych linii wsobnych (1566-5, 1573-2, 1581-11, 1581-7, 1585-4, 1591-2) z 8 testerami (K182, K188, K194, K231, K296, K324, K376, S335) w układzie czynnikowym. Linie z symbolem K są hodowli własnej z Kobierzyc, natomiast z symbolem S są hodowli ze Smolic. Po serii doświadczeń ustalono linie: 1566-5, 1573-2, 1585-4, 1591-2 i uzyskały one odpowiednie symbole: K434, K435, K436, K437. Pozostałe linie były nieustalone o stopniu wsobności S₇. Linie wyprowadzono z mieszańców pojedynczych krajowych i zagranicznych z kombinacji linii zagranicznych oraz z krzyżówek wypierających. Doświadczenie założono metodą bloków niekompletnych w dwóch powtórzeniach, w dwóch miejscowościach (Kobierzyce i Smolice). Ziarno wysiano 22 kwietnia 2004 roku na poletkach 5 m² w dwóch rzędkach, a zbioru dokonano 28 września. Zastosowano następujące nawożenie: 140 kg N, 84 kg P₂O₅, 128 kg K₂O na hektar. Wykonano oprysk herbicydem PRIM EXTRA 31 plus 0,3 kg Gesparim 90 na hektar. Wykonano pomiary następujących cech: plonu ziarna z poletka przy 15% wilgotności, procentowej zawartości suchej masy w ziarnie, procentu roślin porażonych głownią, procentu roślin wyległych przed zbiorem oraz odporności na krzewienie. Wykonano analizę wariancji dla ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej na średnich ze środowisk oraz oszacowano efekty GCA i SCA. Analiza wariancji została wykonana według modelu mieszanego. Wszystkie przeprowadzone testy ogólne przedstawione są za pomocą statystyki F. Wyraża ona stosunek dwóch odpowiednich średnich kwadratów, z wyjątkiem

testu dla GCA i SCA, który oparty jest na wielowymiarowej statystyce Hotellinga T^2 , przekształcaną następnie w statystykę F, oraz testach interakcji GCA $\times$ środowisk i SCA $\times$ środowiska opartych na statystyce Hotellinga-Lawleya T^2_0 , także przekształconej w statystykę F. Otrzymane wartości statystyki F porównuje się z odpowiednimi wartościami krytycznymi na poziomie istotności 0,05

WYNIKI

Na podstawie analizy wariancji stwierdzono istotne różnice między środowiskami oraz istotność interakcji efektów GCA i SCA ze środowiskami dla procentu roślin porażonych głownią, odporności na krzewienie, procentu roślin wyległych przed zbiorem, zawartości suchej masy (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech
Mean squares for investigated traits

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square				
		procent roślin porażonych głownia percentage of smutted plant	odporność na krzewienie tillering resistance	procent roślin wyległych przed zbiorem percentage of lodged plants	zawartość suchej masy w ziarnie dry matter content	plon ziarna grain yield
Środowiska Environments	1	534,51*	122,98*	446,36*	107,52*	51,73*
GCA	5	4,43	1,75	12,33	4,26	0,52
GCA $\times$ środowiska GCA $\times$ environments	5	3,98*	1,75*	9,21*	0,80*	0,09
SCA	35	4,76	1,07	30,39	2,17	1,41
SCA $\times$ środowiska SCA $\times$ environments	35	4,62*	1,07*	26,62*	0,93*	0,47
Błąd Error	100	4,09	0,30	24,83	0,42	0,35

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$

* Significant at $\alpha = 0.05$

Istotne różnice między efektami GCA w miejscowościach wykazano dla porażenia głownią u trzech badanych obiektów tj. linii 1581-7, 1585-4 i 1591-2, dla odporności na krzewienie stwierdzono taką zależność dla wszystkich badanych obiektów. W przypadku procentu roślin, które wyległy przed zbiorem tylko jedna linia, tj. 1573-2 wykazuje istotność różnicy efektów ogólnej zdolności kombinacyjnej w środowiskach. Istotność różnicy efektów dla zawartości suchej masy w ziarnie wykazano dla dwóch linii: 1773-2 i 1585-4, natomiast dla plonu ziarna nie stwierdzono istotności różnic efektów dla żadnego z badanych obiektów (tab. 2).

Analizując efekty swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców w środowiskach dla procentu roślin porażonych przez głownię stwierdzono istotność różnic u dwóch form: 1573-2 $\times$ K324 i 1585-4 $\times$ K296, a dla odporności na krzewienie u 13 mieszańców.

Tabela 2

Ocena efektów GCA dla linii w poszczególnych środowiskach
GCA effects in lines across environments

Linia Line	Procent roślin porażonych głownią Percentage of smutted plant		Odporność na krzewienie Tillering resistance		Procent roślin wyległych przed zbiorem Percentage of lodged plants		Zawartość suchej masy w ziarnie Dry matter content		Plon ziarna Grain yield	
	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice
1566-5	1,82	-0,01	-1,64	0,00*	-4,80	-0,63	1,76	1,59	-0,13	-0,72
1573-2	0,10	-0,17	0,87	0,00*	6,10	-0,41*	1,55	-0,05*	-0,37	0,15
1581-11	0,21	-0,17	1,05	0,00*	3,22	1,28	0,91	0,59	-0,76	-0,39
1581-7	4,24	0,31*	-2,95	0,00*	2,64	0,39	0,23	-0,21	-0,15	-0,05
1585-4	-2,84	0,00*	1,93	0,00*	-3,51	-1,32	-1,80	0,44*	0,51	0,49
1591-2	-3,54	0,04*	0,74	0,00*	-3,65	0,69	-2,64	-2,36	0,90	0,53

* Różnice istotne między miejscowościami na poziomie $\alpha = 0,05$ * Significant differences between locations at $\alpha = 0.05$

Istotne różnice efektów dla procentu roślin, które wyległy przed zbiorem miały 4 formy: 1566-5 × K324, 1573-2 × K296, 1581-11 × K194 i 1581-7 × K188. W przypadku zawartości suchej masy w ziarnie u 10 mieszańców stwierdzono istotność różnic ich efektów w środowiskach, dla plonu ziarna natomiast u 15 form (tab. 3).

Tabela 3

Ocena efektów SCA dla poszczególnych w środowiskach
SCA effects in hybrids across environments

Mieszańiec Hybrid	Procent roślin porażonych głownią Percentage of smutted plant		Odporność na krzewienie Tillering resistance		Procent roślin wyległych przed zbiorem Percentage of lodged plants		Zawartość suchej masy w ziarnie Dry matter content		Plon ziarna Grain yield	
	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice	Kobie- rzyce	Smolice
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1566-5 × K182	3,72	0,01	1,13	0,00	-7,66	-1,68	0,64	0,01	0,26	-1,07
1566-5 × K188	5,29	0,66	-1,20	0,00	0,53	6,00	-0,21	-0,36	-0,51	1,56*
1566-5 × K194	-2,51	-0,41	0,80	0,00	-2,74	-1,23	0,73	-0,25	-0,55	-1,13
1566-5 × K231	-0,76	-0,26	0,38	0,00	-2,82	-0,55	-1,42	-1,39	-2,26	-0,07*
1566-5 × K296	-2,84	-0,83	-2,61	0,00*	-4,29	-5,23	-1,21	-0,58	-0,82	0,84*
1566-5 × K324	-0,81	0,01	1,55	0,00*	10,83	-1,21*	0,25	2,15*	1,73	-0,41*
1566-5 × K376	1,17	0,84	0,97	0,00	6,21	0,59	1,76	-0,39*	1,52	-1,87*
1566-5 × S335	-3,26	0,01	-1,03	0,00	-0,07	3,32	-0,55	0,80	0,64	1,78
1573-2 × K182	-2,05	0,17	-2,36	0,00*	1,49	-0,66	-0,01	-0,15	0,56	0,06
1573-2 × K188	-1,43	-0,46	0,30	0,00	-6,07	-0,90	0,29	-0,67	1,61	0,28
1573-2 × K194	-2,19	-0,25	-0,70	0,00	-0,19	1,04	0,03	-,56	-3,22	-0,66*
1573-2 × K231	2,79	-0,10	-0,11	0,00	-3,30	-1,06	0,22	0,20	0,42	0,41
1573-2 × K296	3,36	0,57	1,88	0,00*	19,51	2,04*	0,20	0,41	0,17	-1,23*
1573-2 × K324	5,20	0,17*	0,55	0,00	0,01	-1,44	-0,56	-2,16*	2,49	0,08*
1573-2 × K376	-2,74	-0,25	0,47	0,00	-7,54	1,62	0,57	2,70*	-0,66	-0,35
1573-2 × S335	-2,93	0,17	-0,03	0,00	-3,91	-0,65	-0,73	0,23	-1,35	1,40*
1581-11 × K182	-0,73	0,17	-1,05	0,00	3,10	-2,21	0,23	-0,74	-0,06	-0,84

c. d. Tabela 3

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
1581-11× K188	-1,63	-0,46	-0,38	0,00	-,70	0,04	-0,16	-0,06	-0,89	0,03
1581-11 × K194	0,48	-0,25	-0,88	0,00	12,81	1,86*	-0,43	1,50*	0,58	-0,16
1581-11× K231	2,36	-0,10	0,70	0,00	-6,48	1,49	-0,38	-1,29	0,67	-0,09
1581-11 × K296	0,27	0,57	1,70	0,00*	-3,66	1,61	0,90	0,92	-0,28	-0,03
1581-11 × K324	-2,05	0,17	0,86	0,00	-5,81	-1,78	1,53	1,20	0,15	0,88
1581-11 × K376	-2,68	-0,25	-0,72	0,00	-3,11	-0,06	-1,54	-1,69	1,06	1,55
1581-11× S335	3,98	0,17	-0,22	0,00	4,84	-0,96	-0,15	0,15	-1,23	-1,35
1581-7 × K182	-0,47	-0,30	-0,55	0,00	13,30	1,04*	-,025	1,66*	0,59	0,83
1581-7 × K188	-2,92	0,31	-1,38	0,00*	3,05	-0,52	0,76	1,63	-1,63	-0,90
1581-7 × K194	0,62	1,78	3,11	0,00*	-12,99	-3,51	-1,93	-0,35*	0,72	-0,54
1581-7 × K231	-4,53	-0,58	-1,80	0,00*	8,15	-0,51	2,74	0,71*	1,43	-0,62*
1581-7 × K296	6,26	-1,15	0,70	0,00	-4,70	1,24	-0,83	-1,23	0,64	1,44
1581-7 × K376	-2,08	-0,31	-0,63	0,00	-5,43	4,01	-0,53	0,10	-2,10	-0,75*
1581-7 × K324	3,00	0,55	-0,22	0,00	-1,26	0,95	-0,59	-0,99	-0,19	0,42
1581-7 × S335	0,11	-0,31	0,78	0,00	-0,13	-2,70	0,62	-1,51*	0,54	0,12
1585-4 × K182	-0,58	0,00	0,57	0,00	-7,93	2,76	0,39	1,76	0,01	0,57
1585-4 × K188	-0,01	-0,63	0,74	0,00	3,29	-1,31	-0,27	-0,72	-0,94	-1,35
1585-4 × K194	2,14	-0,41	-1,76	0,00*	8,43	0,65	1,32	0,65	0,64	0,06
1585-4 × K231	-0,24	-,27	0,32	0,00	1,56	-1,21	-0,22	0,96	0,35	0,47
1585-4 × K296	-5,29	1,72*	0,82	0,00	-2,80	-0,73	1,26	0,66	-0,44	-0,97
1585-4 × K376	0,99	0,00	-0,01	0,00	-0,55	0,63	0,15	-1,65	0,48	2,65*
1585-4 × K324	0,20	-0,42	-0,59	0,00	3,42	-1,22	-1,21	-1,49	0,32	0,56
1585-4 × S335	2,79	0,00	-0,09	0,00	-5,42	0,33	-1,41	-0,16	-0,42	-1,99
1591-2 × K182	0,11	-0,03	2,26	0,00*	-2,31	0,75	-1,01	-2,54	-1,35	0,45*
1591-2 × K188	0,69	0,58	1,93	0,00*	0,89	-3,31	-,041	0,19	2,36	0,37*
1591-2 × K194	1,45	-0,45	-0,57	0,00	-5,32	1,20	0,28	-1,00	1,84	2,43
1591-2 × K231	,39	1,31	0,51	0,00	2,89	1,82	-0,93	0,81	-0,61	-0,10
1591-2 × K296	-1,77	-0,88	-2,49	0,00*	-4,06	1,08	-0,31	-0,18	0,74	-0,04
1591-2 × K376	-1,25	-0,03	-2,32	0,00*	0,94	-0,21	-0,84	0,35	-2,74	-2,83
1591-2 × K324	1,06	-0,46	0,09	0,00	2,28	-1,98	1,01	1,86	-2,04	-0,31*
1591-2 × S335	-0,68	-0,03	0,59	0,00	4,69	0,66	2,22	0,50*	1,82	0,04

* Różnice istotne między miejscowościami na poziomie $\alpha = 0,05$ * Significant differences between locations at $\alpha = 0,05$

WNIOSKI

1. Stwierdzono nieistotność składników ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej.
2. Wykazano istotne różnice efektów GCA w środowiskach dla procentu roślin porażonych głownią, odporności na krzewienie, procentu roślin wyległych przed zbiorem oraz procentowej zawartości suchej masy w ziarnie. Jedynie dla plonu ziarna z poletka linie pod względem GCA tak samo reagowały na warunki środowiska, co jest cenną informacją dla hodowcy. Na uwagę zasługują linie 1585-4 i 1591-2 zmniejszające procent roślin porażonych głownią u potomstwa oraz linia 1566-5 zwiększająca zawartość suchej masy w ziarnie.
3. Istotne różnice efektów SCA w środowiskach stwierdzono dla procentu roślin porażonych głownią, odporności na krzewienie, procentu roślin wyległych przed zbiorem oraz procentowej zawartości suchej masy w ziarnie. Efekty swoistej zdolności

kombinacyjnej w środowiskach dla plonu nie wykazywały różnic, co świadczy, że mieszańce badanych linii nie reagowały na zmienne warunki. Na podkreślenie zasługują linie tworzące mieszańce 1581-11 × K376 i 1591-2 × K194 o dodatnich efektach w obu miejscowościach dla plonu ziarna i stabilności tego efektu.

LITERATURA

- Bilski E., Siódmiak J., Heimann H. 1997. Wartość gospodarcza mieszańców kukurydzy zarejestrowanych i uprawianych w Polsce w latach 1972–1996. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 450: 31 — 54.
- Griffing B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing system. Austr. J. Biol. Sci. 9: 463 — 492.
- Królikowski Z. 1973. Szacowanie ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy krzyżowanych w układzie diallelicznym. Biul. IHAR 3 (4): 39 — 47.
- Piovarci A. 1975. Genetic analysis and combining ability of grain yield components of maize inbred lines. Genetika a Slechteni 1 (1): 3 — 8.
- Troyer Forrest A. 1999. Background of U.S. hybrid corn. Crop Sci. 39: 601 — 626.

HENRYK BUJAK
STANISŁAW JEDYŃSKI
JAN KARCZMAREK

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Ocena linii wsobnych kukurydzy na podstawie specyficznego, obcego i ogólnego indeksu selekcji

Evaluation of inbred lines of maize on the basis of specific, foreign and general selection indices

Badania wykonano na 20 liniach wsobnych kukurydzy w Kobierzycach i Smolicach. Oceniono wysokość roślin, długość kolby, liczbę rzędów w kolbie, liczbę ziaren i masę ziarna z kolby. Dla wymienionych cech wyliczono indeksy selekcyjne: „Is” — specyficzny, „Io” — obcy oraz „Iog” — ogólny. Na podstawie uzyskanych wyników stwierdzono, że indeks wartości własnej (specyficzny) jest najlepszą miarą oceny wartości hodowlanej. Indeks obcy obniża wartość postępu genetycznego. Ze względu na niewielką ilość danych eksperymentalnych przydatność indeksu ogólnego nie mogła być wiarygodnie określona.

Słowa kluczowe: indeksy selekcyjne, kukurydza, linie wsobne

Studies were carried out on 20 inbred maize lines at two locations: Kobierzyce and Smolice. The following characters: plant height, ear length, no. of rows/ear, no. of grains/ear and grain weight/ear were included in the construction of three selection indices: specific (Is), foreign (Io) and general (Iog). The results indicated that specific index was the most efficient. Expected genetic advance was lower when foreign index was used. Adequate evaluation of general index could not be made because of insufficient experimental data.

Key words: inbred lines, maize, selection indices

WSTĘP

Indeks selekcyjny jest polecany jako obiektywna metoda równoczesnej selekcji na kilka cech, ponieważ uwzględnia sposób dziedziczenia, jak i genetyczne korelacje między nimi. Konstrukcję i wykorzystanie indeksów selekcji w hodowli kukurydzy można polecić na podstawie własnych, jak i innych badań (Bujak i in., 2004; Moll i in., 1975; Motto i Percnzin, 1982; Rex, 1991; St. Marlin i in., 1982; Subandi i in., 1973; Suwantaradon i in.,

1975). Dotychczas jednakże niewiele jest badań, z których wynikałby jego praktyczne wykorzystanie w programach hodowlanych.

Hodowcy kukurydzy nie stosowali indeksów selekcyjnych z powodów natury technicznej, polegających na konieczności wykonania skomplikowanych obliczeń oraz trudności związanych ze znalezieniem odpowiednich wag ekonomicznych dla poszczególnych cech. W przypadku hodowli kukurydzy selekcja linii wsobnych opiera się głównie na bezpośrednich ocenach plonowania mieszańców w poszczególnych testach potopcrossowych.

Skuteczność metody selekcji zależy od zidentyfikowania genotypów o wysokim potencjale zdolności kombinacyjnej, dlatego znajomość genetycznego uwarunkowania poszczególnych elementów struktury plonu jest niezbędna do podejmowania decyzji przy tworzeniu formuł mieszańcowych. Stąd też informacje o wzajemnych współzależnościach między cechami są niezbędne w przypadku cech ilościowych.

Parametry genetyczno-statystyczne wyliczone dla określonej populacji są funkcjami składu genetycznego, sposobów działania genów warunkujących daną cechę, oraz modyfikującego wpływu czynników środowiska. Stąd też konstrukcja indeksu na podstawie parametrów genetyczno-statystycznych jest specyficzna. Jeżeli używa się takiego indeksu do wyboru pożądanych genotypów w innych populacjach lub środowiskach o odmiennej kombinacji parametrów genetycznych, indeks „specyficzny” staje się „obcym indeksem”. Z niniejszych rozważań powstają następujące pytania:

- jak skuteczny jest „obcy indeks” w porównaniu ze specyficznym indeksem własnym,
- czy istnieją możliwości skonstruowania ogólnego indeksu, który byłby skuteczny dla różnych populacji.

Celem pracy jest próba odpowiedzi na te pytania poprzez wykonanie analizy porównawczej specyficznych indeksów własnych (I_S), obcych (I_O) i ogólnych (I_{OG}) u kukurydzy. Do konstrukcji tych indeksów posłużyły parametry uzyskane z dwóch doświadczeń w Kobierzycach i Smolicach.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 20 linii wsobnych kukurydzy, z których 12 było liniami ustalonymi. Doświadczenia polowe zostały założone metodą kraty kwadratowej w dwóch powtórzeniach na dwurzędowych poletkach o powierzchni 5 m² w dwóch miejscowościach: Kobierzycach i Smolicach. W okresie wegetacji i po zbiorze określono: wysokość roślin, długość kolby, liczbę rzędów ziaren w kolbie oraz liczbę i masę ziaren z kolby. Na podstawie oczekiwanych średnich kwadratów z analizy wariancji oszacowano komponenty wariancji i kowariancji dla badanych cech struktury plonu. Dla linii kukurydzy obliczono klasyczny indeks selekcji I_S (indeks własny) jako liniową funkcję obserwowanych wartości fenotypowych poszczególnych cech według następującego równania (Smith, 1936; Hazel, 1943):

$$\text{gdzie: } I_S = b_1P_1 + b_2P_2 + b_3P_3 + \dots + b_nP_n = \sum_{i=1}^n b_iP_i$$

I_S — indeks selekcji własny

P_i — wartość fenotypowa i -tej cechy

b_i — współczynnik indeksu, który jest tak obliczany aby korelacja $r_{(H, I)}$ między wartością hodowlaną (H) i indeksem (I) osiągnęła maksymalną wartość.

Wartości współczynników selekcji dla poszczególnych cech b_i obliczono z równania:

$$b_i = P^{-1} \times Ga$$

gdzie:

b_i — wektor kolumnowy wartości współczynników indeksu selekcji

P^{-1} — macierz odwrotna macierzy wariancji i kowariancji fenotypowych

G — macierz wariancji i kowariancji genotypowych

a — wektor kolumnowy wartości (wag) ekonomicznych.

Obliczony dla określonej populacji indeks jest specyficzny i w zasadzie nie powinno się go wykorzystywać w trakcie selekcji w innych populacjach i różnych środowiskach. Indeks własny (I_S) linii wyliczony dla jednego środowiska np. Kobierzyc, ale wykorzystany w innej miejscowości np. w Smolicach staje się automatycznie indeksem obcym (I_O). Odwrotnie indeks własny (I_S) wyliczony dla linii w Stolicach, a wykorzystany w środowisku Kobierzyc również jest indeksem obcym (I_O). Aby uniknąć konstruowania indeksów selekcji dla każdej populacji oddzielnie Hanson i Johnson (1957) zaproponowali tzw. ogólny indeks selekcji (I_{OG}), w którym wartości b_i oblicza się z następującego równania:

$$\sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m b_i C_k P_{ijk} = \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^m b_i D_k G_{ijk}$$

C_k — poprawka dla fenotypowej wariancji i kowariancji

D_k — poprawka dla genotypowej wariancji i kowariancji

Do opracowania takiego indeksu wykorzystano doświadczenia założone w Kobierzycach i Smolicach.

Postęp genetyczny wyliczono według wzoru:

$$\Delta G = s \cdot \left[\frac{W}{\sqrt{V_P}} \right]$$

gdzie:

s — różnicowy wskaźnik selekcji,

$$W = \sum a_i b_j G_{ij} \quad V_P = \sum b_i b_j P_{ij}$$

WYNIKI

Elementy struktury plonu rozważane w niniejszej pracy należą do cech ilościowych, które determinowane są sposobem działania genów, jak i znacznym wpływem środowiska. Stąd parametry genetyczno-statystyczne wyliczone dla jednej populacji w Kobierzycach mogą się różnić od wyników otrzymanych w Smolicach. W Kobierzycach występowały

bardziej korzystne warunki wegetacji, bowiem w Smolicach uprawia się kukurydzę na gorszych kompleksach glebowych i w roku badań występowały okresy posuchy w miesiącach wegetacji.

Tabela 1

Wariancje fenotypowe i genetyczne dla cech struktury plonu kukurydzy
Phenotypic and genetic variance and heritability for the studied traits of maize

	Komponenty Components	Wysokość roślin Plant height	Długość kolby Ear length	Liczba rzędów No. of rows/ear	Liczba ziaren z kolby No. of grains/ear	Masa ziarna z kolby Ear weight
Kobierzyce	wariancja genetyczna σ_g^2 genetic variance	142,914	3,22	5,19	4501,58	235,45
	wariancja błędu σ_e^2 error variance	83,389	1,30	2,71	2511,34	227,95
	wariancja fenotypowa σ_p^2 phenotypic variance	226,303	4,52	7,90	7012,93	463,43
	współczynnik odziedziczalności h^2 coefficient of heritability	0,63	0,71	0,66	0,64	0,51
Smolice	wariancja genetyczna σ_g^2 genetic variance	149,17	3,52	3,22	3368,90	126,07
	wariancja błędu σ_e^2 error variance	138,53	1,73	2,23	5315,40	206,70
	wariancja fenotypowa σ_p^2 phenotypic variance	287,70	5,25	5,46	8684,30	332,78
	współczynnik odziedziczalności h^2 coefficient of heritability	0,52	0,67	0,59	0,39	0,38

W tabelach 1 i 2 przedstawiono wariancje i kowariancje fenotypowe, genetyczne oraz błędu dla cech struktury plonu potrzebne do wyliczenia indeksów.

Wyraźnie widać, że w Smolicach otrzymano niższe współczynniki odziedziczalności oraz zdecydowanie odmienne kowariancje genetyczne, środowiskowe i fenotypowe. W tabeli 3 podano poprawioną macierz wariancji i kowariancji fenotypowej, natomiast w tabeli 4 wyliczone współczynniki selekcji b_i dla każdej badanej cechy ilościowej. Tabela 5 przedstawia średnie wartości cech linii wsobnych kukurydzy oraz indeksy selekcyjne specyficzny (własny) „ I_s ” oraz ogólny „ I_{OG} ”.

Za najlepszą miarę oceny linii należy przyjąć indeks wartości własnej „ I_s ”. Ogólny indeks selekcji „ I_{OG} ” nie zawsze dawał wyższe wartości dla linii i testerów, które otrzymały najwyższe oceny indeksu własnego (tab. 5). Potwierdzeniem tego jest brak istotnej współzależności między nimi. Szczupłość badań nie pozwala jednak sformułować wiarygodnej opinii o szerszej przydatności indeksu ogólnego.

Indeks wartości własnej „ I_s ” (specyficzny) zastosowany do innych warunków środowiskowych można również uznać za tzw. "obcy indeks selekcyjny (I_o)". Wykonując analizę przydatności indeksu własnego, obcego i ogólnego obliczono wartości postępu genetycznego, które dla Kobierzyc i Smolic przedstawiono w tabeli 6.

Tabela 2

Kowariancje fenotypowe i genetyczne dla cech struktury plonu kukurydzy
Phenotypic and genetic covariance for the studied traits of maize

	Komponenty Components	Wys. rośl. Dł. kolb.	Wys. rośl. L. rząd.	Wys. rośl. L. ziar.	Wys. rośl. Mas. ziar.	Dł. kolb. L. rząd.
Kobierzyce	Kowariancja genetyczna $Cov_{gi\ gj}$ Genetic covariance	2,03	8,87	146,55	89,92	-0,52
	Kowariancja błędu $Cov_{ei\ ej}$ Error covariance	0,41	-0,47	-34,99	10,40	2,44
	Kowariancja fenotypowa $Cov_{pi\ pj}$ Phenotypic covariance	2,44	8,40	111,56	100,32	1,92
		Dł. kolb. L. ziar.	Dł. kolb. Mas. ziar.	L. rząd. L. ziar.	L. rząd. Mas. ziar.	L. ziar. Mas. ziar.
	Kowariancja genetyczna $Cov_{gi\ gj}$ Genetic covariance	-0,75	9,86	119,76	14,56	874,89
	Kowariancja błędu $Cov_{ei\ ej}$ Error covariance	57,96	17,52	91,65	22,22	519,21
	Kowariancja fenotypowa $Cov_{pi\ pj}$ Phenotypic covariance	57,22	27,38	211,42	36,78	1394,10
		Dł. kolb. L. ziar.	Dł. kolb. Mas. ziar.	L. rząd. L. ziar.	L. rząd. Mas. ziar.	L. ziar. Mas. ziar.
	Kowariancja genetyczna $Cov_{gi\ gj}$ Genetic covariance	12,04	10,60	64,81	3,69	564,82
	Kowariancja błędu $Cov_{ei\ ej}$ Error covariance	172,96	40,35	169,87	36,32	1305,79
Smolice	Komponenty Components	Wys. rośl. Dł. kolb.	Wys. rośl. L. rząd.	Wys. rośl. L. ziar.	Wys. rośl. Mas. ziar.	Dł. kolb. L. rząd.
	Kowariancja genetyczna $Cov_{gi\ gj}$ Genetic covariance	0,91	-7,04	-231,46	-4,19	-0,58
	Kowariancja błędu $Cov_{ei\ ej}$ Error covariance	21,82	22,98	229,06	148,67	7,83
	Kowariancja fenotypowa $Cov_{pi\ pj}$ Phenotypic covariance	27,73	15,95	-2,39	114,48	7,25
		Dł. kolb. L. ziar.	Dł. kolb. Mas. ziar.	L. rząd. L. ziar.	L. rząd. M. ziar.	L. ziar. Mas. ziar.
	Kowariancja genetyczna $Cov_{gi\ gj}$ Genetic covariance	12,04	10,60	64,81	3,69	564,82
	Kowariancja błędu $Cov_{ei\ ej}$ Error covariance	172,96	40,35	169,87	36,32	1305,79
	Kowariancja fenotypowa $Cov_{pi\ pj}$ Phenotypic covariance	185,00	50,95	234,68	40,01	1870,62
		Dł. kolb. L. ziar.	Dł. kolb. Mas. ziar.	L. rząd. L. ziar.	L. rząd. M. ziar.	L. ziar. Mas. ziar.
	Kowariancja genetyczna $Cov_{gi\ gj}$ Genetic covariance	12,04	10,60	64,81	3,69	564,82

Wysokość roślin; Plant height = Wys. rośl.

Liczba rzędów; No. of rows/ear = L. rząd.

Masa ziarna z kolby; Ear weight = Mas. ziar.

Długość kolby; Ear length = Dł. kolb.

Liczba ziaren; No. of grains/ear = L. ziar.

Tabela 3

Poprawiona macierz wariancji i kowariancji P
Corrected phenotypic variance-covariance matrix

	Wysokość roślin Plant height	Długość kolby Ear length	Liczba rzędów No. of rows/ear	Liczba ziaren No. of grains/ear	Masa ziarna z kolby Ear weight
Wysokość roślin Plant height	30,03	2,71	1,63	0,80	14,96
Długość kolby Ear length	2,71	0,55	0,72	18,49	5,20
Liczba rzędów No. of rows/ear	1,63	0,72	0,60	24,74	4,23
Liczba ziaren No. of grains/ear	0,80	18,49	24,74	908,05	194,51
Masa ziarna z kolby Ear weight	14,96	5,20	4,23	194,51	36,61

Tabela 4

Obliczenie współczynników selekcji b_i dla indeksu ogólnego (I_{OG}) dla cech użytkowych kukurydzy
Calculation of b_i values for several traits of maize for general indices

						Wektor a		b_i
Wysokość roślin Plant height	-0,063	0,794	-0,384	-0,025	0,092	1		-2,089
Długość kolby Ear length	0,794	-7,867	5,468	0,175	-0,770	1		18,330
Liczba rzędów No. of rows/ear	-0,384	5,468	4,182	-0,081	-0,671	1	=	-18,940
Liczba ziaren No of grains/ear	-0,025	0,175	-0,081	-0,06	0,028	1		-0,305
Masa ziarna z kolby Ear weight	0,092	-0,770	0,026	0,028	0,026	1		5,661

Po podstawieniu do wartości współczynników b_i otrzymujemy wzór na obliczenie indeksu ogólnego (I_R) dla linii: $I_{OG} = -2,089P_1 + 18,330P_2 - 18,940P_3 - 0,305P_4 + 5,661P_5$

Tabela 5

Średnie wartości cech linii wsobnych kukurydzy oraz specyficzny (I_S) i ogólny (I_{OG}) indeks selekcyjny
Mean value of several traits of inbred lines of maize for specific (I_S) and general (I_{OG}) selection indices

Linie wsobne Inbred lines	Wysokość roślin Plant height	Długość kolby Ear length	Liczba rzędów No. of rows/ear	Liczba ziaren No. of grains/ear	Masa ziarna z kolby Ear weight	Indeks I_S Index I_S	Indeks I_{OG} Index I_{OG}
K324	172,00	14,85	14,40	430,30	107,55	286,60	-155,71
1487-1	196,00	13,35	19,00	387,50	99,13	304,09	9,91
1470-8	202,00	16,00	14,40	361,90	110,66	297,99	98,52
1470-12	187,50	16,50	16,20	357,90	109,04	283,00	112,11
1450-9	206,50	15,50	13,60	332,30	106,81	240,55	145,62
K182	188,50	15,55	12,40	354,40	111,65	282,55	114,70
1511-1	195,00	13,10	15,60	360,80	90,94	293,01	6,92
1516-13	202,00	13,35	16,40	288,40	95,03	275,93	-81,55
K376	197,00	15,25	17,20	310,60	79,91	280,94	-57,87
S335	179,50	16,50	11,80	311,70	94,42	266,86	-37,82
K188	197,00	12,66	13,80	290,60	76,42	272,58	-66,83
1554-11	173,50	12,80	13,60	275,30	84,01	249,73	6,27
K154	201,50	15,00	11,80	224,90	85,53	254,05	46,17
1291-2	174,50	12,20	15,60	287,70	65,07	260,10	180,42
K192	174,00	14,07	11,30	283,10	68,56	252,17	-96,81
1360-5-2	168,00	15,95	12,40	277,70	68,54	247,29	-17,78
1471-12	193,00	16,40	13,20	218,20	75,25	245,33	22,90
1470-15	193,50	18,15	9,40	200,30	80,59	238,36	117,82
K194	176,00	17,10	13,60	212,80	70,58	244,28	-100,07
1522-2	175,00	12,00	13,20	154,20	66,38	214,79	143,48

Otrzymane wyniki obrazują, że obce indeksy użyte w programach hodowlanych będą mniej skuteczne od własnych. To stwierdzenie jest w pełni zgodne z wynikami Hansona i Johnsona (1957) u soi oraz Caldwell i Webera (1965) u pszenicy. W naszych badaniach indeks ogólny dawał jeszcze mniejsze wartości postępu genetycznego, co wskazywałoby na jego mniejszą przydatność w hodowli kukurydzy. Podobne zjawisko zaobserwowali w swoich badaniach Singh i Bellmann (1972). Hanson i Johnson (1957) dowodzą, że

ogólny indeks selekcji jest skuteczny w programach hodowlanych i tylko nieco gorszy od indeksu specyficznego. Niestety wyniki naszych badań nie mogą w pełni poprzeć tej tezy, co może wynikać z faktu, iż nie mamy jeszcze nagromadzonych odpowiednio wystarczających danych.

Tabela 6

Postęp genetyczny dla różnych indeksów selekcyjnych
Expected genetic advance by different selection indices

Miejscowość Location	Specyficzny indeks (I_s) Specific index	Obcy indeks (I_o) Foregin index	Ogólny indeks (I_{og}) General index
Kobierzyce	156,62	43,64	34,04
Smolice	104,02	126,82	81,63

WNIOSKI

1. Indeks wartości własnej (specyficzny) linii jest najlepszą miarą oceny wartości hodowlanej.
2. Wykorzystanie indeksu własnego jako obcego w innej miejscowości obniża wartość postępu genetycznego.
3. Dla ogólnego indeksu selekcji otrzymano najniższe wartości postępu genetycznego. Jego przydatność na obecnym etapie badań jest trudna do określenia ze względu na niewielką ilość danych eksperymentalnych.

LITERATURA

- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2004. Zastosowanie indeksu selekcyjnego do oceny wartości hodowlanej. Rozprawy i Monografie Instytutu Genetyki Roślin PAN: 207 — 222.
- Caldwell B. E., Weber C. R. 1965. General, average and specific selection indices for yield in F₄ and F₅ soybean populations. Crop. Sci. 5: 223 — 226.
- Hanson W. D., Johnson H. W. 1957. Methods for calculating and evaluating a general selection index obtained by pooling information from two or more experiments. Genetics 42: 421 — 432.
- Hazel L. N. 1943. The genetic basis for constructing selection index. Genetics 28: 476 — 490.
- Miller J. D., Jonnes N. I., Lyrence P. M. 1978. Selection indices in sugarcane. Crop. Sci. 18: 369 — 372.
- Rex B. 1991. Retrospective index weights used in multiple trait selection in a maize breeding program. Crop. Sci. 31: 1174 — 1179.
- Singh R. K., Bellmann K. 1972. Problems of generalization of selection indices. Theor. Appl. Genet. 42: 331 — 334.
- Smith H. F. 1936. A discriminated function for plan selection. Ann. Eugenies. 7: 240 — 250.
- St. Marlin S. K., Loesch P. J. Jr., Demopulos-Rodriguez. J. T., Wiser W. 1982. Selection indices for the improvement of opaque- 2 maize. Crop. Sci. 22: 478 — 485.
- Subandi Compton W. A., Empig L. T. 1973. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. Crop. Sci. 13: 184 — 186.
- Suwantaradon K., Eberhart S. A., Mock J. J., Owens J. C., Quthrie W. D. 1975. Index selection for several agronomic traits in the BSSS 2 maize population. Crop. Sci. 15: 827 — 833.

HENRYK BUJAK
STANISŁAW JEDYŃSKI
JAN KARCZMAREK
CECYLIA KARWOWSKA ¹
ZBIGNIEW KURCZYCH ¹
JÓZEF ADAMCZYK ²

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

¹ Hodowla Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” Sp. z o.o.

² Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o.

Wielocechowa analiza wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy (*Zea mays* L.)

Evaluation of breeding value of inbred lines of maize on the basis of multitrait analysis

W pracy oszacowano wartość kombinacyjną linii wsobnych kukurydzy za pomocą indeksu dla kilku zintegrowanych cech oraz oceniono ich potencjał krzyżowania. Materiał badawczy stanowiło 48 mieszańców pojedynczych kukurydzy uzyskanych w wyniku krzyżowania 6 linii z 8 testerami o ziarnie szklistym. Doświadczenia polowe zostały założone metodą kraty kwadratowej w dwóch powtórzeniach w dwóch miejscowościach: Kobierzyce i Smolice. Analizy statystyczne wykonano przy użyciu programu SERGEN. Dla wszystkich linii i testerów obliczono indeksy wyrażające potencjał krzyżowania wykorzystując wartości pomiarów wszystkich cech. Przeprowadzona analiza zdolności kombinacyjnych wykazała istotność efektów GCA linii matecznych i testerów dla wysokości roślin, długości kolby, liczby rzędów ziaren w kolbie i liczby ziaren z kolby oraz SCA dla liczby ziaren z kolby. Istotną interakcję efektów GCA linii matecznych ze środowiskiem stwierdzono dla długości kolby oraz liczby i masy ziaren w kolbie, a GCA testerów dla długości kolby, liczby rzędów ziaren w kolbie i masy ziaren z kolby. Stwierdzono addytywne działanie genów dla wysokości roślin, długości kolby, liczby rzędów ziaren w kolbie oraz addytywne i nieaddytywne formy działania genów dla liczby ziaren z kolby. Wśród badanych form matecznych należy wyróżnić linie 1450-9, 1470-8 i 1470-12 oraz K 154, K 182 i K 324 o najwyższym potencjale krzyżowania. Na wyróżnienie zasłużyły mieszańce 1360-5-2 x K 194 i 1450-9 x K 154 o zwiększonej liczbie ziaren z kolby.

Słowa kluczowe: kukurydza, linie wsobne, potencjał krzyżowania, wartość kombinacyjna

Forty eight maize hybrids obtained by crossing of six lines with eight flint testers were sown in a square lattice with two replications at two locations (Kobierzyce, Smolice). Statistical analyses were performed according to the computer program SERGEN. Indices expressing crossing potential were calculated for all lines and testers. Significant GCA effects were estimated for plant height, ear length, no. of rows/ear and no. of seeds/ear. SCA effects were significant for no. of seeds/ear. Significant interaction of maternal GCA effects with environment was found for ear length, no. of seeds/ear and

seed weight/ ear whereas GCA effects for testers were significant in the case of ear length, no. of rows/ear and seed weight/ear. Plant height, ear length and no. of rows/ear were mostly determined by additive gene action. Both additive and non-additive gene action was involved in the inheritance of no. of grains/ear. The most promising lines were 1450-9, 1470-8, 1470-12, K 154, K 182 and K 324 which showed high crossing potential. The best hybrids were 1360-5 x K 194 and 1450-9 x K154 which were characterized by high no. of seeds/ear.

Key words: combining ability, crossing potential, inbred lines, maize

WSTĘP

Hodowcy zazwyczaj muszą brać pod uwagę kilka cech w czasie selekcji w programie hodowlanym (Adamczyk, 2005; Bujak i in., 2004). W przypadku kukurydzy zwraca się uwagę na wysokość roślin, długość kolby, liczbę rzędów ziaren, liczbę ziaren i masę ziarna z kolby oraz zawartość suchej masy. Do oceny wartości hodowlanej linii wsobnych na podstawie wymienionych cech można wykorzystać wartości GCA i SCA najczęściej w eksperymentach potopcrossowych (Adamczyk, 2005). Jednak przy ocenie wartości kombinacyjnych oddzielnie dla każdej cechy analizowane genotypy mogą często wykazywać dla jednej właściwości dodatnie, a dla drugiej ujemne wartości. Te rozbieżności oceny utrudniają podział linii wsobnych na bardziej lub mniej cenne. Próbę pokonania tych trudności zaproponowali u żyta Kaczmarek i Bujak (1993 a i 1993 b) oraz kukurydzy Bujak i wsp. (2004) wprowadzając parametry asocjacyjnej wartości kombinacyjnej.

Celem niniejszej pracy była ocena wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy na podstawie wartości kombinacyjnych oraz potencjału krzyżowania tych linii wyrażonej poprzez analizę wielocechową oraz indeksy asocjacyjnej wartości kombinacyjnej Y_i i Y_{ij} .

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły mieszańce pojedyncze kukurydzy uzyskane w wyniku krzyżowania 6 linii matecznych z 8 testerami. Zarówno formy mateczne, jak i testery stanowiły linie wsobne. Doświadczenia polowe zostały założone metodą kraty kwadratowej w dwóch powtórzeniach na dwurzędowych poletkach o powierzchni 5 m² w dwóch miejscowościach: Kobierzyce i Smolice. W okresie wegetacji i po zbiorze określono: wysokość roślin, długość kolby, liczbę rzędów ziaren w kolbie, liczbę ziaren z kolby oraz masę ziaren z kolby. Przeprowadzono wstępną analizę wariancji oraz analizę wariancji zdolności kombinacyjnych dla dwóch miejscowości według metody losowanych bloków. Oszacowano efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej linii matecznych i testerów oraz efekty swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców. Istotność efektów stwierdzono za pomocą testu F. Analizy statystyczne wykonano przy użyciu programu SERGEN (Caliński i in., 2003; Czajka, 1996). Dla wszystkich linii i testerów obliczono wielocechowe indeksy potencjału krzyżowania „ Y_i ” oraz „ Y_{ij} ” według wzorów:

$$Y_i = \hat{g}_0 + \sum_{k=1}^m b_k \hat{g}_k$$

gdzie:

$\hat{g}_0$ — efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej cechy podstawowej

$\hat{g}_k$ — efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej k -tej integrowanej cechy

b_k — współczynnik regresji k -tej integrowanej cechy.

$$Y_{ij} = \hat{g}_0^i + \hat{g}_0^j + \sum_{k=1}^m b_k (\hat{g}_k^i + \hat{g}_k^j)$$

$\hat{g}_0^i$ — efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej cechy podstawowej i -tej formy matecznej

$\hat{g}_0^j$ — efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej cechy podstawowej j -tej formy ojcowskiej

$\hat{g}_k^i$ — efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej k -tej integrowanej cechy i -tej formy matecznej

$\hat{g}_k^j$ — efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej k -tej integrowanej cechy j -tej formy ojcowskiej

b_k — współczynnik regresji k -tej integrowanej cechy.

Jako cechę podstawową przyjęto masę ziaren z kolby, właściwość najbardziej związaną z plonem z jednostki z powierzchni. Pozostałe cechy użytkowe są elementami struktury plonowania i uwzględniane są przez hodowców podczas prowadzenia selekcji.

WYNIKI

Każda z analizowanych cech (wysokość roślin, długość kolby, liczba rzędów ziaren w kolbie, liczba ziaren z kolby, masa ziaren) charakteryzuje się zmiennością. W tabeli 1 przedstawiono średnie kwadraty zmienności z analiz wariancji.

Z przedstawionych danych wynika istotne zróżnicowanie genotypów dla GCA linii matecznych, GCA testerów ojcowskich oraz SCA mieszańców tylko dla jednej cechy — liczby ziaren z kolby. Istotna zmienność dla genotypów i zdolności kombinacyjnych pozwalają na oszacowania efektów GCA linii i testerów. W tabeli 2 przedstawiono wyniki tych oszacowań. Efekty GCA były w większości istotne tylko dla wysokości roślin. Na wyróżnienie zasługuje linia 1470-12 dająca istotne dodatnie efekty dla wysokości roślin i długości kolby. W przypadku pozostałych linii napotyka się na trudności jednoznacznej oceny ze względu na równoczesne występowanie dodatnich i ujemnych efektów.

W przypadku testerów, którymi były ustalone linie wsobne (tab. 2) istotne efekty są jeszcze mniej częste. Na wyróżnienie zasługuje tester S 335 ze względu na istotny dodatni efekt dla liczby ziaren z kolby, przy braku pogorszenia pozostałych właściwości. Inne testery np. K 154 zmniejsza w swoim potomstwie liczbę ziaren z kolby, K 192 obniża wysokość roślin, a K 376 długość kolby przy zwiększeniu liczby rzędów. Łączne rozpatrywanie kilku cech wyraźnie utrudnia jednoznaczną ocenę testerów.

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności linii wsobnych i mieszańców kukurydzy (Kobierzyce, Smolice)
The mean squares for the studied traits of maize

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square				
		wysokość roślin plant height	długość kolby ear length	liczba rzędów ziaren w kolbie no. of kernels rows/ear	liczna ziaren z kolby no. of kernels/ear	masa ziaren z kolby weight of kernels/ear
Środowiska Environments	1	99912,0**	154,1**	3,2	191696,0**	150820,8**
Powtórzenia × Środowiska Replications × Environments	2	57,5	2,5	1,5	15378,0	642,5
Genotypy Genotypes	47	262,9*	3,0**	2,9**	4242,0**	301,7
GCA linii GCA of lines	5	997,6**	11,6**	6,6**	8196,0**	
GCA testerów GCA of testers	7	349,7*	3,5*	8,6**	7172,0**	
SCA mieszańców SCA of hybrids	35	143,4	1,7	1,2	3091,2*	
Genotypy × Środowiska Genotypes × Environments	47	169,1	3,5**	3,2**	2914,8*	483,5**
Błąd Error	94	156,8	1,6	1,5	2013,9	275,2

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

Tabela 2

Efekty ogólnej wartości kombinacyjnej linii oraz indeks potencjału krzyżowania Y_i linii matecznych i esterów (Kobierzyce, Smolice)
Effects of general combining ability (GCA) and crossing potential (Y_i) of mother lines and testers

Linie mateczne Mother lines	Wysokość roślin Plant height	Długość kolby Ear length	Liczba rzędów ziaren w kolbie No. of kernels rows/ear	Liczba ziaren z kolby No. of kernels/ear	Masa ziaren z kolby Weight of kernels/ear	Indeks Y_i Index Y_i
1291-2	-7,61**	-1,06**	0,49**	17,87*	-5,90	-30,30
1360-5-2	-4,14*	0,31	-0,44*	-4,20	-4,49	-6,51
1450-9	6,72**	0,08	0,10	-14,53*	1,86	10,91
1470-8	2,91	0,22	0,18	11,39	1,64	8,53
1470-12	4,37*	0,68**	0,33	11,27	6,00	22,41
1470-15	-2,24	-0,23	-0,65**	-21,81*	0,88	-2,62
Testery — Testers						
K 154	4,15	0,32	-0,32	-32,49**	2,87	65,62
K 182	4,07	0,25	-0,45*	-8,00	1,18	62,07
K 188	-1,22	0,47	-0,25	-1,49	-5,03	-25,15
K 192	-6,19*	0,23	-0,80**	13,17	-2,12	-96,19
K 194	-3,10	0,29	0,27	-13,31	1,21	-44,55
K 324	4,15	-0,36	0,27	14,28	4,67	68,55
K 376	-0,77	-0,54*	1,17*	10,22	-2,62	-13,93
S 335	-1,09	0,27	0,12	17,61*	-0,16	-16,42

* Istotność na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ ** Istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$

W tabeli 3 przedstawiono efekty SCA dla liczby ziaren z kolby. Istotne i dodatnie efekty GCA linii matecznych i testerów nie przeniosły swoich walorów na efekty SCA mieszańców, ponieważ linie 1360-5-2 i K 194 oraz 1450 i K 154 dały mieszańce o wysokich efektach SCA, natomiast te same linie 1450 i K 154 oceniane pod względem GCA wykazały istotne ujemne efekty, a kolejna para rodziców 1360-5-2 i K 194 brak istotnych efektów. Można więc wnioskować, że nie należy rozpatrywać pojedynczej cechy w oderwaniu od pozostałych ze względu na ich wzajemne oddziaływanie o charakterze fizjologicznym i genetycznym.

Tabela 3

Efekty swoistej wartości kombinacyjnej dla liczby ziaren z kolby (Kobierzyce, Smolice)
Effects of specific combining ability (SCA) for number of kernels per ear

Linie Lines	Testery Testers	K 154	K 182	K 188	K 192	K 194	K 324	K 376	S 335
1291-2		-24,28	30,43	-7,94	14,75	5,63	9,14	23,50	-51,23**
1360-5-2		-10,76	-15,10	10,37	10,27	59,70**	-27,39	-24,38	-2,71
1450-9		43,43*	-3,97	24,16	-16,30	7,83	-59,81**	1,30	3,37
1470-8		-6,99	0,41	-34,90	13,99	0,42	31,98	-6,16	1,25
1470-12		2,02	2,83	7,12	-34,84	-45,01	35,40	15,91	16,57
1470-15		-3,40	-14,59	1,19	12,13	-28,58	10,67	-10,17	32,75

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

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

Tabela 4

Indeks potencjału krzyżowania Y_{ij} wartości kombinacyjnej mieszańców
Index of crossing potential of maize hybrids (Y_{ij})

Linie wsobne Inbred lines	1291-2	1360-5-2	1450-9	1470-8	1470-12	1470-15
K 154	31,56	47,71	59,70	65,83	78,25	41,71
K 182	36,52	52,67	67,66	70,78	83,21	46,67
K 188	-46,57	-30,42	-18,42	-12,30	0,12	-36,42
K 192	-113,78	-97,63	-85,63	-79,51	-67,09	-103,63
K 194	-71,84	-55,69	-43,69	-37,57	-25,15	-61,69
K 324	49,11	65,26	77,26	83,38	95,80	59,26
K 376	-32,32	-16,17	-4,17	1,95	14,37	-22,17
S335	-33,20	-17,05	-5,06	1,06	13,49	-23,05

Wyznaczono, zatem jedną cechę podstawową, masę ziaren z kolby, która jest wektorem dla hierarchicznie uporządkowanych pozostałych z nią współdziałających i wyliczono wspólny indeks Y_i świadczący o potencjale krzyżowania linii matecznych i testerów oraz Y_{ij} dla mieszańców. Bezwzględne wartości indeksów potencjału krzyżowania dla linii (tab. 2) są zgodne z indeksami wyliczonymi dla potencjału krzyżowania poszczególnych par mieszańców (tab. 4). Komentując wyniki tabeli 4 można zauważyć, że testery K 154 i K182 o wysokich wartościach Y_i w krzyżowaniu z liniami 1470-8 i 1472-12 dawały wysokie wartości indeksów Y_{ij} potencjału krzyżowania mieszańców. Podobne zjawisko obserwowano w przypadku testera K 324. Wyniki powyższych porównań świadczą

o przydatności obliczania wielowymiarowych indeksów w heterozyjnej hodowli kukurydzy.

WNIOSKI

1. Analiza wariancji wykazała istotność zróżnicowania środowisk, genotypów oraz ich interakcje ze środowiskiem dla badanych cech za wyjątkiem plonu ziarna.
2. Stwierdzono istotną zmienność ogólnej zdolności kombinacyjnej linii i testerów dla wszystkich cech, natomiast swoistej zdolności kombinacyjnej mieszańców jedynie dla liczby ziaren z kolby.
3. Analiza efektów GCA linii i testerów oddzielnie dla poszczególnych cech nie daje wystarczających informacji o wartości linii, ze względu na różne wagi dodatnich i ujemnych wartości dla rozpatrywanych cech.
4. Linie o wysokich efektach GCA dla poszczególnych cech nie przenosiły pozytywnych efektów na SCA mieszańców.
5. Linie o wyliczonych dodatnich wyższych wartościach indeksu Y_j dla ogólnej wartości kombinacyjnej dawały również wysokie wartości indeksów potencjału krzyżowania Y_{ij} dla swoistej wartości kombinacyjnej mieszańców. Wyniki świadczą o przydatności obliczania wielowymiarowych indeksów w heterozyjnej hodowli kukurydzy.

LITERATURA

- Adamczyk J. 2005. Genetyczne podstawy hodowli kukurydzy (*Zea mays* L.). W: Zarys genetyki zbóż., t. 2, Wyd. Inst. Genetyki Roślin PAN, Poznań.
- Bujak H., Kaczmarek J., Jedyński S., Karwowska C., Kurczych Z., Adamczyk J. 2004. Ocena wartości hodowlanej materiałów wyjściowych kukurydzy (*Zea Mays* L.) Rozprawy i Monografie Instytutu Genetyki Roślin PAN Poznań 11: 243 — 249.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I., 1998. Podręcznik użytkownika programu Sergen 3. Inst. Genetyki Roślin PAN, Poznań.
- Czajka S. 1996. Metody analizy serii doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich zakładanych w układzie o blokach niekompletnych. Listy Biometryczne — Biometrical Letters 32: 101 — 129.
- Kaczmarek J., Bujak H. 1993 a. Analiza genetyczna integralności systemu kilku cech użytkowych żyta z wykorzystaniem asocjacyjnej wartości kombinacyjnej. Biul. Inf. AR-T Olsztyn 34: 165— 177.
- Kaczmarek J., Bujak H. 1993 b. Homeostaza odmian i rodów żyta. Zesz. Nauk. AR Wrocław 223: 101— 103.

HENRYK BUJAK
STANISŁAW JEDYŃSKI
JAN KARCZMAREK

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Zastosowanie indeksu restrykcyjnego do oceny materiałów wyjściowych kukurydzy

The use of restricted selection index in the evaluation of maize germplasm

W pracy przeprowadzono ocenę wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy na podstawie klasycznego i restrykcyjnego indeksu selekcji. Materiał badawczy stanowiło 20 linii wsobnych kukurydzy. Indeksy selekcyjne wartości własnej (I_s) i restrykcyjny (I_R) linii obliczono na podstawie komponentów wariancji dla pięciu cech użytkowych: wysokości roślin, długości kolby, liczby rzędów ziaren w kolbie oraz liczby i masy ziaren z kolby. Indeks wartości własnej pozwala na wyróżnienie najbardziej wartościowych linii pod względem kompleksu analizowanych cech. Wśród biorących udział w badaniach można wyróżnić linie: 1450-9, 1470-12, 1487-1, 1511-1, K 182 i K 324 o najwyższych wartościach indeksu. Wprowadzając ograniczenie w selekcji dla długości kolby obliczone indeksy restrykcyjne pozwalają na wyróżnienie linii K 324, K182, 1470-8, 1470-12 i 1450-9, dla których uzyskano najwyższe wartości tego indeksu. Linie posiadające wysokie wartości obydwu indeksów nadają się do tworzenia formuł mieszańców pojedynczych i podwójnych kukurydzy.

Słowa kluczowe: indeks restrykcyjny, indeks selekcyjny, linie wsobne, kukurydza

Twenty inbred lines of maize were evaluated by means of classical (Smith's) and restricted selection indices. Both indices were based on variance components for the following characters: plant height, ear length, no. of rows per ear, no. of grains per ear and grain yield. The highest values of classical index were obtained for the lines 1450-9, 1470-12, 1487-1, 1511-1, K 182 and K 324. When restriction was imposed on ear length the most promising lines were K 324, K 182, 1471-8, 1470-12 and 1450-9. Lines having high values of both indices are suitable for developing single and double cross hybrid cultivars of maize.

Key words: inbred lines, maize, selection index, restricted selection index

WSTĘP

W selekcji indeksowej wybór osobników opiera się na wartości indeksu obliczonego na podstawie dwóch lub większej liczby cech. Wartość indeksu traktuje się jak pojedynczą cechę, co daje najlepsze oszacowanie wartości hodowlanej osobnika. W przypadku, gdy hodowca chce utrzymać wartości niektórych cech na takim samym poziomie można zastosować tzw. indeks restrykcyjny Kempthorne'a i Nordskoga (1959) lub jego późniejsze

modyfikacje zaproponowane przez Tallisa (1962) oraz Harvilla (1975). Oszacowania wartości współczynników selekcji (b_i), które maksymalizują korelację między zbiorczą wartością hodowlaną (H) i wartością indeksu selekcyjnego (I), a jednocześnie nie zmieniają wartości danej cechy. Restrykcyjny indeks selekcyjny był wykorzystywany w hodowli pszenicy (Rossiella i Brown, 1980; Wells i Kofoed, 1986), owsa (Rossiella i Frey, 1975; Rossiella i in., 1977) oraz soi (Holbrook i in., 1989). Natomiast, nie ma doniesień literaturowych na temat jego wykorzystania w hodowli kukurydzy.

Celem pracy było oszacowanie wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy za pomocą indeksu restrykcyjnego na podstawie kilku cech: masy ziaren z kolby, wysokości roślin, długości kolby, liczby rzędów ziaren w kolbie oraz liczby ziaren z kolby, przy założeniu, że cechą ograniczającą, czyli tą, której wartość pozostaje bez zmiany jest długość kolby.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 20 linii wsobnych kukurydzy, z których 12 było liniami ustalonymi. Doświadczenia polowe zostały założone metodą kraty kwadratowej w dwóch powtórzeniach na dwurzędowych poletkach o powierzchni 5 m^2 w dwóch miejscowościach: Kobierzyce i Smolice. W okresie wegetacji i po zbiorze określono: wysokość roślin, długość kolby, liczbę rzędów ziaren w kolbie oraz liczbę i masę ziaren z kolby. Na podstawie oczekiwanych średnich kwadratów z analizy wariancji obliczono wariancje i kowariancje fenotypowe i genetyczne dla badanych cech struktury plonu. Dla linii obliczono klasyczny indeks selekcji „ I_s ” jako liniową funkcję obserwowanych wartości fenotypowych poszczególnych cech według następującego równania (Smith, 1936; Hazel, 1943):

$$I_s = b_1P_1 + b_2P_2 + b_3P_3 + \dots + b_nP_n = \sum_{i=1}^n b_iP_i$$

gdzie:

I_s — indeks selekcji

P_i — wartość fenotypowa i -tej cechy

b_i — współczynnik indeksu, który jest tak obliczany, aby korelacja między H i I ($r_{(H, I)}$) osiągnęła maksymalną wartość.

Wartości współczynników selekcji dla poszczególnych cech b_i obliczono z równania:

$$b_i = P^{-1} \times Ga$$

gdzie:

b_i — wektor kolumnowy wartości współczynników indeksu selekcji

P^{-1} — macierz odwrotna macierzy wariancji i kowariancji fenotypowych

G — macierz wariancji i kowariancji genotypowych

a — wektor kolumnowy wartości (wag) ekonomicznych.

Restrykcyjny (ograniczający) indeks selekcji I_R — jest wyliczany, gdy hodowca chce utrzymać wartości niektórych cech na takim samym poziomie według Kempthorne'a i Nordskoga (1959) z późniejszymi modyfikacjami Tallisa (1962) i Harvilla (1975).

Oszacowania wartości b_i , które maksymalizują korelacje między H i I, a jednocześnie nie zmieniają wartości danej cechy uzyskuje się ze wzoru:

$$b_i = [I_{nn} - P^{-1}GC(C'GP^{-1}GC)^{-1}G'G]P^{-1}Ga$$

gdzie:

P^{-1} — macierz odwrotna macierzy wariancji i kowariancji fenotypowej

G — macierz wariancji i kowariancji genotypowej

C — macierz współrzędnych (współczynników) wektora

C' — transponowana macierz współrzędnych (współczynników) wektora

I_{nn} — macierz jednostkowa o wymiarach $n \times n$

dla $\Delta G1 = 0$ ($\Delta G2, \Delta G3, \Delta G4$ — bez ograniczeń)

$C' = (1 \ 0 \ 0 \ 0)$ jest wektorem.

Cechą, o niezmiennionej wartości, na którą nie była wywierana presja selekcyjna była długość kolby.

WYNIKI

W pracy porównano klasyczny indeks selekcji „ I_S ” z indeksem restrykcyjnym „ I_R ”. Procedurę obliczenia klasycznego indeksu selekcji „ I_S ” podano we wcześniejszych pracach (Smith, 1936; Hazel, 1943; Bujak i in., 2004). W celu wyliczenia indeksów selekcji konieczne jest obliczenie wariancji i kowariancji cech biorących udział w ich konstruowaniu, a następnie utworzenie genetycznej (G) i fenotypowej (P) macierzy tych wartości (tab. 1). Na ich podstawie obliczono współczynniki selekcji b_i dla poszczególnych cech, które przedstawiono w tabeli 2. Po podstawieniu dla poszczególnych cech wartości współczynników b_i otrzymujemy wzór na obliczenie indeksu „ I_S ” dla poszczególnych linii: $I_S = 0,950P_1 - 4,829P_2 + 0,786P_3 + 0,636P_4 + 0,885P_5$.

Tabela 1

Macierz wariancji i kowariancji genetycznej G
Genetic variance-covariance matrix G

	Wysokość roślin Plant height	Długość kolby Ear length	Liczba rzędów No. of rows/ear	Liczba ziaren No of grains/ear	Masa ziarna z kolby Ear weight
1	2	3	4	5	6
Wysokość roślin — Plant height	142,914	2,207	6,822	127,451	88,340
Długość kolby — Ear length	2,207	2,988	-1,645	-8,903	5,975
Liczba rzędów — No. of rows/ear	6,822	-1,645	4,753	78,042	9,194
Liczba ziaren — No of grains/ear	127,451	-8,903	78,042	4613,601	810,028
Masa ziarna z kolby — Ear weight	88,340	5,975	9,194	810,028	238,365

Macierz wariancji i kowariancji fenotypowej P
Phenotypic variance-covariance matrix P

1	2	3	4	5	6
Wysokość roślin — Plant height	226,303	3,469	7,111	114,932	102,634
Długość kolby — Ear length	3,469	4,547	-1,819	12,220	14,624
Liczba rzędów — No. of rows/ear	7,111	-1,819	7,896	102,491	11,513
Liczba ziaren — No of grains/ear	114,932	12,220	102,491	7083,750	1108,634
Masa ziarna z kolby — Ear weight	102,634	14,624	11,513	1108,634	463,796

Tabela 2

Obliczenie współczynników b_i dla każdej z cech użytkowych kukurydzy
Calculation of b_i values for several traits of maize

						Wektor a Vector a		b_i
Wysokość roślin — Plant height	0,595	0,004	0,015	0,108	0,228	1		0,950
Długość kolby — Ear length	-0,051	0,658	-0,190	-4,996	-0,251	1		-4,829
Liczba rzędów — No. of rows/ear	0,304	-0,038	0,494	0,465	-0,438	1	=	0,786
Liczba ziaren — No of grains/ear	-0,007	-0,001	0,004	0,574	0,067	1		0,636
Masa ziarna z kolby — Ear weight	0,069	-0,005	0,001	0,498	0,322	1		0,885

Po podstawieniu wartości współczynników b_i otrzymujemy wzór na obliczenie indeksu wartości własnej linii:

$$I_s = 0,950P_1 - 4,829P_2 + 0,786P_3 + 0,636P_4 + 0,885P_5.$$

W czasie prowadzenia selekcji często zachodzi potrzeba nie zmieniania wartości niektórych cech. W przypadku, gdy wartość jednej lub kilku cech jest na optymalnym poziomie, a inne wymagają jeszcze poprawy prowadzi się selekcję w obrębie cech, które wymagają ulepszenia, starając się zachować na niezmiennym poziomie te, które wcześniej uzyskały właściwy poziom. W takich sytuacjach klasyczny indeks selekcji „ I_s ” nie jest przydatny, ponieważ nie uwzględnia różnego traktowania poszczególnych właściwości. Do obliczenia indeksu selekcyjnego w przypadku utrzymania wartości jednej lub kilku cech na niezmiennym poziomie, przy dalszym prowadzeniu selekcji na pozostałe cechy Kempthorne i Nordskog (1959), Tallis (1962) oraz Harvill (1975) zaproponowali nowy indeks nazwany restrykcyjnym. W niniejszej pracy przyjęto ograniczenie dla długości kolby, które oznaczono jako cechą x_2 . Stosując to ograniczenie w tabeli 3 przedstawiono nową macierz $C'G$, powstałą jako wynik iloczynu transponowanego wektora macierzowego współczynników (C') oraz macierzy genetycznej (G). W tabeli 4 podano współczynniki selekcji b_i obliczone dla indeksu restrykcyjnego. Na ich podstawie przedstawiono wzór do obliczenia indeksów I_R dla poszczególnych linii wsobnych kukurydzy: $I_R = 0,982P_1 - 0,283P_2 + 0,521P_3 + 0,622P_4 + 0,850P_5$.

Tabela 3

Macierz wariancji i kowariancji fenotypowych otrzymana po zastosowaniu ograniczenia w selekcji dla długości kolby (cecha x_2)

Phenotypic variance-covariance matrix obtained after restriction on ear length

$C'G = (0 \ 1 \ 0 \ 0 \ 0) =$	142,914	2,207	6,822	127,451	88,340
	2,207	2,988	-1,645	-8,903	5,975
	6,822	-1,645	4,753	78,042	9,194
	127,451	-8,903	78,042	4613,601	810,028
	88,340	5,975	9,194	810,023	223,365

Obliczenie współczynników selekcji b_i dla klasycznego oraz restrykcyjnego indeksu przeprowadzono przy założeniu takich samych wag ekonomicznych ($a = 1$) dla każdej z analizowanych cech struktury plonu.

W tabeli 5 przedstawiono średnie wartości cech oraz wartości klasycznego „ I_s ” oraz restrykcyjnego „ I_R ” indeksu selekcyjnego dla poszczególnych linii kukurydzy. Pomędzy indeksami występuje pewna zgodność, o czym świadczy współczynnik korelacji ($r = 0,87$).

Z reguły linie o wyższych wartościach klasycznego indeksu "I_S" również przy restrykcji na długość kolby zachowują najwyższe wartości. Mogą być jednak wyjątki, jak np. linia 1450-9 o niskiej wartości indeksu „I_S” przy zastosowanej restrykcji została wyceniona wysoko, uzyskując w rankingu piąty wynik pod względem wielkości.

Tabela 4

Obliczenie współczynników b_i dla indeksu dla cech użytkowych kukurydzy
Calculation of b_i values for several traits of maize for the restricted indices

	Wektor a Vector a					b _i	
Wysokość roślin — Plant height	0,996	-0,006	0,003	0,017	-0,011	1	0,982
Długość kolby — Ear length	-0,720	0,025	0,537	2,905	-1,950	1	-0,283
Liczba rzędów — No. of rows/ear	0,042	0,057	0,969	-0,169	0,114	1	0,521
Liczba ziaren — No of grains/ear	0,001	0,002	-0,001	0,995	0,003	1	0,662
Masa ziarna z kolby — Ear weight	0,006	0,008	-0,004	-0,023	1,015	1	0,850

Po podstawieniu do wartości współczynników b_i otrzymujemy wzór na obliczenie indeksu restrykcyjnego (I_R) dla linii: $I_R = 0,982P_1 - 0,283P_2 + 0,521P_3 + 0,622P_4 + 0,850P_5$

Tabela 5

Średnie wartości cech linii wsobnych kukurydzy oraz klasyczny (I_S) i restrykcyjny (I_R) indeks selekcyjny
Mean value of several traits of inbred lines of maize and specific (I_S) and restricted (I_R) selection indices

Linie wsobne Inbred lines	Wysokość roślin Plant height	Długość kolby Ear length	Liczba rzędów No. of rows/ear	Liczba ziaren No of grains/ear	Masa ziarna z kolby Ear weight	Indeks I _S Index I _S	Indeks I _R Index I _R
K324	172,00	14,85	14,40	430,30	107,55	286,60	531,40
1487-1	196,00	13,35	19,00	387,50	99,13	304,09	524,00
1470-8	202,00	16,00	14,40	361,90	110,66	297,99	520,60
1470-12	187,50	16,50	16,20	357,90	109,04	283,00	503,29
1450-9	206,50	15,50	13,60	332,30	106,81	240,55	503,05
K182	188,50	15,55	12,40	354,40	111,65	282,55	502,60
1511-1	195,00	13,10	15,60	360,80	90,94	293,01	497,74
1516-13	202,00	13,35	16,40	288,40	95,03	275,93	463,36
K376	197,00	15,25	17,20	310,60	79,91	280,94	459,31
S335	179,50	16,50	11,80	311,70	94,42	266,86	451,97
K188	197,00	12,66	13,80	290,60	76,42	272,58	442,85
1554-11	173,50	12,80	13,60	275,30	84,01	249,73	416,56
K154	201,50	15,00	11,80	224,90	85,53	254,05	412,41
1291-2	174,50	12,20	15,60	287,70	65,07	260,10	410,38
K192	174,00	14,07	11,30	283,10	68,56	252,17	407,22
1360-5-2	168,00	15,95	12,40	277,70	68,54	247,29	398,00
1471-12	193,00	16,40	13,20	218,20	75,25	245,33	391,50
1470-15	193,50	18,15	9,40	200,30	80,59	238,36	382,91
K194	176,00	17,10	13,60	212,80	70,58	244,28	367,49
1522-2	175,00	12,00	13,20	154,20	66,38	214,79	327,70

Z przeprowadzonych badań wynika, że stosowanie indeksu restrykcyjnego przy nierównych kryteriach selekcji jest bardziej uzasadnione niż wyliczanie klasycznego indeksu selekcji.

WNIOSKI

1. Indeks wartości własnej linii wsobnych kukurydzy pozwala na wyróżnienie najbardziej wartościowych pod względem kompleksu analizowanych cech. Wśród biorących udział w badaniach linii można wyróżnić: 1450-9, 1470-12, 1470-8, 1487-1, 1511-1, K 182 i K324 o najwyższych wartościach indeksu.
2. Wprowadzając ograniczenie w selekcji dla długości kolby obliczone indeksy restrykcyjne pozwalają na wyróżnienie linii K 324, K 182, 1487-1, 1470-8, 1470-12 i 1450-9 o najwyższych wartościach tego indeksu.
3. Spośród badanych linii można wyróżnić linie K 182, K 324, 1470-12, 1470-8, 1487-1 i 1450-9 posiadające wysokie wartości obydwu indeksów selekcyjnych I_S oraz I_R . Linie te nadają się do tworzenia formuł mieszańców pojedynczych i podwójnych kukurydzy.
4. Stosowanie restrykcyjnego indeksu selekcyjnego przy nierównych kryteriach selekcji jest bardziej uzasadnione niż wyliczanie indeksu klasycznego.

LITERATURA

- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2004. Zastosowanie indeksu selekcyjnego do oceny wartości hodowlanej. Rozprawy i Monografie Instytutu Genetyki Roślin PAN Poznań 11: 207 — 222.
- Harville D. A. 1975. Index selection with proportionality constraints. *Biometrics* 31: 223 — 225.
- Hazel L. N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28: 476 — 490.
- Holbrook C. C., Burton J. W., Carter T. E. Jr. 1989. Evaluation of recurrent restricted index selection for increasing yield while holding seed protein constant in soybean. *Crop Sci.* 29: 324 — 329.
- Kemphorne O., Nordskog A. W. 1959. Restricted selection indices. *Biometrics* 15: 10 — 19.
- Rossielle A. A., Frey K. J. 1975. Application of restricted selection indices for grain yield improvement in oats. *Crop Sci.* 15: 544 — 547.
- Rossielle A. A., Eagles H. A., Frey K. J. 1977. Application of restricted selection indexes for improvement of economic value in oats. *Crop Sci.* 17: 359 — 361.
- Rossielle A. A., Brown A. G. P. 1980. Selection for resistance to *Septoria nodorum* in wheat. *Euphytica* 2: 337 — 346.
- Smith H. F. 1936. A discriminant function for plan selection. *Ann. Eugenics.* 7: 240 — 250.
- Tallis G. M. 1962. A selection index for optimum genotype. *Biometrics* 18: 120 — 122.

HENRYK BUJAK¹**ANDRZEJ KOTECKI**²**MARCIN KOZAK**²**WŁADYSŁAW MALARZ**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu² Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Zmienność cech użytkowych rzepaku ozimego

Variability of agronomic characters in winter oil-seed rape

W sezonie wegetacyjnym 2003/2004 w Pawłowicach koło Wrocławia, prowadzono dwuczynnikowe doświadczenia w układzie pasów prostopadłych („split-block”), w których badano w kolejności: I. zróżnicowane technologie uprawy (A — standardowa, B — intensywna) i II. odmiany rzepaku ozimego (Baldur F₁, Californium, Capio, Carina, Cazek, Contact, Digger, Kronos F₁, Liclasic, Lirajet, Lisek, Mazur F_{1Z}, Pomorzanin F_{1Z}, Titan F₁, Viking). W technologii standardowej stosowano nawożenie (kg·ha⁻¹): 140 N, 60 P₂O₅ i 120 kg K₂O oraz zwalczanie chwastów i szkodników w podstawowym zakresie zalecanym przez IOR Poznań, natomiast technologia intensywna (B) charakteryzowała się dodatkowo zwiększonym o 50 kg·ha⁻¹ nawożeniem azotowym, dwukrotnym stosowaniem fungicydów (w fazie opadania płatków korony i w fazie dojrzałości zielonej łuszczyzny) oraz dolistnym dokarmianiem mikroelementami (w fazie pąkowania). Najwyższym współczynnikiem odziedziczalności odznaczał się plon nasion (0,79), a następnie kolejno niższym wydajność tłuszczu surowego (0,78), masa nasion w łuszczyźnie (0,76), zawartość tłuszczu surowego (0,74) i wydajność białka ogółem (0,74). Najniższym poniżej 5% współczynnikiem zmienności charakteryzowały się następujące cechy: zawartość tłuszczu surowego w nasionach, masa 1000 nasion, liczba nasion w łuszczyźnie i zawartość białka ogółem. Najwyższe plony nasion, tłuszczu surowego i białka ogółem uzyskano z odmiany Viking, która miała najwięcej łuszczyzn na roślinie, nasion w łuszczyźnie i masę nasion w łuszczyźnie oraz zawierała najwięcej tłuszczu surowego w nasionach.

Słowa kluczowe: odmiany, rzepak ozimy, współczynnik odziedziczalności, współczynnik zmienności

Fourteen cultivars of winter oil-seed rape (Baldur F₁, Californium, Capio, Carina, Cazek, Contact, Digger, Kronos F₁, Liclasic, Lirajet, Lisek, Mazur F_{1Z}, Pomorzanin F_{1Z}, Titan F₁, and Viking) were sown in a split-block design at Pawłowice near Wrocław in the growing season 2003/2004. Two systems of husbandry were used: standard and intensive. In the standard system crop protection was carried out according to guidelines of the Institute of Plant Protection in Poznań and mineral fertilization was as follows: 140 kg N·ha⁻¹, 60 kg P₂O₅·ha⁻¹ and 120 kg K₂O·ha⁻¹. The intensive variant of cultivation, in comparison with the standard system, differed by a 50 kg·ha⁻¹ higher level of nitrogen fertilization, foliar sprays with micronutrients (bud stage), full disease control (fungicide sprays at dropping of petals and at green maturity of pods stage). High estimates of heritability were obtained for seed yield (0.79), crude fat yield (0.78) seed weight per pod (0.76), crude fat content (0.74) and crude protein yield (0.74). Low coefficients of variability (less than 5%) were calculated for crude fat content

in seeds, 1000 seed weight, no of seeds per pod and total protein content. Viking was the best cultivar in respect of seed yield, crude fat yield and total protein yield. It was also characterized by high no. pods per plant, no. of seeds per pod, seed weight per pod and its crude fat content in seeds was the highest.

Key words: coefficient of variability, cultivars, heritability, winter oil-seed rape

WSTĘP

Podstawową rolę w kształtowaniu plonów nasion rzepaku odgrywa czynnik odmianowy i jego interakcja z szeroko rozumianymi warunkami środowiska (Weber i in., 2003; Wójtowicz i Czernik-Kołodziej, 2003). Odmiany różnią się przede wszystkim wysokością plonów, masą 1000 nasion, zawartością tłuszczu surowego, białka ogółem i glukozyolanów oraz składem kwasów tłuszczowych (Muśnicki i in., 1995; Heimann, 1999 i 2004). Aktualnie na liście odmian rolniczych i warzywnych wpisanych do krajowego rejestru w Polsce znajdują się 42 odmiany, w tym 6 mieszańcowych i 6 mieszańców złożonych (COBORU, 2004). Wyniki porejestrowych doświadczeń odmianowych (Heimann, Lewandowski, 2005) wskazują, że bez względu na poziom agrotechniki i czynnik odmianowy, różnice w plonach nasion rzepaku ozimego między kolejnymi latami dochodzą do 50%. Wysokość plonów mieszańców i jego składników oraz zawartość glukozyolanów i tłuszczu w nasionach jest silnie modyfikowana przez warunki środowiska. Z tego względu linie rodzicielskie mieszańców powinny być tak dobrane, aby plon nasion zebrany z roślin mieszańcowych spełniał normy cech jakościowych požądane przez przemysł tłuszczowy (Liersch i in., 2004).

Celem badań było określenie zmienności ważnych gospodarczo cech użytkowych odmian rzepaku ozimego.

MATERIAŁ I METODY

W sezonie wegetacyjnym 2003/2004, w Pawłowicach koło Wrocławia, prowadzono dwuczynnikowe doświadczenia w układzie pasów prostopadłych („split-block”), w których badano w kolejności I — zróżnicowane technologie uprawy (A — standardowa, B — intensywna) i II odmiany rzepaku ozimego (Baldur F₁, Californium, Capio, Carina, Cazeq, Contact, Digger, Kronos F₁, Liclassic, Lirajet, Lisek, Mazur F_{1Z}, Pomorzanin F_{1Z}, Titan F₁, Viking). W technologii standardowej stosowano nawożenie (kg·ha⁻¹): 140 N, 60 P₂O₅ i 120 kg K₂O oraz zwalczanie chwastów i szkodników w podstawowym zakresie zalecanym przez IOR Poznań, natomiast technologia intensywna (B) charakteryzowała się dodatkowo zwiększonym o 50 kg·ha⁻¹ nawożeniem azotowym, dwukrotnym stosowaniem fungicydów (w fazie opadania płatków korony i w fazie dojrzałości zielonej łuszczyzny) oraz dolistnym dokarmianiem mikroelementami (w fazie pąkowania).

Doświadczenie założono na glebie brunatnej typu płowego, wytworzonej z gliny lekkiej na glinie średniej, kompleksu pszennego dobrego, klasy bonitacyjnej IIIb. Przedplonem była pszenica ozima odmiany Kobra. Odczyn gleby w 1 M KCl był lekko kwaśny, a zasobność gleby w podstawowe makroskładniki przedstawiała się następująco: P — bardzo wysoka, K — bardzo wysoka i Mg — średnia.

Bezpośrednio po zbiorze przedplonu wykonano zespół uprawek poźniowych. Nawozy fosforowe i potasowe stosowano przed orką siewną w dawce 60 kg $P_2O_5 \cdot ha^{-1}$ i 120 kg $K_2O \cdot ha^{-1}$. Przed siewem stosowano nawożenie azotem w formie mocznika (46% N) w dawce 30 kg $N \cdot ha^{-1}$. Rzepak ozimy zasiano 26 sierpnia 2003 roku wysiewając 80 nasion o pełnej wartości użytkowej na 1 m², w rozstawie rzędów 30 cm. Powierzchnia poletek do zbioru wynosiła 12 m². Chwasty zwalczano jesienią przy pomocy ogólnie dostępnych herbicydów zalecanych przez IOR Poznań w uprawach rzepaku. W czasie ruszania wiosennej wegetacji zastosowano azot w formie saletry amonowej (A — 50, B — 80 kg $N \cdot ha^{-1}$), a w fazie pąkowania roślin nawożono rzepak mocznikiem (A — 50, B — 70 kg $N \cdot ha^{-1}$). Na szkodniki łodygowe zastosowano preparat Nurelle D 550 EC, a słodczyka rzepakowego zwalczano w miarę jego pojawiania się przy pomocy preparatu Karate 025 EC. W prowadzonej intensywnej technologii uprawy (B) stosowano dolistne dokarmianie Plonvitem R (faza pąkowania), i dwukrotną ochronę fungicydową (faza opadania płatków korony i dojrzałości zielonej) preparatami Rovral Flo 255 SC, i Horizon 250 EW. Rzepak zebrano jednoetapowo kombajnem 29 lipca 2004 roku. Uzyskane plony nasion rzepaku sprowadzono do wspólnej zawartości wody wynoszącej 13%.

Bezpośrednio przed zbiorem określono, na 10 roślinach z każdego poletka, następujące cechy morfologiczne: wysokość roślin, wysokość do pierwszego plonującego rozgałęzienia, liczbę rozgałęzień pierwszego rzędu i liczbę łuszczyń na roślinie. Ponadto, na 25 łuszczyinach pochodzących ze środkowej części pędu głównego, określano liczbę i masę nasion w łuszczyźnie, natomiast po zbiorze oznaczono masę 1000 nasion. Analizy chemiczne, wykonane standardowymi metodami, obejmowały określenie zawartości tłuszczu surowego i białka ogółem w nasionach.

Otrzymane wyniki opracowano statystycznie, wykonując analizy wariancji dla wszystkich badanych cech użytkowych. Ponadto w celu scharakteryzowania zmienności cech obliczono współczynniki zmienności. Na podstawie oczekiwanych średnich kwadratów wariancji genetycznej i fenotypowej dla analizowanych cech użytkowych obliczono współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie.

WYNIKI I DYSKUSJA

Okres rozwoju jesiennego rzepaku w 2003 roku charakteryzował się wysokimi średnimi temperaturami powietrza przy jednoczesnych niedoborach wilgoci, co spowodowało szybkie wschody rzepaku, lecz jednocześnie zmniejszyło liczbę roślin przed zahamowaniem wegetacji. Łagodny przebieg pogody podczas spoczynku zimowego nie spowodował dalszego zmniejszenia obsady roślin. Wiosenny rozwój rozpoczął rzepak w dobrej kondycji, jednak dalszy jego rozwój przebiegał przy niewielkim niedoborze wilgoci i w temperaturach zbliżonych do średnich z wielolecia.

Wyniki omówiono na poziomie średnich dla odmian. Wysokość roślin i łanu odznaczała się małym współczynnikiem zmienności i dużym odziedziczalności. Odmiana Pomorzanin była najwyższa, a Cazek najniższa. Natomiast odmiana Carina wykształcała najwyżej rozgałęzienia I.-rzędu, których liczba odznaczała się ponad 11% współczynnikiem zmienności i małym odziedziczalności (tab. 1). Według Muśnickiego

(1989) główną przyczyną zmienności są warunki siedliskowe jednak omawiane cechy są silnie modyfikowane przez warunki agrotechniczne, natomiast przy zagęszczeniu około 60 roślin na 1 m² są najbardziej determinowane typem odmiany.

Tabela 1

Średnie wartości oraz parametry zmienności cech morfologicznych roślin przed zbiorem
Mean value and variability of some agronomic characters before harvest

Odmiana Cultivar	Wysokość roślin Plant height (cm)	Wysokość łanu Height of plant canopy (cm)	Wysokość do pierwszego rozgałęzienia Height to first branch (cm)	Liczba rozgałęzień pierwszego rzędu No. of branches of first order
Baldur F ₁	131	127	55	4,6
Californium	122	118	51	4,8
Capio	120	114	47	4,3
Carina	138	130	59	4,3
Cazek	118	110	47	4,5
Contact	127	120	45	5,4
Digger	133	130	56	4,8
Kronos F ₁	129	127	54	3,9
Liclassic	138	132	51	4,5
Lirajet	134	126	54	4,8
Lisek	135	130	52	4,0
Mazur F _{1Z}	133	123	58	4,6
Pomorzanin F _{1Z}	135	129	53	4,4
Titan F ₁	131	124	58	4,5
Viking	127	121	52	4,9
Średnia Mean	130	124	49	4,3
Współczynnik zmienności Coefficient of variability	5,1	5,5	10,8	11,1
Współczynnik odziedziczalności Heritability	0,72	0,71	0,52	0,39

F₁ — Odmiana mieszańcowa; Hybrid cultivar

F_{1Z} — Odmiana mieszańcowa złożona; Complex hybrid cultivar

Liczba łuszczyń na roślinie kształtuje w istotny sposób wysokość plonów nasion i odznacza się dużym współczynnikiem zmienności (Muśnicki, 1989). Odmiana Viking wykształcała najwięcej łuszczyń na roślinie i nasion w łuszczyńce oraz dała najwyższy plon nasion (tab. 2 i 3). Współczynnik zmienności dla liczby łuszczyń na roślinie przekraczał 10%. Współczynnik odziedziczalności liczby nasion w łuszczyńce i plonu nasion wynosił odpowiednio 0,65 i 0,79. Liczba nasion w łuszczyńce jest ujemnie skorelowana z masą 1000 nasion (Muśnicki, 1979; Woyke, 1981). Muśnicki i Muśnicka (1986) uważają, że w kształtowaniu tych dwóch bardzo ważnych elementów struktury plonu szczególne znaczenie ma czynnik genetyczny. Masa nasion w łuszczyńce to funkcja liczby nasion i masy 1000 nasion. Według Muśnickiego (1989) liczba nasion w łuszczyńce w niewielkim stopniu kształtowała plon nasion, chociaż wykazano stały wzrost plonu w miarę zwiększania liczby nasion. Natomiast optymalną dla plonu masą 1000 nasion okazała się masa 1000 nasion 4,5–5,5 g. W badaniach własnych masa nasion w łuszczyńce w większym stopniu zależała od liczby nasion niż od masy 1000 nasion, gdyż była

najwyższa u odmiany Titan F₁, która odznaczała się najwyższą liczbą nasion w łuszczyńce, jednak masa 1000 nasion była niższa od średniej. Masa nasion w łuszczyńce posiadała wysoki współczynnik odziedziczalności 0,76, co potwierdzają wcześniejsze prace Muśnickiego i Muśnickiej (1986), które mówią, że w kształtowaniu liczby nasion w łuszczyńce i masy 1000 nasion szczególną rolę odgrywa czynnik genetyczny.

Tabela 2

Średnie wartości oraz parametry zmienności elementów struktury plonu
Mean value and variability of the yield structure components

Odmiana Cultivar	Liczba łuszczyń na roślinie No. of pods/plant	Liczba nasion w łuszczyńce No. of seed/pod	Masa nasion z łuszczyńcy Seed weight/pod (mg)	Masa 1000 nasion 1000 seed weight (g)
Baldur F ₁	107	28,7	159	5,4
Californium	98	28,3	161	5,1
Capio	103	28,7	165	5,1
Carina	98	29,4	170	5,1
Cazek	77	29,3	160	5,3
Contact	103	27,5	154	5,2
Digger	108	28,0	163	5,5
Kronos F ₁	93	28,7	157	5,1
Liclassic	103	26,7	150	5,2
Lirajet	109	26,5	147	5,1
Lisek	102	27,2	153	5,3
Mazur F _{1Z}	108	27,3	149	5,3
Pomorzanie F _{1Z}	111	27,3	144	5,3
Titan F ₁	111	29,6	175	5,1
Viking	115	29,6	164	4,9
Średnia Mean	103	28,2	158	5,2
Współczynnik zmienności Coefficient of variability	10,2	4,6	7,7	3,8
Współczynnik odziedziczalności Heritability	0,49	0,65	0,76	0,29

F₁ — Odmiana mieszańcowa; Hybrid cultivar

F_{1Z} — Odmiana mieszańcowa złożona; Complex hybrid cultivar

Zawartość tłuszczu surowego w nasionach badanych odmian rzepaku charakteryzowała się małym współczynnikiem zmienności i dużym odziedziczalności (tab. 3). Najwyższą zawartość tłuszczu notowano u odmiany Viking, a białka ogółem u odmiany Mazur F_{1Z}. Wydajność tłuszczu surowego i białka ogółem to funkcja plonu i procentowej zawartości składników. Podobnie jak w przypadku plonu nasion była ona w dużym stopniu odziedziczalna.

Tabela 3

Średnie wartości oraz parametry zmienności dla plonu nasion, zawartości i wydajności tłuszczu surowego oraz białka ogółem

Mean value and variability of seed yield, crude fat and total protein contents and yield

Odmiana Cultivar	Plon nasion Seed yield (dt/ha)	Tłuszcz surowy Crude fat content (%)	Białko ogółem Total protein content (%)	Tłuszcz surowy Crude fat yield (dt/ha)	Białko ogółem Total protein yield (dt/ha)
Baldur F ₁	53,0	47,4	16,4	25,1	8,7
Californium	48,7	46,5	15,8	22,6	7,7
Capio	49,9	47,9	16,6	23,7	8,3
Carina	50,2	47,1	17,3	23,6	8,7
Cazek	48,2	47,7	16,9	22,9	8,1
Contact	46,1	48,3	16,9	22,2	7,8
Digger	52,1	48,1	16,9	25,1	8,8
Kronos F ₁	45,9	46,1	17,0	21,1	7,8
Liclassic	49,5	45,7	17,3	22,6	8,5
Lirajet	48,7	46,4	16,7	22,5	8,1
Lisek	49,5	45,4	15,9	22,5	7,9
Mazur F _{1Z}	51,7	46,1	15,4	23,8	8,0
Pomorzanie F _{1Z}	46,3	48,1	16,7	22,3	7,7
Titan F ₁	51,6	46,1	17,1	23,8	8,9
Viking	54,5	48,6	16,3	26,5	8,9
Średnia Mean	49,7	47,0	16,6	23,4	8,3
Współczynnik zmienności Coefficient of variability	7,4	2,5	4,8	8,2	11,0
Współczynnik odziedziczalności Heritability	0,79	0,74	0,53	0,78	0,74

F₁ — Odmiana mieszańcowa; Hybrid cultivar

F_{1Z} — Odmiana mieszańcowa złożona; Complex hybrid cultivar

WNIOSKI

1. Najwyższym współczynnikiem odziedziczalności odznaczał się plon nasion (0,79), a następnie kolejno niższym wydajność tłuszczu surowego (0,78), masa nasion w łuszczyźnie (0,76), zawartość tłuszczu surowego (0,74) i wydajność białka ogółem (0,74), co świadczy o dużym udziale zmienności genetycznej w kształtowaniu się tych cech.
2. Najniższym poniżej 5% współczynnikiem zmienności charakteryzowały się następujące cechy: zawartość tłuszczu surowego w nasionach, masa 1000 nasion, liczba nasion w łuszczyźnie i zawartość białka ogółem.
3. Najwyższe plony nasion, tłuszczu surowego i białka ogółem uzyskano z odmiany Viking, która miała najwięcej łuszczyzn na roślinie, nasion w łuszczyźnie i masę nasion w łuszczyźnie oraz zawierała najwięcej tłuszczu surowego w nasionach.

LITERATURA

- COBORU 2004. Lista odmian rolniczych i warzywnych wpisanych do krajowego rejestru w Polsce. Słupia Wlk.: 31 — 33.
- Heimann S. 1999. Ocena jakościowa odmian rzepaku ozimego za lata 1996–1998. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XX (2): 637 — 641.
- Heimann S. 2004. Lista opisowa odmian. Rośliny rolnicze. Cz. 1. Zboża, przemysłowe.: 137 — 146.
- Heimann S., Lewandowski A. 2005. Wyniki porejestrowych doświadczeń odmianowych. Rzepak ozimy, rzepak jary. 2004. Nr 31: 3 — 25.
- Muśnicki Cz. 1979. Zmienność i współzależność niektórych cech i właściwości rzepaku ozimego i ich oddziaływanie na plony. Zesz. Prob. Post. Nauk Rol. 229: 89 — 99.
- Muśnicki Cz. 1989. Charakterystyka botaniczno-rolnicza rzepaku ozimego i jego plonowanie w zmiennych warunkach siedliskowo-agrotechnicznych. Roczn. AR Poznań, Ser. Rozprawy Naukowe: 191: 5 — 153.
- Muśnicki Cz., Muśnicka B. 1986. Struktura plonowania różnych typów jakościowych rzepaku ozimego. Zesz. Prob. IHAR „Wyniki badań nad rzepakiem ozimym rok 1985”: 107 — 122.
- Muśnicki Cz., Mroczek W., Potkański A. 1995. Skład chemiczny nasion krajowych i zagranicznych odmian rzepaku ozimego (białko, węglowodany, glukozytolany). Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XVI (1): 105 — 112.
- Liersch A., Bartkowiak-Broda I., Ogrodowczyk M. 2004. Analiza zmienności składników plonu oraz wielkości efektu heterozji mieszańców CMS *ogura* rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.). Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXV (2): 371 — 382.
- Weber R., Karczmarek J., Kotecki A. 2003. Wpływ środowiska na zmienność plonowania odmian rzepaku ozimego w warunkach Dolnego Śląska. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXIV (2): 395 — 403.
- Woyke T. 1981. Zmienność i wzajemny związek cech określanych przy ocenie bezerukowych odmian i rodów rzepaku ozimego. Biul. IHAR 146: 17 — 23.
- Wójtowicz M., Czernik-Kołodziej K. 2003. Reakcja zarejestrowanych odmian rzepaku ozimego na poziom agrotechniki. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXIV (1): 85 — 94.

TADEUSZ ŁUCZKIEWICZ ¹STANISŁAW MEJZA ²HANNA KIELCZEWSKA ²IWONA MEJZA ²¹ Department of Genetics and Plant Breeding, Agricultural University of Poznań² Department of Mathematical and Statistical Methods, Agricultural University of Poznań

Some remarks on the analysis of variance for diallel cross experiments

Wykorzystanie analizy wariancji do oceny wyników doświadczeń z zastosowaniem krzyżowania diallelicznego

The paper deals with three approaches to an analysis of variance for data obtained in a diallel cross experiment with spring rape. The data concerning plants height of 8 inbred lines and 56 crosses between them were used to illustrate consequences of approaches to the analysis. Formally, the experiment was carried out in unbalanced lattice square with subsamples on the units. In the first approach an appropriate analysis for this design is given. In the second approach the mean from subsamples was treated as an observation in a block designed experiment. In the third approach the resolvability property was used and the statistical analysis for the experiment carried out in a complete randomized design was proposed. The consequences in a statistical inference concerning statistical characteristics (general combining ability, specific combining ability) for two experiments with F_1 and with F_2 were examined.

Key words: analysis of variance, block design, resolvable block design, lattice square, diallel cross experiment

Praca dotyczy porównania trzech sposobów wnioskowania statystycznego dla dwóch doświadczeń z genotypami rodzicielskimi i mieszańcami (pokolenia F_1 i F_2) krzyżówek diallelicznych rzepaku jarego. Każde z tych doświadczeń zostało założone w częściowo zrównoważonej kratce kwadratowej dla 8 linii rodzicielskich i 56 mieszańców. Dokonano pomiaru wysokości każdej rośliny na poletku. Dla takiego układu została przeprowadzona analiza wariancji (sposób pierwszy). W podejściu drugim analizę przeprowadzono na średnich z kilku roślin na poletku. Trzeci sposób polegał na przeprowadzeniu analizy tak jak dla doświadczeń zakładanych w układzie o losowanych blokach. Konsekwencje zastosowania tych sposobów analizy przedstawiono na przykładzie wnioskowania o ogólnej i specyficznej zdolności kombinacyjnej badanych linii rodzicielskich.

Słowa kluczowe: analiza wariancji, układ blokowy, rozkładalny układ blokowy, krata kwadratowa, doświadczenie dialleliczne

INTRODUCTION

In a breeding program it is often necessary to decide on what kind of an experimental unit (observation of considered traits) it should be based. Sometimes we take as the unit a plant or a plot. But more often, the experimental unit is a sample of plants chosen from a plot. These approaches have some consequences in statistical data analysis, as well as practical consequences for performance of the experiments and for their costs.

The different significance of the units is directly related to the experimental design. Many breeding experiments are carried out in resolvable incomplete block designs. In this design a set of incomplete blocks is divided into subsets, called superblocks, in such a way that in each superblock all treatments occur once. Then, the number of treatment replications is equal to the number of superblocks in the experiment. In such an experiment we have two systems of blocking, one connected with the usual incomplete blocks that form superblocks, and another connected with the superblocks only. This means that, with respect to the first system of blocking, we have the experiment set up in an incomplete block design, while with respect to the second system we have the experiment set up in a completely randomized block design. In this paper the consequences of the different significance of units and different approaches to the design will be examined in a diallel mating system with spring rape.

More exactly, the breeders design the experiment taking into account the available plant material and technical constraints on the experiment. But it is often necessary to remodel the data obtained (Mejza, Mejza, 1989; Mejza, 1994). The reason for that decision is usually some (random) inaccuracy in the performance of the experiment or unexpectedly large or small variability of the experimental units. This remodeling should be close to the original design of the experiment. In this paper the remodeling is carried out in the class of block designs.

The spring rape diallel cross experiment is used to illustrate our remodeling of the experimental data. This allows us to get more information that permits the use of the data obtained in the designs with no additional structure of treatments.

The aim of the diallel cross experiment is to compare the breeding value of parents inbred lines (clones) to identify the best parents and their hybrids. The inferences on parents usefulness in practical breeding are based on such characteristics as general combining ability (gca) and specific combining ability (sca).

Hence, the general hypotheses concerning parent and hybrids effects can be split into orthogonal sub-hypotheses connected with (gca), (sca), and reciprocal (re) effects.

MATERIALS AND METHODS

In the experiment we considered 8 inbred lines of spring rape S_6 generation. The lines were obtained at the IHAR Experimental Station in Borowo (Poland). Then, in the Department of Genetics and Plant Breeding, Agricultural University of Poznań, diallel crosses (method I according to Griffing's (1956) crossing systems) were made. The F_1 and

F₂ progeny between the lines (after F₁-selfing) of these crosses were used in two field experiments performed at the Agricultural University Experimental Station in Dłóń.

The experimental design used for these two experiments was a partially balanced lattice square for 8 × 8 treatments (8 parental lines and 56 crosses) in four replications (cf. Cochran and Cox, 1957; Clathworthy, 1973). It is noteworthy that in each lattice square all 64 genotypes occur. In this sense the design is resolvable.

In each experiment we had 256 one-row plots with a length of 1 m and with 0.5 m as the distance between rows. Usually, 15 plants per plot were measured.

During the vegetation period and after harvesting the following agronomic traits were evaluated: diameter of root neck, plant height, height to the first branch, number of branches, number of pods per plant, number of seeds per plant, number of seeds per pod, 1000 seeds weight.

In this paper we will consider plant height only.

Hence, on the basis of the diallel cross experiment described above, we would like to:

- examine the necessity of taking 15 plants per plot for measurement (this makes the experiment expensive and there are not always so many plants available);
- examine the effectiveness of applying an incomplete blocks design;
- compare the variability of the examined traits in generations F₁ and F₂;
- examine three approaches to the analysis of experiments in relation to inferences concerning breeding characteristics.

STATISTICAL ANALYSIS AND DISCUSSION

We would like to solve the above-mentioned statistical analysis problems with respect to the three approaches to the analysis of data in the diallel cross experiments under consideration.

Statistical evaluation of data was performed using the program DGH (Kala *et al.* 1997).

Approach I

Let us treat the experiment as one carried out in an incomplete block design (32 blocks) with subsamples on the plots. The generations F₁ and F₂ will be considered separately. For the analysis we have taken 8 observations from a plot (because at least 8 observations were available on each of the plots). In this approach each plant was treated as the experimental unit.

In this case we did not take into account the lattice square structure of the experiment. In the diallel cross experiment very often we have small and differing numbers of seeds. In such a case the design is not orthogonal with respect to the number of units (plants). This problem is usually overcome by choosing the same number of units from each plot. The advantage of this approach is the availability of a good estimation of error which is based on a large number of degrees of freedom.

The appropriate analyses of variance are given in Tables 1 and 2.

Table 1

Analysis of variance for F₁ spring rape diallel crosses (8 × 8). Plant height (cm)

Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares	Mean squares	Ratio F
Blocks	31	5602,6		
Crosses	63	19904,8	316,0	7,9**
including:				
gca	7	11903,2	1700,4	42,6**
sca	28	5786,4	206,7	5,2**
re	28	2215,2	79,1	2,0**
Residual	1953	77933,1	39,9	
including:				
lack of fit	161	5715,5	35,5	0,9
Error (within plot)	1792	72217,6	40,3	
Total	2047	103440,5		

** Significant at the 0.01 level

Table 2

Analysis of variance for F₂ spring rape diallel crosses (8 × 8). Plant height (cm)

Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares	Mean squares	Ratio F
Blocks	31	7553,6		
Crosses	63	27028,0	429,0	10,1**
including:				
gca	7	16484,4	2354,9	55,5**
sca	28	6111,0	218,2	5,1**
re	28	4432,6	158,3	3,7**
Residual	1953	82713,9	42,4	
including:				
lack of fit	161	7270,7	45,2	1,1
Error (within plot)	1792	75443,2	42,1	
Total	2047	117395,5		

Approach II

Let us treat the experiments as carried out in an incomplete block design with 32 blocks of size 8. In this case the experimental unit is the plot, while the mean for plant measurements from a plot is treated as an observation.

The analyses for this approach are given in Tables 3 and 4.

Table 3

Analysis of variance for F₁ spring rape diallel crosses (8 × 8). Plant height (cm)

Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares	Mean squares	Ratio F
Blocks	31	2602,6		
Crosses	63	20650,0	327,8	9,5**
including:				
gca	7	12870,5	1838,6	53,4**
sca	28	6376,4	227,7	6,6**
re	28	1403,1	50,1	1,5
Experimental error	161	5545,3	34,4	
Total	255	28797,9		

Table 4

Analysis of variance for F₂ spring rape diallel crosses (8 × 8). Plant height (cm)

Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares	Mean squares	Ratio F
Blocks	31	3542,6		
Crosses	63	19939,3	316,5	8,2**
including:				
gca	7	13808,2	1972,6	51,1**
sca	28	3011,0	107,5	2,9**
re	28	3120,1	111,4	2,9**
Experimental error	161	6220,7	38,6	
Total	255	29702,6		

Approach III

The experiment was carried out in a partially balanced lattice design. This means that this design is resolvable and superblocks are complete blocks. Then, such a superblock experiment is carried out in a completely randomized block design.

In this case we ignore the blocks in the lattice square. We do not verify a hypothesis concerning the block effects. But looking at Tables 3 and 4, we see that block variability is relatively small. This allows us to treat the experiment according to Approach III.

The results of analysis of variance for this approach are shown in Tables 5 and 6.

Table 5

Analysis of variance for F₁ spring rape diallel crosses (8 × 8). Plant height (cm)

Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares	Mean squares	Ratio F
Superblocks	3	56,9		
Crosses	63	22450,0	356,3	10,7**
including:				
gca	7	13270,0	1895,7	56,9**
sca	28	7366,0	263,1	7,9**
re	28	1814,0	64,8	1,9
Experimental error	189	6291,0	33,3	
Total	255	28797,9		

Table 6

Analysis of variance for F₂ spring rape diallel crosses (8 × 8). Plant height [cm]

Source of variation	Degrees of freedom	Sum of squares	Mean squares	Ratio F
Blocks	3	120,6		
Crosses	63	22362,0	355,0	9,3**
including:				
gca	7	14192,5	2027,5	53,1**
sca	28	3928,5	140,3	3,7**
re	28	4241,0	151,5	3,96**
Experimental error	189	7220,0	38,2	
Total	255	29702,6		

Let us consider the earlier questions in turn. There is no need to make a measurement of every plant if we are considering such a trait as plant height. The misfit of the model is small, and in this case it improves a little the conclusions from the analysis of both F₁ and F₂ hybrids.

The blocks in this experiment did not eliminate a considerable part of the total variability. This was probably due to their small surface area. The fertility of soil was uniformly distributed in the experiment. The length of blocks may have an influence on variability between blocks. It turned out that the variability within and between replications was relatively small in the considered experiment with generations F_1 and F_2 .

In our experiments the block structures do not have any influence on inferences concerning diallel cross. This means that for this trait (plant height) soil variability in the experiments was very small. For other plant traits the situation may be different.

In this paper two experiments are considered, one of them for generation F_1 and the second for generation F_2 . The variability of qualitative and quantitative traits in generation F_2 is usually larger than in F_1 . This results from the segregation and recombination of the genes in which the parental lines differed. These experiments confirmed this opinion. In all methods of analysis of variance, the experimental error was always larger for hybrids in generation F_2 .

Additionally, we draw a similar inference concerning ANOVA and breeding characteristics (gca, sca) in generations F_1 and F_2 .

In all the considered variants of calculation we observe significant differences among the hybrids analyzed. Also, the effects of general and specific combining abilities for the considered lines and traits are significant at the level $\alpha = 0.01$. There are some differences in the results concerning reciprocal effects (Tables 5 and 6.).

REFERENCES

- Clathworthy W. H. 1973. Tables of two associate class partially balanced designs. NBS Applied Mathematics. Ser. 63. Department of Commerce.
- Cochran, W. G., Cox, G. M. 1957: Experimental designs. John Wiley Inc., New York.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Austr. J. Biol. Sci. 9: 463 — 493.
- Kala R., Chudzik H., Dobek A., Kielczewska H. 1997. A package of statistical analysis data from genetical and breeding experiments Advances in Biometrical Genetics. Proceedings of the Tenth Meeting of the EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding. Poznań, 14–16 May1997, P. Krajewski and Z. Kaczmarek (eds.): 165 — 168.
- Mejza I., Mejza S. 1989. A note on model building in block designs. Biul. Oc. Odm. 21–22: 187 — 201.
- Mejza S., 1994: On modelling of experiments in natural sciences. Listy Biom.- Biom. Letters 31: 79 — 100.
- Mejza, S., Biszof, A. 1996. Some remarks on an analysis of block design experiments with subgroups (In Polish). Colloquium Biometryczne, Tom 26: 155 — 161.

HALINA GÓRAL¹**MICHAŁ JASIEŃSKI**¹**TADEUSZ ZAJĄC**²¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza w Krakowie² Katedra Szczegółowej Uprawy Roślin, Akademia Rolnicza w Krakowie

Zdolność kombinacyjna odmian lnu oleistego pod względem cech plonotwórczych

Combining abilities of several varieties of linseed with respect to yield components

Celem badań była ocena ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz efektu krzyżowań odwrotnych pięciu zróżnicowanych geograficznie odmian lnu oleistego pod względem cech plonotwórczych. Wykazano istotne zróżnicowanie GCA i SCA odmian pod względem wszystkich cech oraz efektów krzyżowań odwrotnych w przypadku wysokości roślin. Odmiany LinolaTM 947 i Opal charakteryzowały się istotną dodatnią GCA wysokości roślin i liczby torebek z rośliny, co oznacza że selekcja we wczesnych pokoleniach mieszańcowych z użyciem tych odmian powinna być skuteczna. W hodowli rekombinacyjnej, zmierzającej do zwiększenia plonu nasion, można polecić odmiany LinolaTM 947 i Barbara charakteryzujące przeciwnym znakiem GCA dla liczby torebek z rośliny i masy 1000 nasion przy dodatnich efektach GCA liczby nasion z torebki. Dodatni efekt krzyżowań odwrotnych obserwowany w kombinacji LinolaTM 947 × Barbara pod względem wysokości roślin, liczby torebek i masy nasion z rośliny wskazuje, że na wartość tych cech w potomstwie ma wpływ kierunek krzyżowania, co świadczy o udziale w ich dziedziczeniu czynników cytoplazmatycznych.

Słowa kluczowe: cechy plonotwórcze, len oleisty, zdolność kombinacyjna

The study was aimed at evaluating the general (GCA) and specific (SCA) combining abilities and the effects of reciprocal crosses among several varieties of linseed (of different geographic origin), with respect to yield components. We have documented the existence of significant variation in both GCA and SCA for yield components. Reciprocal crosses resulted in significant effects for plant height. The varieties LinolaTM 947 and 'Opal' were characterised by significant positive combining abilities for plant height and number of capsules per plant, which implies that with these two varieties selection in early hybrid generations should be effective. The varieties LinolaTM 947 and Barbara can be recommended for recombination breeding aimed at increasing the seed yield, since their GCA for the number of capsules per plant and weight of 1000 seeds are opposite in sign, and they both have positive GCA for seed number per capsule. A reciprocal cross effect for plant height, capsule number and seed weight per plant was recorded for the cross between LinolaTM 947 and Barbara. This result indicates that the direction of crosses is important for the characteristics of the hybrids, which indicates that cytoplasmic factors may be important in the inheritance of this trait.

Keywords: combining ability, linseed, yield components

WSTĘP

Len oleisty (*Linum usitatissimum* L.) jest ważnym surowcem dla przemysłu chemicznego, papierniczego, paszowego, spożywczego, farmaceutycznego i kosmetycznego (Szczucińska i in., 1995; Piotrowska i Furowicz, 1998; Zając, 2004). W hodowli nowych odmian, mających na celu zwiększenie plonu nasion i komponentów plonu, konieczna jest znajomość sposobu dziedziczenia tych cech, umożliwiającą wybór odpowiednich form do krzyżowania i metody selekcji. W hodowli rekombinacyjnej szczególne znaczenie ma dobór rodziców do krzyżowań charakteryzujących się dodatnią ogólną zdolnością kombinacyjną poszczególnych cech plonotwórczych. Umożliwia to skuteczną selekcję rekombinantów we wczesnych pokoleniach mieszańcowych.

Celem badań była ocena ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz efektu krzyżowań odwrotnych pięciu odmian lnu oleistego pod względem cech plonotwórczych.

MATERIAŁ I METODY

Badania prowadzono w latach 2003–2004 w stacji doświadczalnej Prusy koło Krakowa. Wykorzystano 5 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 oraz jasnonasienną odmianę Hungarian Gold o normalnej zawartości kwasu linolenowego. Odmiany skrzyżowano w pełnym układzie diallelicznym. Nasiona mieszańców F₁ otrzymano w wyniku ręcznych krzyżowań poprzedzonych kastracją. Mieszańce oraz formy rodzicielskie wysiano punktowo na poletkach 1-rzędowych, o długości rzędów 1,5 m, w rozstawie 30 × 10 cm. Doświadczenie założono metodą losowanych bloków w 3 powtórzeniach na glebie czarnoziem zdegradowany wytworzony z lessu. Do oceny cech plonotwórczych i masy nasion z rośliny wybrano losowo po 5 roślin każdego z 25 genotypów. Zmierzono wysokość roślin, policzono torebki na każdej roślinie, wymłócono je i oceniono liczbę nasion z torebki oraz masę nasion z rośliny. Masę 1000 nasion uzyskano z przeliczenia liczby i masy nasion z rośliny. Analizy wariancji i oszacowanie efektów GCA i SCA oraz efektów krzyżowań odwrotnych wykonano według modelu I Griffinga opisanego przez Ubysz-Borucką i wsp. (1985).

WYNIKI I DYSKUSJA

Analizy wariancji wykazały istotne zróżnicowanie GCA i SCA badanych odmian pod względem wszystkich cech oraz efektów krzyżowań odwrotnych w przypadku wysokości roślin (tab. 1). Średni kwadrat GCA dla wszystkich cech był kilkakrotnie większy niż SCA wskazując na przewagę zmienności addytywnej nad nieaddytywną.

Tabela 1

Średnie kwadraty dla ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej oraz krzyżowań odwrotnych (RE) odmian lnu oleistego dotyczące plonu nasion i cech plonotwórczych
Mean squares of general (GCA) and specific (SCA) combining abilities and reciprocal effects (RE) of linseed varieties, regarding seed yield and yield components

Źródło Source	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty — Mean squares				
		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 seed weight	plon nasion z rośliny seed yield per plant
Genotypy — Genotype	24	312,22**	7832,19**	3,27**	5,17**	32,34**
GCA	4	230,98**	4243,48**	3,28**	4,95**	13,83**
SCA	10	34,63**	1146,05*	0,19**	0,30**	5,59*
RE	10	22,84**	916,01	0,07	0,20	4,40
Błąd — Error	100	6,30	548,01	0,06	0,11	2,35

*, ** 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

Tabela 2

Średni plon nasion i cech plonotwórczych u odmian i mieszańców F₁ lnu oleistego
Mean values of seed yield and yield components in linseed varieties and F₁ hybrids

Obiekt Entry	Wysokość roślin (cm) Plant height	Liczba torebek z rośliny Number of capsules per plant	Liczba nasion z torebki Number of seeds per capsule	Masa 1000 nasion (g) 1000 seed weight	Plon nasion z rośliny (g) Seed yield per plant
Rodzice — Parents					
Opal	78,4	131,4	7,6	7,72	7,81
Barbara	73,0	99,0	7,6	9,03	6,74
Linola™ 947	88,2	182,8	9,1	5,66	9,45
Flanders	71,1	104,6	7,6	7,26	5,66
H. Gold	68,0	95,2	6,1	8,61	5,04
Średnia — Mean	75,7	122,6	7,6	7,66	6,94
Mieszańce — Hybrids					
Opal × Barbara	73,6	181,2	7,6	9,22	12,80
Opal × Linola™ 947	91,6	215,2	8,7	6,90	12,91
Opal × Flanders	81,6	140,6	7,8	7,16	7,69
Opal × H. Gold	81,9	200,6	7,0	8,92	12,39
Barbara × Opal	64,8	98,6	8,1	9,39	7,42
Barbara × Linola	70,4	90,8	8,5	7,77	6,01
Barbara × Flanders	66,8	119,6	8,7	8,29	8,62
Barbara × H. Gold	75,5	130,6	7,5	9,29	9,10
Linola™ 947 × Opal	94,1	222,8	9,0	7,27	14,70
Linola™ 947 × Barbara	86,1	188,2	8,9	7,56	12,63
Linola™ 947 × Flanders	83,6	113,6	8,6	7,50	7,24
Linola™ 947 × H. Gold	83,3	130,4	8,0	7,10	7,49
Flanders × Opal	76,1	130,2	8,0	8,68	8,84
Flanders × Barbara	70,0	124,2	8,5	8,20	7,98
Flanders × Linola™ 947	84,5	117,8	8,6	6,94	7,21
Flanders × H. Gold	72,9	120,0	6,9	8,95	7,44
H. Gold × Opal	78,2	184,4	6,1	9,79	11,15
H. Gold × Barbara	79,8	116,4	7,6	9,20	8,25
H. Gold × Linola™ 947	88,3	166,6	8,0	7,65	10,31
H. Gold × Flanders	78,0	114,4	7,3	8,74	7,32
Średnia — Mean	79,1	145,3	8,0	8,23	9,38
NRI _{0,05} — LSD _{0,05}	7,03	65,56	0,67	0,91	4,30

Podobne wyniki otrzymali Anand i Murty (1969) oraz Patil i Chopde (1981), 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. Tyson (1989) obserwował wyraźne efekty krzyżowań odwrotnych w pokoleniu mieszańców F_1 , badając genetyczne uwarunkowania masy jednostkowej nasion.

Mieszańce F_1 charakteryzowały się większą liczbą torebek i masą nasion z rośliny (odpowiednio o 18,5% i o 35,2% w stosunku do rodziców) i nieco większymi wartościami innych cech w porównaniu do odmian rodzicielskich (tab. 2). W badaniach innych autorów stwierdzono także dodatnią heterozję liczby torebek z rośliny (Anand i Murty, 1969).

Odmiany wykazywały zróżnicowaną GCA badanych cech. Polską odmianę Opal i odmianę LinolaTM 947 cechował dodatni, istotnie różny od zera, efekt GCA dla wysokości i liczby torebek z rośliny (tab. 3). Odmiana Opal charakteryzowała się ponadto dodatnią GCA masy nasion z rośliny, przy jednocześnie ujemnym efekcie liczby nasion z torebki (tab. 3). Odmiana LinolaTM 947 przekazywała potomstwu zdolność do zawiązywania większej liczby nasion z torebki, zmniejszając jednocześnie masę 1000 nasion. Odmiany Barbara i H. Gold charakteryzowały się zdolnością przekazywania potomstwu większej masy 1000 nasion przy jednoczesnym zmniejszaniu liczby torebek z rośliny. Odmiana Flanders zmniejszała w potomstwie wartości większości badanych cech i nie powinna być polecana do krzyżowań z innymi odmianami.

Tabela 3

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej form rodzicielskich lnu oleistego
The effects of general combining ability for the linseed parents

Odmiana Variety	Wysokość roślin (cm) Plant height	Liczba torebek z rośliny Number of capsules per plant	Liczba nasion z torebki Number of seeds per capsule	Masa 1000 nasion (g) 1000 seed weight	Plon nasion z rośliny (g) Seed yield per plant
Opal	1,48*	22,85**	-0,16*	0,16	1,46**
Barbara	-5,09**	-16,01*	0,16*	0,59**	-0,26
Linola TM 947	7,45**	20,33**	0,75**	-1,11**	0,85
Flanders	-2,82**	-21,81**	0,08	-0,21*	-1,52**
H. Gold	-1,01	-5,39	-0,83**	0,57**	-0,54

*, ** Efekty istotnie różne od zera odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$ (test t Studenta); Effects differ significantly from zero at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively (Student's t test)

Do hodowli rekombinacyjnej zmierzającej do zwiększenia plonu nasion można polecić odmiany LinolaTM 947 i Barbara, charakteryzujące się przeciwnym znakiem GCA dla liczby torebek z rośliny i masy 1000 nasion przy dodatnich efektach GCA liczby nasion z torebki. Odmiana Opal będzie przekazywać potomstwu zdolność wytwarzania większej liczby torebek, a odmiana H. Gold większą masę jednostkową nasion.

Niewiele kombinacji krzyżowań charakteryzowało się dodatnimi efektami SCA. Na uwagę zasługuje kombinacja Opal $\times$ LinolaTM 947. W potomstwie tej pary rodziców obserwowano swoisty, dodatni efekt pod względem liczby torebek i masy nasion z rośliny oraz liczby nasion z torebki (tab. 4). Kombinacja Opal $\times$ H. Gold wykazywały dodatni efekt SCA dla liczby torebek z rośliny, masy 1000 nasion i masy nasion z rośliny.

Tabela 4

Efekty swoistej zdolności kombinacyjnej lnu oleistego
The effects of specific combining ability of linseed

Mieszańce Hybrids	Wysokość roślin (cm) Plant height	Liczba torebek z rośliny Number of capsules per plant	Liczba nasion z torebki Number of seeds per capsule	Masa 1000 nasion (g) 1000 seed weight	Plon nasion z rośliny (g) Seed yield per plant
Opal × Barbara	-5,57**	-7,73	-0,11	0,44*	0,02
Opal × Linola TM 947	5,52**	35,03*	0,35*	-0,08	2,60**
Opal × Flanders	1,78	-6,43	0,06	-0,14	-0,56
Opal × H. Gold	1,19	34,25*	-0,35*	0,50*	1,96*
Barbara × Linola TM 947	-2,48	-5,59	-0,10	0,08	-0,16
Barbara × Flanders	-2,08	18,95	0,48**	-0,24	1,19
Barbara × H. Gold	5,36**	4,13	0,30**	-0,03	0,58
Linola TM 947 × Flanders	1,06	-23,59	-0,12	0,43*	-1,00
Linola TM 947 × H. Gold	0,98	-7,21	0,20	-0,20	-0,31
Flanders × H. Gold	0,86	3,63	-0,02	0,37	0,55

*, ** Efekty istotnie różne od zera odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$ (test t Studenta); Effects differ significantly from zero at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively (Student's t test)

Tylko nieliczne efekty krzyżowań odwrotnych były statystycznie istotne (dane niezamieszczone). Dodatni efekt krzyżowań odwrotnych obserwowano w kombinacji LinolaTM 947 × Barbara pod względem wysokości roślin (7,86**), liczby torebek (48,7**) i masy nasion z rośliny (3,31 g) oraz w kombinacji Flanders × Opal dla masy 1000 nasion (0,76 g). Na wartość tych cech w potomstwie wymienionych rodziców miał wpływ kierunek krzyżowania, co świadczy o udziale w ich dziedziczeniu czynników cytoplazmatycznych.

WNIOSKI

1. Wykazano istotne zróżnicowanie GCA i SCA odmian lnu oleistego pod względem cech plonotwórczych oraz efektów krzyżowań odwrotnych w przypadku wysokości roślin.
2. Odmiany LinolaTM 947 i Opal charakteryzowały się istotną dodatnią GCA wysokości roślin i liczby torebek z rośliny, co oznacza że selekcja we wczesnych pokoleniach mieszańcowych z użyciem tych odmian powinna być skuteczna.
3. W hodowli rekombinacyjnej, zmierzającej do zwiększenia plonu nasion, można polecić odmiany LinolaTM 947 i Barbara charakteryzujące przeciwnym znakiem GCA liczby torebek z rośliny i masy 1000 nasion przy dodatnich efektach GCA liczby nasion z torebki.

LITERATURA

- 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.
- 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.
- 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.

- Piotrowska A., Furowicz B. 1998. Postęp w hodowli lnu oleistego. Rośliny Oleiste XIX: 641 — 643.
- Szczucińska A., Szulc A., Klukowska-Majewska Z. 1995. Olej lniany jako surowiec kosmetyczny. Rośliny Oleiste XVI: 341 — 344.
- Tyson H. 1989. Genetic control of seed weight in flax (*Linum usitatissimum*) and possible implications. Theor. Appl. Genet. 77: 260 — 270.
- Zajac T. 2004. Współczesne uwarunkowania uprawy i wykorzystania lnu oleistego. Post. Nauk Roln. 2: 77 — 91.

RENATA GALEK
HONORATA KALIŃSKA
EWA SAWICKA-SIENKIEWICZ

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Analiza wybranych cech morfologicznych i struktury plonu w kolekcji łąbinu wąskolistnego (*Lupinus angustifolius* L.)

Analysis of the lupin (*Lupinus angustifolius* L.) collection in respect of some morphological and yield structure characters

Przebadano piętnaście rodów i odmian łąbinu wąskolistnego, w tym siedem epigonalnych (LAE-1, LAE-2, R/24/99, R108/99, R170, Sonet, Wersal) i osiem o tradycyjnym typie wzrostu (Boruta, Baron, Elf, LAG-24, Ród 451, Mulat, Zeus, Graf). Doświadczenia polowe założono w latach 2003 i 2004 w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym AR we Wrocławiu, metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach. Określono na pędzie głównym i pędach bocznych: długość kwiatostanu (cm), liczbę kwiatków oraz strąków. Obliczono również indeks płodności (%) na podstawie stosunku zebranych strąków do wytworzonych kwiatów. Określono również masę nasion z rośliny (g), ich liczbę oraz masę tysiąca nasion (g). Na podstawie przeprowadzonej analizy wariancji stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych materiałów pod względem analizowanych cech. Najdłuższymi kwiatostanami pędu głównego (25 cm) wyróżniła się odmiana Boruta, a boczego Baron (8 cm). Powyżej 30 kwiatów w kwiatostanie głównym stwierdzono u odmian — Boruta, Sonet oraz epigonalnego rodu LAE-1, a najmniej u Zeus (17). Na pędach bocznych najmniej kwiatów odnotowano u odmiany Graf (6) a najwięcej u Baron (10). Najkorzystniejszym indeksem płodności na pędzie głównym na poziomie 50% charakteryzowały się samokończące genotypy Wersal i LAE-2-2 oraz odmiany o tradycyjnym typie wzrostu i ród LAG-24. Ród LAG-24 wyróżnił się wysoką wartością masy tysiąca nasion (180 g) a odmiana Boruta, Ród 451 i LAG 24 masą nasion z rośliny (14–15 g).

Słowa kluczowe: *Lupinus angustifolius*, odmiany, rody hodowlane, cechy morfologiczne, struktura plonu

Investigation covered 15 breeding lines and varieties of *Lupinus angustifolius*, 7 of which belonging to the group of the “epigonal” determinated type of growth (LAE-1, LAE-2, R/24/99, R 108/99, R 170, Sonet, Wersal) and 8 characterized by the “traditional”, non-determinate type of growth (LAG-24, Ród 451, Boruta, Baron, Elff, Mulat, Zeus, Graf). Field experiments were established in 2003 and 2004 by the randomized blocks method in 3 replications. The following characters of the main stem and lateral branches were evaluated: length of inflorescence (cm), number of flowers, and number of pods. Fertility index (%) was calculated as a ratio of the number of pods harvested to the number of developed flowers. Also, the weight of seeds per plant (g) and the weight of 1000 seeds (g) were analyzed. Variance

analysis revealed significant differentiation in all characters studied. The variety Boruta developed the longest inflorescence (25 cm), but the longest (8 cm) inflorescence on lateral branches appeared in the variety Baron. The highest number of flowers in the main stem inflorescence is yielded by the varieties Boruta and Sonet and the breeding line LAE-1, whereas the variety Zeus formed only 17 flowers. The number of flowers on lateral branches differed considerably: the variety Graf and the variety Baron showed the lowest (6) and the highest (10) values respectively. The determinate genotypes: LAE-2-2 and Wersal, as well as the traditional LAG-24, showed the most suitable fertility index for the main stem. The breeding line LAG-24 was distinguishable by a high value of the weight of 1000 seeds (180 g), but this line and also Ród 451 had the lowest weight of seeds per plant (14–15 g).

Key words: lupin, *Lupinus angustifolius*, cultivars, breeding lines, morphological traits, yield structure characters

WSTĘP

Z około 250 gatunków należących do rodzaju *Lupinus* tylko trzy — *L. albus*, *L. luteus* i *L. angustifolius* są roślinami uprawnymi dobrze przystosowanymi do warunków glebowo-klimatycznych strefy umiarkowanej.

Łubin wąskolistny należy do stosunkowo młodych roślin uprawnych, bo początki jego uprawy sięgają XVIII i XIX wieku. Wzmianki o wykorzystaniu łubinu wąskolistnego jako substytutu kawy, środka leczniczego czy stosowaniu jako zielony nawóz na plantacjach winorośli wywodzą się jeszcze z czasów rzymskich.

W ostatnich latach znaczenie łubinu wąskolistnego systematycznie wzrasta, na co w znacznym stopniu wpływa jego polowa odporność na grzyba *Colletotrichum lupini* wywołującego groźną chorobę — antraknozę. Łubin wąskolistny odznacza się korzystną budową rośliny. Jego wąskie liście ułatwiają penetrację światła, a ponadto sprzyjają szybkiemu wysychaniu plantacji po obfitych opadach deszczu. Łubin wąskolistny charakteryzuje się najkrótszym okresem wegetacji spośród uprawnych gatunków, jest formą samopylną, co ułatwia prace selekcyjne. Niemniej posiada wiele cech, które należy udoskonalić na drodze hodowlanej. W ostatnich kilku latach zgromadzono w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa kolekcję odmian i rodów łubinu wąskolistnego. Celem podjętych prac jest ocena kolekcji dla wybrania najwartościowszych genotypów do dalszych prac genetyczno-hodowlanych.

MATERIAŁ I METODY

Przedmiotem badań było piętnaście rodów i odmian łubinu wąskolistnego, w tym siedem epigonalnych (LAE-1, LAE-2, R/24/99, R108/99, R170, Sonet, Wersal) i osiem o tradycyjnym typie wzrostu (Boruta, Baron, Elf, LAG-24, Ród 451, Mulat, Zeus, Graf). Odmiany i rody pochodziły z Hodowli Roślin Smolice, Oddział w Przebędowie. Doświadczenia polowe w latach 2003 i 2004 założono metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach, wysiewając po 44 nasiona na poletku w rozstawie 20 × 10 cm. Na pędzie głównym i pędach bocznych oceniono następujące cechy: długość kwiatostanu (cm), liczbę kwiatków oraz liczbę zebranych strąków. Obliczono także indeks płodności IP(%) dla pędu głównego oraz bocznego:

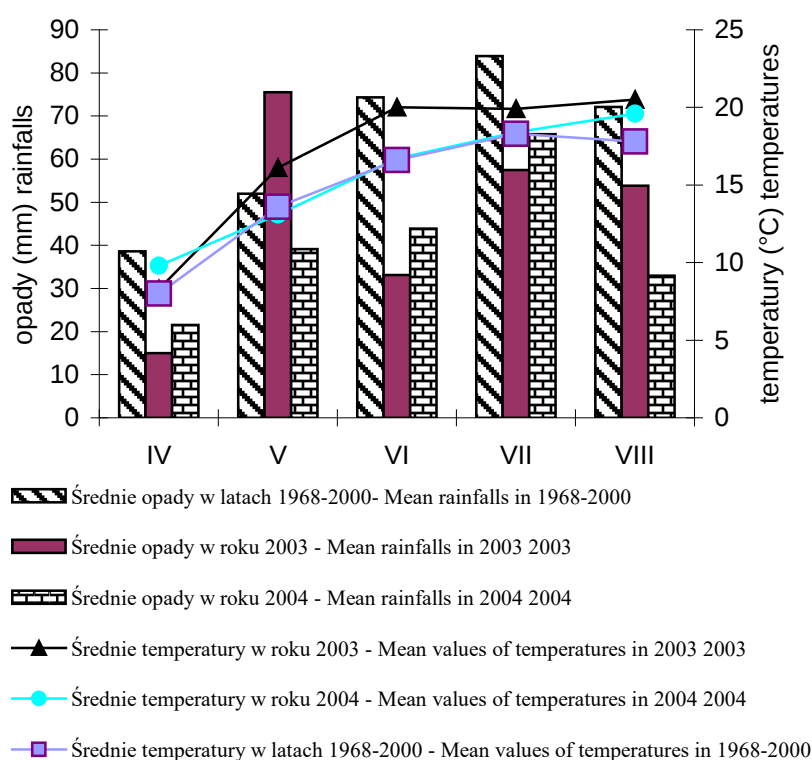
$$IP(\%) = \frac{Ls}{Lk} \times 100$$

Ls — Liczba zebranych strąków z pędu głównego lub bocznego,

Lk — liczba kwiatów.

Dodatkowo przeanalizowano elementy struktury plonu, takie jak liczba nasion z pędu głównego i pędów bocznych (g), masę i liczbę nasion z rośliny oraz masę 1000 nasion (g). W każdym sezonie wegetacyjnym z każdego powtórzenia analizowano po 10 losowo wybranych roślin.

Rok 2003 charakteryzował się wysokimi temperaturami oraz małą ilością opadów, szczególnie w miesiącu czerwcu (33,1 mm), które były niższe o 40,3 mm od średniej z wielolecia. Pod względem średnich temperatur rok 2004 nie odbiegał znacznie od wielolecia, za to sumy opadów były niższe, szczególnie w miesiącach maju i sierpniu (rys. 1).



Rys. 1. Porównanie średnich wartości temperatur i opadów
Fig. 1. Comparison of the mean values of temperatures and rainfalls

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie przeprowadzonej analizy wariancji (tab. 1 a i 1 b) stwierdzono istotne różnicowanie badanych form pod względem analizowanych cech.

Tabela 1 a

Średnie kwadraty zmienności dla cech morfologicznych i struktury plonu w kolekcji *L. angustifolius*
The mean squares of variability for morphological and yield structure characters in the collection of *L. angustifolius*

Źródło zmienności i Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Długość kwiatostanu pędu głównego Length of inflorescence of the main stem (cm)	Liczba kwiatów na pędzie głównym No. of flowers per main stem	Liczba zebranych strąków z pędu głównego No. of harvested pods per the main stem (szt.)	Indeks płodności na pędzie głównym Fertility index of the main stem (%)	Długość kwiatostanu pędu bocznego Length of inflorescence of lateral branch (cm)	Liczba kwiatów na pędzie bocznym No. of flowers on lateral branch	Liczba zebranych strąków z pędów bocznych No. of harvested pods from lateral branches	Indeks płodności na pędzie bocznym Fertility index on lateral branch (%)
Lata Years	1	569,77**	354,00**	141,62**	356,42**	17,82**	14,56*	177,24**	4020,82**
Genotypy Genotypes	14	42,41**	203,7**	38,22**	324,08**	35,86**	39,88**	24,42**	634,82**
Genotypy × lata Genotypes × years	14	6,15*	7,76	7,68*	159,24**	4,42**	7,71**	17,34*	137,83
Błąd Error	56	3,17	6,13	1,11	34,73	1,09	2,14	7,59	119,11

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

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

Tabela 1 b

Średnie kwadraty zmienności dla analizowanych elementów plonowania w kolekcji *L. angustifolius*
The mean squares of variability for the analyzed yielding components in the collection of *L. angustifolius*

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Liczba nasion z pędu głównego No. of seeds from the main stem	Liczba nasion z pędów bocznych No. of seeds from lateral branches	Liczba nasion z rośliny No. of seeds per plant	Masa nasion z rośliny Weight seeds per plant (g)	Masa 1000 nasion Weight of 1000 seeds (g)
Lata Years	1	2546,72**	20262,00**	37181,63**	414,31**	4943,87**
Genotypy Genotypes	14	613,88**	3391,86**	2510,83**	34,34**	2040,69**
Genotypy × lata Genotypes × years	14	147,68**	1244,58**	1417,85**	16,83**	810,77**
Błąd Error	56	20,48	133,2	167,51	4,22	112,03

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

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

Odnotowano również istotny wpływ na kształtowanie się poszczególnych cech interakcji genotypy $\times$ lata (z wyjątkiem liczby kwiatów na pędzie głównym oraz indeksu płodności na pędach bocznych). Obydwie analizowane grupy roślin o tradycyjnym i „samokończącym” typie wzrostu charakteryzowały się podobną średnią długością kwiatostanu pędu głównego (tab. 2).

Tabela 2

Średnie wartości cech morfologicznych i struktury plonu badanych genotypów o samokończącym oraz tradycyjnym typie wzrostu w kolekcji *L. angustifolius* L.

Mean values of morphological and yield structure characters for the investigated genotypes with determinate and non-determinate type of growth in the *Lupinus angustifolius* L. collection

Genotypy Genotypes	Długość kwiatostanu pędu głównego Length of inflorescence of the main stem (cm)	Liczba kwiatków na pędzie głównym No. of flowers per the main stem	Liczba zebranych strąków z pędu głównego No. of harvested pods per the main stem (szt)	Indeks płodności na pędzie głównym Fertility index of the main stem (%)	Długość kwiatostanu pędu bocznego Length of inflorescence of lateral branch (cm)	Liczba kwiatków na pędzie bocznym No. of flowers on lateral branch	Liczba zebranych strąków z pędów bocznych No. of harvested pods from lateral branches	Indeks płodności na pędzie bocznym Fertility index on lateral branch (%)
LAE-1 (s)	20,2	35,6	11,9	34,6	3,0	6,6	8,0	55,7
LAE2-2(s)	19,7	28,9	12,7	47,9	0,7	2,2	2,0	31,0
R24/99(s)	16,7	27,5	10,9	43,1	2,3	6,6	9,0	68,2
R108/99(s)	19,8	29,4	12,0	42,9	1,1	4,4	6,4	55,7
R170/99(s)	20,9	29,1	11,6	41,9	0,9	3,3	4,7	46,9
Sonet(S)	17,9	30,9	11,8	38,9	1,3	4,1	5,6	48,1
Wersal(S)	13,3	21,7	10,7	50,6	4,1	9,0	17,2	56,6
Średnia dla genotypów samokończących								
Mean value for genotypes with determinate type of growth	18,4	29,0	11,6	42,8	1,9	5,2	7,6	51,7
Średnia dla genotypów tradycyjnych								
Boruta	24,7	37,2	10,8	29,2	5,9	9,6	12,5	45,1
Baron	17,6	23,3	6,1	26,9	7,7	10,0	17,1	38,1
Elf	17,1	21,8	7,3	35,2	7,3	9,7	17,7	45,2
Lag 24	18,3	19,5	8,6	46,8	4,8	6,2	14,0	64,3
Ród 451	20,6	27,1	7,7	32,3	6,9	10,1	21,1	47,7
Mulat	19,1	24,3	7,7	32,8	6,5	8,5	7,4	41,3
Zeus	15,4	17,5	5,4	32,2	4,1	6,1	9,8	58,4
Graf	17,3	19,8	5,9	31,5	4,7	6,0	13,9	61,5
Średnia dla genotypów tradycyjnych								
Mean value of genotypes with non-determinate type of growth	18,7	23,8	7,4	33,4	6,0	8,3	14,2	50,2
Średnia ogólna								
Mean value	18,6	26,2	9,4	37,8	4,1	6,8	11,1	50,9
NIR — LSD	2,1	2,9	1,2	6,8	1,2	1,7	3,2	12,6
V% — CV	14,3%	22,2%	26,9%	19,5%	59,8%	37,8%	50,5%	20,2%

Najdłuższymi kwiatostanami pędu głównego (25 cm) wyróżniła się odmiana Boruta, a bocznego odmiana Baron (8 cm). Liczba kwiatów na pędzie głównym u form

o zdeterminowanym typie wzrostu była średnio o pięć wyższa w porównaniu do form o tradycyjnym typie wzrostu (24). Odmiany Boruta, Sonet oraz epigonalny ród LAE-1 tworzyły powyżej 30 kwiatów na pędzie głównym, a najmniej ich rozwijało się u odmiany Zeus (17). Liczba kwiatów na pędach bocznych była niska od 2 (LAE 2-2) do 10 (Boruta, Wersal, Elf, Ród 451).

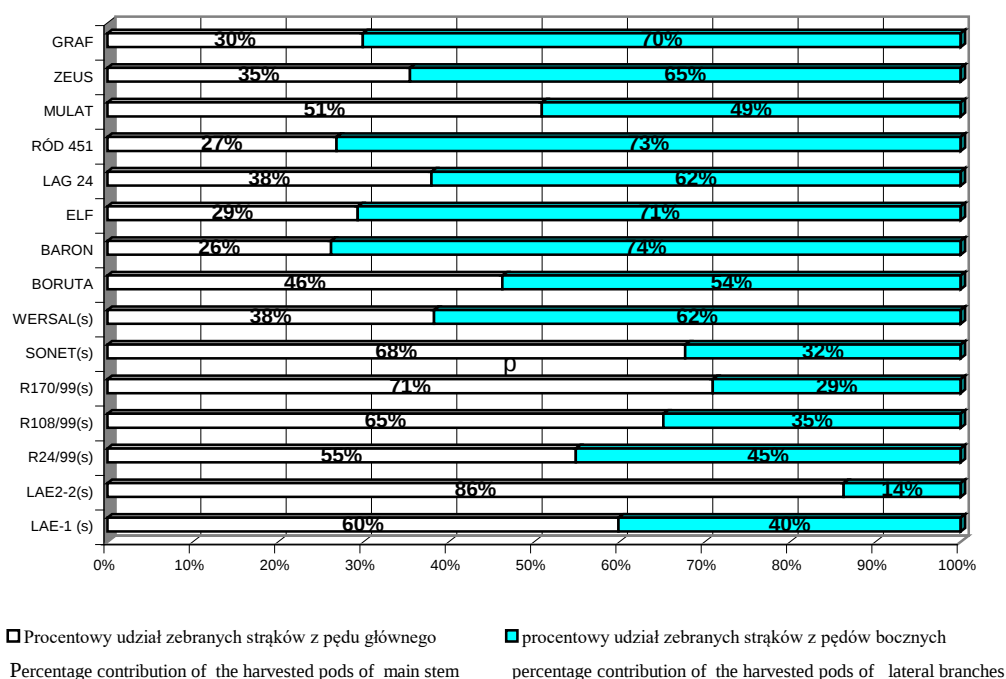
Liczba zebranych strąków z pędu głównego u wszystkich odmian i rodów o zdeterminowanym typie wzrostu przekraczała 10 sztuk, natomiast u odmian i rodów tradycyjnie rozgałęziających się była średnio o cztery niższa. Na uwagę zasługują: odmiana Boruta oraz ród LAG-24, u których zaobserwowano od 9 do 11 strąków z rośliny. Ponadto u form samokończących efektywne zawiązywanie strąków następowało także w kątach liści na pędzie głównym, co miało istotnie korzystny wpływ na liczbę zebranych strąków z pędu głównego. Po obliczeniu udziału zebranych strąków w stosunku do wykształconych kwiatów (indeks płodności) najwyższą efektywność wiązania strąków na pędzie głównym — powyżej 45% stwierdzono w grupie roślin o samokończącym typie wzrostu: Wersal (50%) i LAE 2-2 (48%). Natomiast wśród genotypów o tradycyjnym typie wzrostu, najbardziej pod względem tej cechy, wyróżnił się ród LAG-24 (47%). Pozostałe odmiany o tradycyjnym typie wzrostu charakteryzowały się indeksem płodności w granicach 29–35% (tab. 2).

Łubin podobnie jak inne gatunki roślin strączkowych kwitnie obficie, a potem okazuje się, że liczba zawiązanych strąków jest znacznie niższa niż liczba wytworzonych kwiatów (Prusiński i Borowska, 2002). Na całej roślinie wytwarzanych jest z reguły, co najmniej kilkadziesiąt kwiatów, jednakże udział zebranych strąków w stosunku do liczby wykształconych kwiatów wynosi np. u bobiku i soi 25%, u fasoli 30–70, a np. u łubinu żółtego 20%. Prusiński i Borowska podają (2002), że stosunek wykształconych strąków łubinu żółtego do liczby wytworzonych przez roślinę kwiatów wynosił na pędzie głównym 37%, zaś na pędach bocznych 4,95%. W najkorzystniejszym dla łubinu żółtego okresie rozwoju generatywnego pod względem warunków wilgotnościowych wartości te wynosiły odpowiednio 25,42 i 11%. Wyniki badań uzyskane dla *L. agustifolius* w roku 2003 (Galek i in., 2004), który nie był korzystny z uwagi na obniżone opady w czerwcu, były porównywalne do wyników uzyskanych przez Prusińskiego i Borowską (2002), gdyż indeks płodności wyniósł 37%.

Na problem opadania strąków jak i próby jego rozwiązywania zwracano uwagę już w latach pięćdziesiątych (Mackiewicz, 1958), a obecnie jest także przedmiotem zainteresowania wielu ośrodków badawczych (Kotecki i Jasińska, 1999; Pate i in., 1998; Bieniaszewski i in., 2003; Podsiadło i Karczmarczyk, 2003; Sienkiewicz i in., 2003; Galek i in., 2004). Badania fizjologiczne wskazują, że przyczyn tego zjawiska może być wiele. Dotychczasowe badania zmierzające do ustalenia powodów opadania kwiatów i zawiązków owoców wskazują na kompleksowy charakter zjawiska. Znaczącą rolę w zamieraniu części generatywnych odgrywają takie czynniki jak: dostępność substancji pokarmowych, hormonów roślinnych, niekorzystny układ warunków meteorologicznych podczas okresu kwitnienia, niedostatecznym jakościowym i ilościowym zapyleniem kwiatów (Prusiński i Borowska, 2002; Galek i in., 2004). Niewystarczająca ilość substancji pokarmowych w tkankach rośliny matecznej, które są szybko zużywane przy obfitym

kwitnieniu i równoczesnym owocowaniu, sprzyja powstaniu konkurencji w wykształcaniu poszczególnych zalążków i młodych zarodków. Dopływ substancji do zawiązków kwiatowych później tworzonych, w środkowej i górnej części kwiatostanu ustaje, co powoduje ich opadanie. Najlepsze zawiązywanie strąków obserwuje się zawsze w dolnej części kwiatostanu. Dodatkowo widoczne jest żerowanie drobnych owadów w kwiatach, które nakłuwając je powodują uszkodzenie i opadanie kwiatów i młodych strąków (Mackiewicz, 1958). Badania prowadzone przez Pawłowa (Jasińska i Kotecki, 1999) wykazały, że opryskanie łubinu żółtego roztworami cytokininy i heteroauksyny zwiększyło liczbę zawiązanych strąków i masę nasion na roślinach. Podobne wyniki uzyskali Borowska i Prusiński (2003), którzy po zastosowaniu auksyny i ekolistu na łubin biały zaobserwowali pozytywny wpływ na większość cech struktury plonu. Przeprowadzone doświadczenia przez Podsiadło i Karczmarczyka (2003) nad efektywnością nawadniania i nawożenia, w zależności od warunków pluwiotermicznych w trakcie sezonu wegetacji łubinu wąskolistnego odmiany Wersal, znacznie poprawiały plonowanie.

Biorąc pod uwagę wyniki badań otrzymane dla *L. angustifolius* (Galek i in., 2004) należy podkreślić, zdecydowanie korzystniejsze właściwości form o zdeterminowanym typie wzrostu pod względem efektywności zawiązywania strąków, i to w sezonie wegetacyjnym, kiedy odnotowywano dość znaczne niedobory wodne w okresie fazy generatywnej.



Rys. 2. Procentowy udział zebranych strąków z rośliny z pędu głównego oraz z pędów bocznych
Fig. 2. Percentage contribution of the harvested pods from main stem and lateral branches of a plant

U form „samokończących” 61% zebranych strąków pochodziło z pędu głównego, a 39% z pędów bocznych, natomiast u genotypów o tradycyjnym wzroście ta proporcja była odwrotna i wynosiła odpowiednio 34% i 66% (rys. 2).

Formy „samokończące” wytwarzają mniejszą liczbę bocznych rozgałęzień w porównaniu z formami tradycyjnymi, dodatkowo wytwarzają kwiaty i strąki w kątach liści. Wyjątkiem była odmiana Wersal, o „samokończącym” typie wzrostu, gdyż wytworzyła szczególnie dużo rozgałęzień bocznych, z których zebrano aż 62% strąków, stanowiących ogólną liczbę zebranych strąków z rośliny, w przeciwieństwie do pozostałych genotypów z tej grupy (13–45%). Odmiana Wersal jest formą pastewną, nierozgałęziającą się, a wysiewana po połowie kwietnia tworzy znaczne ilości zielonej masy przydatnej do żywienia bydła lub na przyzioranie (www.hrsmolice.republika.pl).

Tabela 3

Średnie wartości wybranych cech struktury plonu dla badanych genotypów o samokończącym i tradycyjnym typie wzrostu w kolekcji *L. angustifolius* L.
Mean values of some characters of yield structure for genotypes with determinate and non-determinate type of growth in the *L. angustifolius* collection L.

Genotypy Genotypes	Liczba nasion z pędu głównego No. of seeds per the main stem	Liczba nasion z pędów bocznych No. of seeds from lateral branches	Liczba nasion z rośliny No. of seeds per plant	Masa nasion z rośliny Weight seeds per plant (g)	Masa 1000 nasion Weight of 1000 seeds (g)
LAE-1	54,2	31,3	85,5	9,2	113,2
LAE2-2	51,2	7,4	58,6	7,2	123,8
R24/99	39,7	29,0	68,7	10,5	159,0
R108/99	47,7	22,0	69,7	10,5	152,6
R170/99	41,9	15,2	57,0	8,2	145,5
Sonet	47,6	23,5	71,1	9,5	146,8
Wersal	42,0	62,3	104,2	13,5	136,8
Średnia dla genotypów samokończących Mean value of genotypes with determinate type of growth	46,3	27,2	73,5	9,8	139,7
Boruta	45,6	50,4	96,0	14,9	155,2
Baron	25,8	72,6	98,4	12,3	147,2
Elf	32,4	74,7	107,1	12,4	123,9
LAG 24	31,4	49,0	80,4	13,7	181,7
RÓD 451	34,2	86,5	120,7	14,2	128,0
Mulat	28,9	25,6	54,5	8,2	163,9
Zeus	22,6	39,5	62,0	9,7	165,7
Graf	25,4	56,2	81,7	11,0	149,5
Średnia dla genotypów tradycyjnych Mean value for genotypes with non- determinate type of growth	30,8	56,8	87,6	12,1	151,9
Średnia ogólna Mean value	38,0	43,0	81,0	11,0	146,2
NIR — LSD	5,2	13,3	14,9	2,4	12,2
V% — CV	26,6%	55,3%	25,2%	21,8%	12,6%

U odmian i rodów epigonalnych stwierdzono o 32% więcej uzyskanych nasion z pędu głównego, jednakże odmiany i rody o tradycyjnym typie wzrostu przewyższyły o 20% formy „samokończące” pod względem ogólnej liczby nasion i masy nasion z rośliny (tab. 3). Przewagą rodów „epigonalnych” jest także równomierność dojrzewania nawet przy niesprzyjających warunkach pogodowych. Należy nadmienić, że lata 2003 i 2004 były wyjątkowo korzystne dla dojrzewania łubinu (rys. 2), stąd też rody o tradycyjnym typie wzrostu, tworzące liczne rozgałęzienia pierwszego i drugiego rzędu, na których strąki były dojrzałe, charakteryzowały się dobrym plonowaniem. Odmiany i rody o tradycyjnym typie wzrostu miały nieznacznie przeciętnie o 11 g wyższą masę 1000 nasion, w porównaniu do genotypów o zdeteminowanym typie wzrostu.

Jednym z głównych kierunków hodowli roślin strączkowych, w tym łubinu wąskolistnego jest uzyskanie odmian dobrze i wiernie plonujących w polskich warunkach klimatyczno-glebowych. Cel ten został częściowo osiągnięty przez wytworzenie odmian o niepekających strąkach, oraz odmian „samokończących” i tzw. termoneutralnych — tolerujących opóźniony siew (Święcicki i in., 1997; Nijaki i in., 1999; Prusiński i Borowska, 2002, 2003). Jednak nie udało się jeszcze wyeliminować lub znacznie ograniczyć opadania strąków i utrzymywania zadowalającego poziomu zawiązywania strąków, szczególnie w środkowej oraz szczytowej części kwiatostanu.

WNIOSKI

1. Odmiana Wersal, ród LAE-2-2 o zdeteminowanym typie wzrostu oraz LAG-24 o rozgałęziających się roślinach charakteryzowały się najkorzystniejszym indeksem płodności z pędu głównego — powyżej 45%.
2. Wszystkie formy „samokończące” wytwarzały powyżej 10 strąków z rośliny, natomiast tylko odmiana Boruta spośród genotypów o tradycyjnym typie wzrostu wykształcała porównywalną ich liczbę.
3. Ród LAG-24 osiągnął najwyższą wartość masy 1000 nasion (180 g), a odmiany Boruta, Ród 451 Wersal oraz LAG-24 wyróżniły się masą nasion z rośliny — powyżej 13 g.

LITERATURA

- Bieniaszewski T., Fordoński G., Lahuta L., Krzebietke S., Żarczyński P. 2003. Wpływ poziomu wilgotności gleby na wzrost i plonowanie tradycyjnych i samokończących form łubinu żółtego. ZPPNR z. 495: 95 — 119.
- Borowska M., Prusiński J. 2003. Zastosowanie auksyny i ekolistu w uprawie łubinu białego. Streszczenia, Międzynarodowa Konferencja „Łubin — wysokobiałkowa roślina XXI wieku”. Kudowa Zdrój, 22–25 września 2003: 11.
- Galek R., Sawicka-Sienkiewicz E., Stawiński St., Kalińska H., Maniukiewicz P. 2004. Wstępna ocena płodności wybranych odmian i rodów *Lupinus angustifolius*. Genetyka w ulepszaniu roślin uprawnych, pod redakcją P. Krajewskiego, Z. Zwierzykowskiego, P. Kachlickiego, Rozprawy i Monografie Nr 11, IGR PAN w Poznaniu, 2004: 395 — 402.
- Kotecki A., Jasińska Z. 1999. Szczegółowa uprawa roślin. Praca zbiorowa pod redakcją Z. Jasińskiej i A. Koteckiego. T. 2. Wydawnictwo Akademii Rolniczej we Wrocławiu.

- Mackiewicz H. 1958. Żywotność pyłku u trzech gatunków łubinów. *Roczniki Nauk Rolniczych*. T. 79 — A — 1:103 — 110.
- Nijaki T., Nijaki J., Czerwińska A. 1999. Postęp w hodowli łubinu żółtego i wąskolistnego: Proceedings of the International Conference „Lupin in Polish and European Agriculture” Przysiek 2–3 September, Poland. (eds) J. Prusiński: 153 — 158.
- Pate J. S., Emery R. J. N., Atkins C. A. 1998. Transport, physiology and partitioning. In: *Lupin as crop plants. Biology, production and utilization*. (eds) J.S. Gladstones, C.A. Atkins J. Hamblin CAB International: 181 — 226.
- Podsiadło C., Karczmarczyk S. 2002. Ocena wpływu deszczowania i nawożenia mineralnego na plonowanie i zachwaszczenie łubinu wąskolistnego. *ZPPNR* z. 495:191 — 200.
- Prusiński J., Borowska M. 2002. Potencjał biologiczny roślin strączkowych i jego wykorzystanie cz. I. Zastosowanie regulatorów wzrostu w uprawie roślin strączkowych. *Hodowla Roślin i Nasiennictwo* 2/2002: 16 — 25.
- Prusiński J., Borowska M. 2003. Potencjał biologiczny roślin strączkowych i jego wykorzystanie cz. II. Dolistne dokarmianie roślin strączkowych. *Hodowla Roślin i Nasiennictwo* 1/2003: 8 — 13.
- Sienkiewicz S., Żarczyński P., Wierzbowska J., Krzebietke S. 2003. Wpływ nawożenia makroskładnikami na plony nasion, białka i tłuszczu oraz niektóre cechy morfologiczne dwóch odmian łubinu białego. *ZPPNR* z. 495: 231 — 236.
- Święcicki W., Święcicki W.K., Wiatr K. 1997. Historia, współczesne osiągnięcia i perspektywy hodowli roślin strączkowych w Polsce. *ZPPNR* 446: 15 — 32.
(www.hrsmolice.republika.pl).

EWA SAWICKA-SIENKIEWICZ

RENATA GALEK

DARIUSZ ZALEWSKI

JOLANTA AUGIEWICZ

Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Porównanie mieszańców międzygatunkowych *Lupinus albus* (*sensu lato*) × *Lupinus mutabilis* pod względem wybranych cech ilościowych

Comparison of interspecific hybrids *Lupinus albus* (*sensu lato*) × *Lupinus mutabilis* in respect of some quantitative characters

Otrzymywanie mieszańców międzygatunkowych w rodzaju *Lupinus* należy do trudnych zadań. Przez wiele lat podejmowano próby przełamania barier krzyżowalności między gatunkami *L. albus* × *L. mutabilis*. W wyniku tych prac otrzymano niewiele nasion z niektórych kombinacji krzyżówkowych. Rośliny mieszańcowe rozmnożono i oceniono w kolejnych generacjach. Celem porównania mieszańców międzygatunkowych między sobą i gatunkami rodzicielskimi przeprowadzono ocenę materiału pod względem wybranych cech ilościowych. Materiał badawczy stanowiło dziewięć mieszańców na poziomie pokolenia F₆ i F₇ i dziesięć form rodzicielskich (*L. mutabilis* XM-5, LM-13, LM-34, Mut-45, MUT-136, MUT-628, *L. graecus*, *L. vavilovi*, *L. termis*, *L. albus* 'WAT'). Na podstawie przeprowadzonej analizy wariancji stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych materiałów dla wszystkich analizowanych cech. Biorąc pod uwagę badane cechy sześć mieszańców — (*L. termis* × *L. mutabilis* Mut-628), (*L. termis* × *L. mutabilis* KW), (*L. vavilovi* × *L. mutabilis* Mut-45), (*L. vavilovi* × *L. mutabilis* LM-34), (*L. mutabilis* XM-5 × *L. vavilovi*), (*L. mutabilis* LM-13 × *L. graecus*) było zbliżonych do form matecznych a dwa mieszańce — (*L. albus* 'WAT' × *L. mutabilis* Mut-136), (*L. termis* × *L. mutabilis* XM-5) do form ojcowskich. Masą tysiąca nasion wyróżniły się cztery mieszańce (*L. termis* × *L. mutabilis* Mut. 628, *L. termis* × *L. mutabilis* KW, *L. vavilov* × *L. mutabilis* Mut-45, i *L. vavilovi* × *L. mutabilis* LM-34), które zaliczono do tej samej grupy jednorodnej o masie 1000 nasion powyżej 300 g.

Słowa kluczowe: *Lupinus*, mieszańce międzygatunkowe, cechy ilościowe

In the case of genus *Lupinus*, it is a very difficult task to obtain interspecific hybrids. Long-term studies were undertaken to overcome the crossability barriers between *L. albus* and *L. mutabilis*, and some seeds from certain cross combinations were yielded. The hybrid plants were propagated and the consecutive progenies evaluated. The interspecific hybrids and their parental species were compared in order to evaluate some quantitative characters. Nine interspecific hybrids of the generations F₆ and F₇ and ten parental forms (*Lupinus mutabilis*: XM-5, LM-13, LM-34, MUT-45, MUT-136, MUT-628; *Lupinus albus sensu lato*: *L. graecus*, *L. vavilovi*, *L. termis*, *L. albus* cv. WAT) were checked. Variance

analysis showed significant differences in the study materials with regard to all characters investigated. Six hybrids: (*L. termis* × Mut-628), (*L. termis* × KW-epigonal mutant of *L. mutabilis*), (*L. vavilovi* × Mut-45), (*L. vavilovi* × LM-34), (XM.5 × *L. vavilovi*), (LM-13 × *L. graecus*) were found similar to the female parents and two hybrids (*L. albus* cv. WAT × Mut-136), (*L. termis* × XM.5) resembled the male parents. Four interspecific hybrids (*L. termis* × Mut-628), (*L. termis* × KW), (*L. vavilovi* × Mut-45), (*L. vavilovi* × LM-34) were distinguishable by seed size — 1000 seeds weight exceeding 300g — and made a homogenous group determined with the use of the Duncan test.

Key words: *Lupinus*, interspecific hybrids, quantitative characters

WSTĘP

Otrzymywanie mieszańców międzygatunkowych w rodzaju *Lupinus* należy do trudnych zadań (Przyborowski, 2003; Sawicka-Sienkiewicz i Kadłubiec, 2001). W latach 1995–1996 udało się uzyskać nasiona w niektórych kombinacjach krzyżówkowych, *L. albus* (*sensu lato*) × *L. mutabilis* (Sawicka-Sienkiewicz i Brejda, 1999; Brejda, Sawicka-Sienkiewicz, 1997). Rośliny mieszańcowego pochodzenia rozmnażano i oceniano przez szereg kolejnych pokoleń (Augiewicz i in., 2001; Kalińska i in., 2001; Sawicka-Sienkiewicz i Augiewicz, 2004). Otrzymane mieszańce stanowią cenny materiał do badań genetycznych, mogą również być interesujące z hodowlanego punktu widzenia i przyczynić się do zwiększenia zmienności genetycznej łubinu andyjskiego. Południowo-amerykański uprawny gatunek — łubin andyjski (*Lupinus mutabilis* Sweet) uważany jest za najbardziej obiecujący ze względu na zawartość białka i tłuszczu w nasionach (>45% i ~20%) (Sawicka 1993). Z gatunków uprawianych w naszej strefie klimatycznej najwięcej białka zawierają nasiona łubinu żółtego (do 46%), najmniej wąskolistnego (35,6%) i białego (do 33,6%), a zawartość tłuszczu w nasionach waha się od 0,5 do 2%. Podejmowane dotychczas próby aklimatyzacji łubinu andyjskiego w Europie napotykają na trudności związane z długim okresem dojrzewania i niestabilnością plonowania (Sawicka-Sienkiewicz i Augiewicz, 2004).

Celem przeprowadzonych badań była ocena mieszańców międzygatunkowych pokolenia F₆ i F₇ na tle ich form rodzicielskich pod względem wybranych cech ilościowych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło dziewięć mieszańców międzygatunkowych na poziomie pokolenia F₆ i F₇ i dziesięć form rodzicielskich (*L. mutabilis* XM-5, LM-13, LM-34, Mut-45, MUT.136, MUT-628, *L. graecus*, *L. vavilovi*, *L. termis*, *L. albus* 'WAT'). Doświadczenie założono metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach w latach 2001 i 2003, w Rolniczym Zakładzie Doświadczalnym AR we Wrocławiu gleby kompleksu dobrego żyniego (piasek lekki, płytki podścielony gliną) o klasie bonitacyjnej IVa. Przedplonem było żyto. Stosowano siew punktowy w rozstawie 20 × 20 cm, wysiewając po 33 nasiona na poletko. Pomiary wykonano na 10 losowo wybranych roślinach z każdego powtórzenia. Materiały wyszczególniono w tabeli 2. Formy rodzicielskie i mieszańce analizowano pod względem następujących cech: wysokości

roślin i pędu głównego (cm), liczby bocznych rozgałęzień I rzędu, liczby zebranych strąków z pędu głównego i z pędów bocznych (szt.) oraz masy tysiąca nasion (g). Wyniki opracowano statystycznie dla roku 2001 i 2003 roku. Analizę wariancji wykonano dla każdego roku badań osobno, a syntezę dwuletnich wyników przeprowadzono na średnich wartościach poszczególnych cech. W pierwszej kolejności zweryfikowano za pomocą testu F hipotezę o braku interakcji genotypy $\times$ lata, a wobec jej istotności wynik dla lat i genotypów testowano do średniego kwadratu interakcji. Jeżeli nie stwierdzono istotności interakcji pozostałe czynniki testowano do błędu. Średnie arytmetyczne pogrupowano w grupy jednorodne za pomocą testu Duncana. Przeprowadzono także analizę współczynników korelacji między badanymi cechami.

W sezonie wegetacyjnym 2001 stwierdzono znaczne odchylenia pod względem sum opadów w odniesieniu do wielolecia (1968–2002), za to przebieg temperatur był zbliżony do średnich z wielolecia. Duże nasilenie opadów odnotowano w lipcu (180 mm) oraz we wrześniu (96 mm), które przekroczyły o 100% średnie opady z wielolecia. Natomiast sezon wegetacyjny w 2003 roku charakteryzował się wysokimi średnimi temperaturami oraz małą ilością opadów. Średnie temperatury miesięcy zimowych były niższe od średniej z wielolecia 1968–2002, a średnie temperatury miesięcy wiosennych i letnich były wyższe. Średnia suma opadów w sezonie wegetacyjnym była o 114 mm niższa od średniej z lat 1968–2002. Szczególnie niskie opady zanotowano w czerwcu 33,1 mm i były one niższe o 40,3 mm od średniej z wielolecia.

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 przedstawiono wyniki dla sześciu cech u mieszańców międzygatunkowych i ich form rodzicielskich. Stwierdzono, na podstawie przeprowadzonej analizy wariancji istotność interakcji genotypy $\times$ lata dla cech: wysokości pędu głównego i całej rośliny, liczby zebranych strąków z pędu głównego oraz masy tysiąca nasion. Do najbardziej stabilnych cech należała liczba bocznych rozgałęzień, gdyż nie odnotowano istotności interakcji genotypy $\times$ lata oraz wpływu roku badań. Badane genotypy różniły się istotnie pod względem wszystkich analizowanych cech (tab. 1).

Na podstawie ocenianych właściwości — sześć mieszańców (*L. termis* $\times$ *L. mutabilis* Mut-628, *L. termis* $\times$ *L. mutabilis* KW, *L. vavilovi* $\times$ *L. mutabilis* Mut-45, *L. vavilovi* $\times$ *L. mutabilis* LM-34, *L. mutabilis* XM.5 $\times$ *L. vavilovi*, *L. mutabilis* LM-13 $\times$ *L. graecus*) było podobnych do form matecznych a dwa (*L. albus* 'WAT' $\times$ *L. mutabilis* MUT-136, *L. termis* $\times$ *L. mutabilis* XM.5) do form ojcowskich (tab. 2). Analizując wysokość pędu głównego wymienione wyżej mieszańce nie różniły się od form matecznych, gdyż na podstawie testu Duncana zakwalifikowano je do tych samych grup jednorodnych (tab. 2). Natomiast mieszańce (*L. albus* WAT $\times$ *L. mutabilis* MUT-136, *L. termis* $\times$ *L. mutabilis* XM.5), które przypominały formy ojcowskie osiągały wysokość pędu głównego analogiczną jak formy ojcowskie, a istotnie różniły się od formy matecznej. Dwa mieszańce (*L. mutabilis* LM-13 $\times$ *L. graecus*) pokolenia F₆ i F₇ pod względem wysokości całej rośliny, były zdecydowanie niższe od formy matecznej. Mieszaniec (*L. albus* „WAT” $\times$ *L. mutabilis* MUT-136)

charakteryzował się najwyższą liczbą bocznych rozgałęzień pierwszego rzędu (4,6), a u trzech mieszańców (*L. vavilovi* × *L. mutabilis* MUT-45, *L. termis* × *L. mutabilis* MUT-628, *L. termis* × *L. mutabilis* KW) stwierdzono niższą ich liczbę.

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności analizowanych cech
The mean squares of variability for the investigated traits

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Wysokość pędu głównego Main stem height	Wysokość całej rośliny Plant height	Liczba rozgałęzień I rzędu No. of branch stems 1 st order	Liczba zebranych strąków z pędu głównego No. of pods harvested from main stem	Liczba zebranych strąków z pędów bocznych Pods no. harvested from lateral branches	Masa 1000 nasion z pędu głównego 1000 seed weight of main stem
Lata Years	1	2125,52*	377,69*	0,05	0,002	76,36*	2922,87*
Genotypy Genotypes	18	1099,91*	961,48*	0,26*	7,35*	22,85*	16368,00*
Interakcja genotypy × lata Interaction genotypes × years	18	189,77*	263,97*	0,23	4,89*	12,16	932,44*
Błąd Error	36	40,08	57,96	0,13	2,90	8,85	486,71

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

Największą liczbą strąków z rośliny (24–25) charakteryzowały się dwa mieszańce — (*L. vavilovi* × *L. mutabilis* MUT-45) oraz (*L. mutabilis* LM-13 × *L. graecus* F₆ i F₇), przy czym u pierwszego mieszańca 70% strąków zebrano z pędów bocznych, a u drugiego 40–50% zebranych strąków pochodziło z pędu głównego. Mieszańce (*L. mutabilis* LM-13 × *L. graecus*) pokolenia F₆ i F₇, (*L. mutabilis* XM.5 × *L. vavilovi* oraz (*L. termis* × *L. mutabilis* XM.5) były istotnie różne od form matecznych pod względem liczby zebranych strąków z pędów bocznych.

Cztery mieszańce (*L. termis* × *L. mutabilis* Mut-628, *L. termis* × *L. mutabilis* KW, *L. vavilovi* × *L. mutabilis* Mut-45, i *L. vavilovi* × *L. mutabilis* LM-34), które zaliczono do tej samej grupy jednorodnej pod względem masy 1000 nasion, charakteryzowały się większymi nasionami powyżej 300 g (tab. 2).

Sześć analizowanych międzygatunkowych mieszańców wykazywało podobieństwo do form matecznych, a dwa do form ojcowskich, jednak mieszańce te pomimo podobieństwa różniły się istotnie od obu rodzicielskich gatunków. Wcześniejsza ocena mieszańców przeprowadzona w 2000 roku przez Augiewicz i wsp. (2001) wykazała, że takie mieszańce jak: (*L. termis* × *L. mutabilis* MUT-45, *L. termis* × *L. mutabilis* LM-13, *L. vavilovi* × MUT-45, *L. mutabilis* XM.5 × *L. vavilovi*, *L. mutabilis* LM-13 × *L. graecus*) były podobne do form matecznych pod względem: wysokości całej rośliny i pędu głównego, liczby bocznych rozgałęzień oraz masy tysiąca nasion, ale jednocześnie różniły się od nich. Podobne wyniki otrzymano w dalszych pokoleniach badanych w latach 2001 i 2003. Zarówno w doświadczeniu Augiewicz i wsp. (2001) mieszańce (*L. termis* × *L. mutabilis*

XM.5) oraz (*L. albus* Wat × *L. mutabilis* MUT-136) jak i w naszym doświadczeniu, odznaczały się podobieństwem do formy ojcowskiej, analogicznie jak w roku 2001 i 2003.

Tabela 2

Średnie wartości cech badanych genotypów
The mean values of some traits for the investigated genotypes

Genotypy Genotypes	Wysokość pędu głównego Main stem height (cm)	Wysokość całej rośliny Plant height (cm)	Liczba rozgałęzień I rzędu No. of branch stems 1st order	Liczba zebranych strąków z pędu głównego No. of pods harvested from main stem	Liczba zebranych strąków z pędów bocznych Pods no. harvested from lateral branches	Masa 1000 nasion z pędu głównego 1000 seed weight of main stem (g)
<i>L. mutabilis</i> XM.5	73,52 e	96,70 bcd	4,00 abcd	9,40 abc	12,92 abcde	124,78 c
<i>L. mutabilis</i> LM-13	96,70 a	117,72 a	4,13 abcd	9,27 abc	8,60 cdef	127,45 c
<i>L. mutabilis</i> LM-34	83,83 abcde	109,50 ab	4,02 abcd	8,40 abc	10,82 bcdef	144,40 c
<i>L. mutabilis</i> Mut-45	78,05 cde	102,60 abc	3,58 bcd	10,23 abc	6,85 def	115,63 c
<i>L. mutabilis</i> MUT-136	88,15 abcd	105,55 abc	3,77 abcd	9,87 abc	9,12 cdef	141,35 c
<i>L. mutabilis</i> MUT-628	89,15 abc	111,15 ab	3,65 bcd	11,55 ab	9,85 bcdef	125,50 c
<i>L. graecus</i>	50,92 f	65,77 fg	4,30 ab	7,50 cd	12,73 abcde	317,40 a
<i>L. vavilovi</i>	32,07 g	50,37 g	3,57 bcd	6,72 cd	16,12 ab	234,88 b
<i>L. termis</i>	38,95 fg	75,12 ef	3,43 cd	6,55 cd	12,05 abcde	319,03 a
<i>L. albus</i> 'WAT'	43,62 fg	84,25 de	3,68 bcd	8,15 abcd	13,70 abcd	295,77 a
<i>L. mutabilis</i> LM-13 × <i>L. graecus</i> F ₆	94,40 ab	100,25 abcd	3,93 abcd	10,15 abc	14,85 ab	123,90 c
<i>L. mutabilis</i> LM-13 × <i>L. graecus</i> F ₇	93,00 ab	102,40 abc	3,52 bcd	12,10 a	11,83 abcde	126,22 c
<i>L. mutabilis</i> XM.5 × <i>L. vavilovi</i> F ₇	81,50 bcde	88,75 cde	4,05 abcd	8,75 abc	6,80 ef	134,58 c
<i>L. vavilovi</i> × <i>L.</i> <i>mutabilis</i> LM-34 F ₇	35,52 g	49,77 g	3,32 d	7,75 bcd	12,62 abcde	307,87 a
<i>L. termis</i> × <i>L. mutabilis</i> XM-5 F ₇	74,60 de	102,45 abc	4,15 abcd	4,25 d	3,95 f	148,74 c
<i>L. termis</i> × <i>L. mutabilis</i> KW F ₆	40,90 fg	62,25 fg	3,37 cd	6,30 cd	12,50 abcde	330,68 a
<i>L. termis</i> × <i>L. mutabilis</i> MUT-628 F ₇	42,92 fg	78,95 ef	3,28 d	7,28 cd	14,05 abc	330,96 a
<i>L. vavilovi</i> × <i>L.</i> <i>mutabilis</i> MUT-45 F ₇	44,17 fg	64,87 fg	3,48 cd	7,73 bcd	17,62 a	302,66 a
<i>L. albus</i> 'WAT' × <i>L.</i> <i>mutabilis</i> MUT-136 F ₆	85,75 abcde	116,00 a	4,55 a	7,30 cd	11,90 abcde	131,65 c
Średnia ogólna Mean value	66,72	88,65	3,78	8,38	11,52	204,39
V%	35%	25%	10%	23%	29%	44%
NIR	12,79	15,38	0,73	3,44	6,00	44,60
LSD						

a,b,c,d — Grupy jednorodne na podstawie testu Duncana

abcd ... — Homogenous groups based on Duncan's test

Stwierdzono istotną dodatnią zależność między wysokością pędu głównego a wysokością całej rośliny, liczbą rozgałęzień bocznych I rzędu, liczbą strąków z pędu głównego oraz między liczbą zebranych strąków z pędów bocznych a masą 1000 nasion (tab. 3).

Tabela 3

Współczynniki korelacji między analizowanymi cechami form rodzicielskich i mieszańców międzygatunkowych łubinu
The correlation coefficients between the investigated traits of parental forms and interspecific hybrids of lupin

Cechy Traits	Wysokość pędu głównego Main stem height	Wysokość całej rośliny Plant height	Liczba rozgałęzień I rzędu No. of branch stems 1 st order	Liczba zebranych strąków z pędu głównego No. of harvested pods from main stem	Liczba zebranych strąków z pędów bocznych Pods no. harvested from lateral branches
Wysokość całej rośliny Plant height	0,91**				
Liczba rozgałęzień I rzędu No. of branch stems 1 st order	0,55*	0,54*			
Liczba zebranych strąków z pędu głównego No. of harvested pods from main stem	0,62**	0,47*	-0,06		
Liczba zebranych strąków z pędu bocznego Pods no. harvested from lateral branches	-0,53*	-0,56*	-0,36	-0,02	
Masa 1000 nasion z pędu głównego 1000 seed weight of main stem	-0,92**	-0,83**	-0,52*	-0,55*	0,54*

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$ lub ** $\alpha = 0,01$ * Significant at level $\alpha = 0.05$ or ** $\alpha = 0.01$

Natomiast im niższym wzrostem charakteryzowały się rośliny tym wyższa była, masa 1000 nasion, zależność mogła być związana z ograniczoną liczbą rozgałęzień I rzędu u roślin, oraz liczbą zebranych strąków z pędu głównego (tab. 3).

WNIOSKI

1. U mieszańców międzygatunkowych i ich form rodzicielskich stwierdzono istotny wpływ warunków środowiska na analizowane cechy (wysokość pędu głównego, wysokość roślin, liczba strąków z pędu głównego, liczba strąków z pędów bocznych, masa 1000 nasion) z wyjątkiem liczby bocznych rozgałęzień
2. Formy rodzicielskie i osiem mieszańców międzygatunkowych pod względem analizowanych cech były istotnie zróżnicowane. Sześć mieszańców (*L. termis* × *L. mutabilis* Mut-628), (*L. termis* × *L. mutabilis* KW), (*L. vavilovi* × *L. mutabilis* Mut-45), (*L. vavilovi* × *L. mutabilis* LM-34), (*L. mutabilis* XM.5 × *L. vavilovi*), (*L. mutabilis* LM-13 × *L. graecus*) wykazywało podobieństwo do form matecznych, natomiast dwa mieszańce — (*L. albus* WAT × *L. mutabilis* Mut-136), (*L. termis* × *L. mutabilis* XM.5) nie różniło się istotnie od form ojcowskich.

LITERATURA

Augiewicz J., Sawicka-Sienkiewicz E., Kępa E. 2001. Wstępna ocena materiałów pochodzących ze skrzyżowania łubinu andyjskiego (*Lupinus mutabilis* Sweet) z przedstawicielami sekcji *Albus*. Część I. Analiza morfologiczna. Zesz. Naukowe AR we Wrocławiu. Rolnictwo LXXXII, Nr 427: 19 — 30.

- Brejdak E., Sawicka-Sienkiewicz E. 1997. Otrzymywanie mieszańców międzygatunkowych z *L. mutabilis* Sweet. Materiały Konferencyjne Łubin we Współczesnym Rolnictwie „Łubin — Białko — Ekologia” Olsztyn Kortowo: 65 — 72.
- Kalińska H., Augiewicz J., Sawicka-Sienkiewicz E. 2001. Wstępna ocena materiałów pochodzących ze skrzyżowania łubinu andyjskiego (*Lupinus mutabilis* Sweet) z przedstawicielami sekcji Albus. Część II. Analiza cytologiczna. Zeszyty Naukowe AR we Wrocławiu. Rolnictwo LXXXII, Nr 427: 63 — 72.
- Przyborowski J. A. 2003. Pre- i postzygotyczne bariery przy krzyżowaniu wybranych gatunków z rodzaju *Lupinus*. Rozprawy i Monografie, 78. UWM Olsztyn: 1 — 58.
- Sawicka E. J. 1993. Indukowane mutacje u łubinu andyjskiego (*Lupinus mutabilis* Sweet). Prace Ogrodu Botanicznego PAN. Monografie i Rozprawy, Z.3: 1 — 112.
- Sawicka-Sienkiewicz E., Augiewicz J. 2004. Cytogenetics studies of Andean lupin. In.: van Santen and G.D. Hill (eds). Wild and Cultivated Lupins from the Tropics to the Poles. Proc. Int. Lupin Conf., Laugarvatn, Iceland: 79 — 85.
- Sawicka-Sienkiewicz E. J., Brejdak E. 1999. Interspecific hybrids of Andean lupin (*Lupinus mutabilis* Sweet). Proc. VIII Int. Lupin Conf. Asilomar, USA: 357 — 360.
- Sawicka-Sienkiewicz E.J., Kadłubiec W. 2001. Aktualny stan badań nad łubinem andyjskim (*Lupinus mutabilis* Sweet). Zeszyty Naukowe AR we Wrocławiu. Rolnictwo LXXXII, NR 427: 115 — 129.

RENATA GALEK
DARIUSZ ZALEWSKI
JOLANTA AUGIEWICZ
EWA SAWICKA-SIENKIEWICZ
Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Rolnicza we Wrocławiu

Ocena porównawcza cech ilościowych mieszańców wewnątrzgatunkowych *Lupinus mutabilis* Sweet pokolenia F₃ i F₄ oraz ich form rodzicielskich

Comparative evaluation of intraspecific hybrids of *Lupinus mutabilis* in the F₃ and F₄ generations with regard to some quantitative characters

Doświadczenie obejmowało sześciu przedstawicieli *Lupinus mutabilis* (XM.5, LM-13, LM-34, Mut-45, Mut-160, Mut-220), którzy zostali użyty jako formy rodzicielskie siedmiu mieszańców wewnątrzgatunkowych. Mieszańce pokolenia F₃ i F₄ oraz formy rodzicielskie zostały ocenione pod względem następujących cech: wysokości pędu głównego, wysokości całej rośliny, liczby rozgałęzień, długości kwiatostanu, liczby okółków, liczby kwiatów na kwiatostanie pędu głównego, masy tysiąca nasion oraz liczby strąków zarówno z pędu głównego jak i rozgałęzień. Stwierdzono istotne różnicowanie badanych obiektów pod względem następujących cech: liczby bocznych rozgałęzień, liczby okółków, liczby strąków na pędzie głównym i masy tysiąca nasion. Ograniczenie liczby bocznych rozgałęzień obserwowano w mieszańcach, gdzie jedną z form rodzicielskich był epigonalny mutant KW o zdeterminowanym typie wzrostu. Największą liczbę strąków zebrano z mieszańców (XM.5 × KW), (LM-13 × KW) oraz (LM-34 × Mut-45). Największymi nasionami odznaczył się mieszaniec (LM-34 × Mut-45) pokolenia F₃ i F₄ (132,2 g–142,9 g). Wśród pozostałych mieszańców najlepszym pod względem tej cechy był (XM.5 × KW) - 137,7 g. Badane mieszańce odznaczały się znacznym zakresem zmienności ocenianych cech.

Słowa kluczowe: *Lupinus mutabilis*, mieszańce, cechy ilościowe

The experiment involved six representatives of *Lupinus mutabilis* (XM.5, LM-13, LM-34, Mut-45, Mut-160, Mut-220), used as parents, and seven intraspecific hybrids. The hybrids of the progenies F₃ or F₄ and the parents were evaluated with respect to the following traits: height of the main stem, height of whole plant, number of branches, length of inflorescence, number of whorls, number of flowers on the main stem, weight of 1000 seeds, and number of pods both on the main stem and branches. The analysis of variance showed significant differentiation in the characters: number of branches, length of inflorescence, number of whorls, number of pods on the main stem and 1000 seeds weight. Reduction

in branches was observed in the hybrids whose one parent was the mutant KW with the “epigonal” determined type of growth. The highest number of pods were harvested from the hybrids (XM.5 × KW), (LM-13 × KW) and (LM-34 × Mut-45). The biggest seeds were found in the hybrid (LM-34 × Mut-45) in the progeny F₃ and F₄ (132.2g, 142.9g). Among the remaining hybrids, the best in this character was (XM.5 × KW) - 134.7g. The hybrids under study are characterized by a high range of variability in most of the evaluated characters.

Key words: *Lupinus mutabilis*, hybrids, quantitative characters

WSTĘP

Łubin andyjski (*Lupinus mutabilis* Sweet) jest jedynym uprawnym gatunkiem z rodzaju *Lupinus* pochodzącym z Ameryki Południowej. Gatunek ten odznacza się wysoką zawartością białka (do 50%) i tłuszczu (do 20%) w nasionach. W Ameryce Południowej warunki klimatyczne w okresie wegetacji pozwalają na równomierne dojrzewanie roślin spowodowane wystąpieniem w okresie wegetacji suszy i raptownym przerwaniem kwitnienia (Cowling i in., 1998). *L. mutabilis* kwitnie zarówno przy krótkim dniu, jak i w warunkach długiego dnia charakterystycznego dla klimatu umiarkowanego. Główne wady łubinu andyjskiego z punktu widzenia uprawy w warunkach Polski- to długie i nierównomierne dojrzewanie, opadanie kwiatów oraz wysoka zawartość alkaloidów w nasionach (Święcicki i Nawrot, 2004). Próby aklimatyzacji łubinu andyjskiego do warunków klimatu umiarkowanego napotykały na trudności spowodowane brakiem genotypów wcześniej dojrzewających. Przez wiele lat prowadzono selekcję wśród materiałów pochodzących z różnych kolekcji oraz indukowano mutacje. Najciekawsze genotypy zostały wybrane z obu tych grup pod względem wczesności (Sawicka, 1993; Sawicka-Sienkiewicz i Kadłubiec, 2001; Sawicka-Sienkiewicz i Augiewicz, 2004). Jako formy rodzicielskie wytypowano trzy populacje pochodzące z różnych kolekcji oraz trzy własne mutanty. Wybrane formy odznaczały się krótszym okresem wegetacji i dobrym zawiązywaniem strąków. Wszystkie posiadały tradycyjny typ wzrostu, z tendencją do tworzenia nadmiernej masy wegetatywnej. W celu zmiany proporcji części wegetatywnej do generatywnej rozpoczęto cykl prac nad otrzymywaniem mieszańców wewnątrzgatunkowych. Wybrane genotypy zostały skrzyżowane między sobą oraz z mutantem KW — epigonalnym, który odznacza się zdeterminowanym typem wzrostu (Römer, 1994). Celem przedstawionej pracy była ocena siedmiu mieszańców wewnątrzgatunkowych pokolenia F₃ i F₄ w 2001 i 2003 roku pod względem wybranych cech ilościowych.

MATERIAŁ I METODY

Nieliczne nasiona mieszańców otrzymano w latach 1997 i 1998. Przez kolejne lata rozmnażania przy zachowaniu izolacji uzyskano materiał siewny. Doświadczenia z sześcioma populacjami wyjściowymi łubinu andyjskiego (XM.5, LM-13, LM-34, MUT-45, MUT-160, MUT-220) i siedmioma mieszańcami (XM.5 × KW F₃, XM.5 × KW F₄, LM-13 × KW F₃, MUT-160 × KW F₄, MUT-220 × KW F₄, LM-34 × MUT-45 F₃, LM-34 × MUT-45 F₄) przeprowadzono w roku 2001. Doświadczenie polowe założono metodą

losowanych bloków w trzech powtórzeniach, wysiewając po 30 nasion. Wykonano pomiary wysokości rośliny i pędu głównego oraz długości kwiatostanu, a także określono liczbę kwiatów i okółków na pędzie głównym, liczbę zebranych strąków z pędu głównego i pędów bocznych dla wszystkich roślin z poletka. Wyznaczono również dla pędu głównego indeks płodności IP(%):

$$IP(\%) = \frac{Ls}{Lk} \times 100$$

IP(%) — indeks płodności

Ls — liczba zebranych strąków z pędu głównego

Lk — liczba kwiatów.

Ponadto obliczono masę tysiąca nasion. Przeprowadzono analizę wariancji dla zweryfikowania hipotezy o braku zróżnicowania między badanymi genotypami pod względem analizowanych cech przy wykorzystaniu pakietu Statistica (wersja 7.0). W przypadku wystąpienia istotnego zróżnicowania genotypów, dla porównania średnich, przeprowadzono test Haufe-Geidel (1984), wydzielając grupy rozłączne niezachodzące na siebie. Obliczono również współczynniki zmienności i podano wartości minimalne i maksymalne badanych cech.

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie przeprowadzonej analizy wariancji stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych mieszańców *L. mutabilis* i ich form rodzicielskich pod względem liczby rozgałęzień pierwszego rzędu, długości kwiatostanu, liczby okółków i zebranych strąków z pędu głównego oraz masy tysiąca nasion (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy zmienności analizowanych cech dla mieszańców *L. mutabilis* i ich form rodzicielskich
The mean squares of variability of analyzed traits for investigated *L. mutabilis* hybrids and their parental forms

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Wysokość pędu głównego Height of the main stem	Wysokość całej rośliny Plant height	Liczba rozgałęzień bocznych 1-go rzędu No. of 1st order branches	Długość kwiatostanu pędu głównego Length of the inflorescence on the main stem	Liczba kwiatów na pędzie głównym No. of flowers on the main stem	Liczba okółków na pędzie głównym No. of whorls on the main stem	Liczba strąków z pędu głównego No. of pods per main stem	Liczba strąków z pędów bocznych No. of pods from branches	Masa 1000 nasion Weight of 1000 seeds
Genotypy Genotypes	12	76,6	152,3	1,8**	33,6**	26,2	2,8**	13,7**	58,3	703,3**
Błąd Error	24	62,5	145,2	0,4	6,4	22,9	0,82	3,8	28,5	210,9

** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$

**Significant at the level $\alpha = 0.01$

Tabela 2

Średnie wartości analizowanych cech morfologicznych dla badanych mieszańców i form rodzicielskich *L. mutabilis*

The mean values of analyzed characters for investigated hybrids and parental forms *L. mutabilis*

Formy rodzicielskie i mieszańce Parental forms and hybrids	Wysokość pędu głównego Height of the main stem (cm)				Wysokość całej rośliny Plant height(cm)				Liczba rozgałęzień bocznych 1-go rzędu No. of 1st order branches			
	średnia mean	V%	zakres zmienności variation range		średnia mean	V%	zakres zmienności variation range		średnia mean	V%	zakres zmienności variation range	
			min	max			min	max			min	max
XM.5	79,2	9	69	100	105,3	14	74	135	4,7 a	23	3	7
LM-13	89,3	21	70	110	118,8	12	90	150	4,5 a	24	3	7
LM-34	82,3	9	68	97	105,7	13	72	130	4,1 b	34	2	7
MUT-45	84,0	11	71	100	106,9	18	72	146	5,3 a	30	1	9
MUT-160	93,9	11	77	110	122,3	9	90	141	4,4 a	49	2	12
MUT-220	94,5	15	67	124	113,3	18	71	142	4,7 a	38	2	9
XM.5 × KW F ₃	80,9	13	53	106	99,6	14	65	146	3,6 b	36	1	6
XM.5 × KW F ₄	81,8	22	42	110	120,8	11	50	119	3,7 b	42	1	8
LM-13 × KW F ₃	75,5	13	55	97	106,3	22	65	140	3,9 b	39	2	7
MUT-160 × KW F ₄	79,5	14	60	110	108,2	18	65	135	3,0 c	51	0	7
MUT-220 × KW F ₄	76,5	18	40	102	100,6	21	60	140	2,4 c	47	1	5
LM-34 × MUT-45 F ₃	88,2	12	60	112	106,5	13	80	150	4,6 a	40	1	9
LM-34 × MUT-45 F ₄	79,5	13	60	110	109,8	13	70	135	4,1 b	30	2	7
Średnia form rodzicielskich Mean value for parental forms	87,2				112,1				4,6			
Średnia mieszańców Mean value for hybrids	80,3				107,4				3,6			

a,b,c — Grupy jednorodne na podstawie testu Haufe-Geidela

a,b,c — Homogenous groups based on Haufe-Gaidel test

V% — CV

U wszystkich badanych mieszańców pędy boczne zdecydowanie przewyższały wysokość pędu głównego — średnio o 24% (tab. 2). Współczynniki zmienności dla wysokości pędu głównego i całej rośliny mieściły się w zakresie od 9 do 22%. Generalnie *L. mutabilis* charakteryzuje się okazałymi, wysokimi roślinami w porównaniu do pozostałych uprawnych gatunków łubinu (Galek i Sawicka, 2004) i tworzy liczne rozgałęzienia pierwszego a nawet trzeciego rzędu, co utrudnia jednoetapowy zbiór. Niemniej jednak dzięki temu wytwarza znaczny plon zielonej masy, co może mieć znaczenie w użytkowaniu form niskoalkaloidowych na zielonkę. Formy rodzicielskie wytwarzały średnio o jedno rozgałęzienie więcej od badanych mieszańców. Na podstawie testu Haufe-Geidel wydzielono dwie grupy jednorodne, gdzie większość form rodzicielskich zaliczono do grupy „a” tworzących od 4,4 do 5,3 rozgałęzień. Najmniej rozgałęziają się formą rodzicielską była populacja LM-34, zakwalifikowana jako jedyna do grupy „b”. U mieszańców zaobserwowano zmniejszenie liczby rozgałęzień, nawet do 2,4 i 3,0 (MUT-220 × KW F₄) i (MUT-160 × KW F₄). Biorąc pod uwagę współczynniki zmienności (30–51%) oraz amplitudę wahań (0–9) widać wyraźnie, że u mieszańców

istnieje możliwość ostrzejszej selekcji w kierunku pojedynków o ograniczonej liczbie bocznych rozgałęzień (1–2). Równolegle powinno się wybierać „epigonalne” segreganty. Cecha nie wytwarzania rozgałęzień jest warunkowana genem recesywnym (Römer i in., 1999). Mieszaniec (LM-34 × MUT-45 F₃) jako jedyny ze wszystkich analizowanych mieszańców wytwarzał podobnie jak formy rodzicielskie znaczną liczbę rozgałęzień (4,6) i został zaliczony na podstawie testu Haufe-Geidel do grupy „a”. Pod względem długości kwiatostanu pędu głównego mieszańce przewyższyły formy rodzicielskie (tab. 3).

Tabela 3

Średnie wartości analizowanych cech morfologicznych kwiatostanu pędu głównego dla mieszańców i form rodzicielskich *L. mutabilis*

The mean values of analyzed morphological traits of main stem inflorescence for investigated hybrids and parental forms

Formy rodzicielskie i mieszańce Parental forms and hybrids	Długość kwiatostanu pędu głównego Length of the inflorescence of main stem (cm)				Liczba kwiatków na pędzie głównym No. of flowers per main stem				Liczba okółków na pędzie głównym No. of whorls per main stem			
	średnia mean	V%	zakres zmienności variation range		średnia mean	V%	zakres zmienności variation range		średnia mean	V%	zakres zmienności variation range	
			min	max			min	max			min	max
XM.5	28,8 b	13	21	40	51,8	14	36	63	11,6 a	14	9	15
LM-13	27,6 b	16	18	38	46,5	20	34	73	9,8 c	19	7	14
LM-34	26,4 c	23	15	41	48,4	17	40	82	9,8 c	14	7	14
MUT-45	26,6 c	23	12	39	53,5	14	38	67	10,7 b	17	7	14
MUT-160	33,9 a	18	20	42	47,9	23	25	77	10,5 b	25	7	20
MUT-220	33,4 a	17	21	45	51,1	14	33	67	10,2 b	17	7	14
XM.5 × KW F ₃	29,7 b	27	20	42	48,1	20	22	65	9,8 c	21	5	14
XM.5 × KW F ₄	36,0 a	13	28	38	48,8	25	21	72	11,9 a	19	8	20
LM-13 × KW F ₃	28,5 b	25	20	40	48,6	18	18	68	9,4 c	16	4	12
MUT-160 × KW F ₄	29,8 b	29	14	59	42,6	27	18	70	8,3 d	26	5	15
MUT-220 × KW F ₄	35,3 a	23	8	49	48,9	19	15	75	10,5 b	19	3	15
LM-34 × MUT-45 F ₃	32,9 a	19	19	48	51,2	20	28	71	10,4 b	20	7	16
LM-34 × MUT-45 F ₄	29,5 b	22	15	46	44,4	18	29	60	9,0 d	17	7	13
Średnia form rodzicielskich Mean value for parental forms	29,5				49,9				10,4			
Średnia mieszańców Mean value for hybrids	31,7				47,5				9,9			

a, b, c — Grupy jednorodne na podstawie testu Haufe-Geidela

a, b, c — Homogenous groups based on Haufe-Geidel test

V% — CV

Najdłuższymi kwiatostanami (33–36 cm) odznaczyły się populacje wyjściowe MUT-160 i MUT-220 oraz mieszańce: (XM.5 × KW F₄), (MUT-220 × KW F₄) i (LM-34 × MUT-45 F₃), zaliczone do grupy „a”. Najkrótszymi kwiatostanami (26 cm) charakteryzowały się populacje LM-34 i MUT-45. Pozostałe średnie wartości dla badanych genotypów

zakwalifikowano na podstawie testu do grupy „b” o długości kwiatostanów od 27,6 do 29,8 cm.

Liczba kwiatów na pędzie głównym dla form rodzicielskich i mieszańców wynosiła 48,7, a współczynnik zmienności wahał się od 14 do 28%. Najwyższą liczbą okółków — (11,6 i 11,9) na pędzie głównym charakteryzowała się populacja XM.5 oraz mieszańiec (XM.5 × KW F₄), zaliczone do grupy „a”. Najmniej okółków (8–9) zaobserwowano u mieszańców: (MUT-160 × KW F₄) i (LM-34 × MUT-45 F₄). Współczynnik zmienności dla tej cechy wahał się od 14 do 26%.

Biorąc pod uwagę liczbę zebranych strąków z pędu głównego i liczbę wytworzonych kwiatów indeks płodności u ocenianych mieszańców wyniósł 23% i był średnio wyższy o 5% w porównaniu do form rodzicielskich (tab. 4).

Tabela 4

Średnie wartości analizowanych elementów struktury plonu dla mieszańców i form rodzicielskich

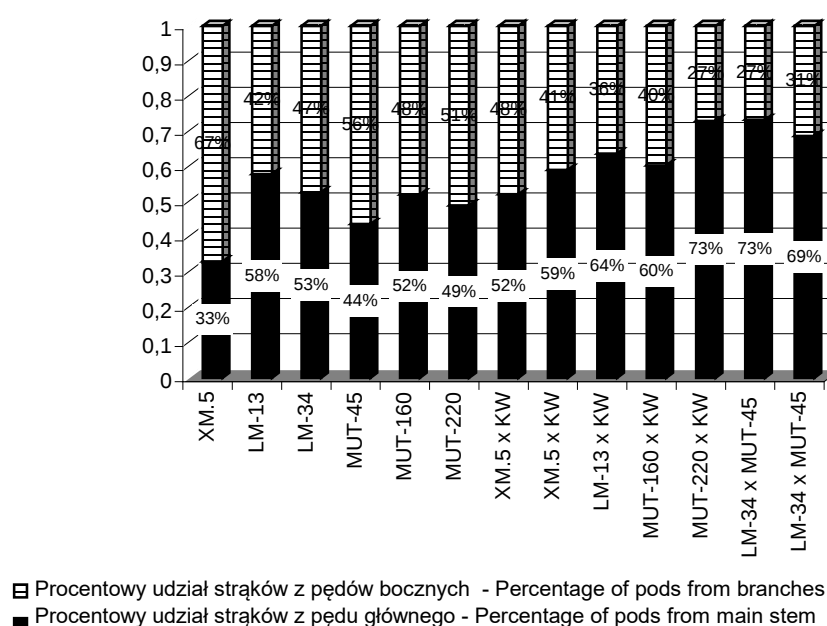
*L. mutabilis*The mean values of analyzed elements of yielding for hybrids and parental forms *L. mutabilis*

Formy rodzicielskie i mieszańce Parental forms and hybrids	Liczba strąków z pędu głównego No. of pods per main stem					Liczba strąków na pędach bocznych No. of pods on branches				Masa 1000 nasion Weight of 1000 seeds (g)				Indeks płodności (%) Fertility index	
	średnia mean	V%	zakres zmienności variation range		średnia mean	V%	zakres zmienności variation range		średnia mean	V%	zakres zmienności variation range				
			min	max			min	max			min	max			
XM.5	9,0	b	52	2	22	18,2	67	1	48	90,9	c	31	60	205	17%
LM-13	5,5	c	61	1	13	4,0	173	0	19	145,8	a	28	72	233	12%
LM-34	6,7	c	53	1	11	6,0	116	0	22	132,4	a	27	44	197	14%
MUT-45	11,4	a	50	2	23	14,7	114	0	66	110,4	c	17	75	141	21%
MUT-160	11,2	a	47	3	27	10,3	87	0	29	130,2	a	19	72	196	23%
MUT-220	10,1	b	53	4	29	10,5	113	0	44	137,2	a	17	88	180	20%
XM.5 × KW F ₃	12,2	a	33	4	20	11,2	79	1	43	124,8	b	15	94	169	25%
XM.5 × KW F ₄	9,4	b	51	2	25	6,5	108	0	25	134,7	a	16	50	166	19%
LM-13 × KW F ₃	11,6	a	42	2	22	6,6	129	0	43	110,0	c	21	51	155	24%
MUT-160 × KW F ₄	10,2	b	42	2	21	6,7	94	0	25	131,7	a	13	93	172	24%
MUT-220 × KW F ₄	10,3	b	45	2	22	3,8	149	0	28	129,6	a	30	42	205	21%
LM-34 × MUT-45 F ₃	13,2	a	44	0	24	4,8	131	0	24	132,2	a	17	84	173	26%
LM-34 × MUT-45 F ₄	10,1	b	53	1	21	4,6	125	0	25	142,9	a	11	100	183	23%
Średnia form rodzicielskich Mean value for parental forms	9,0					10,6				124,5					18%
Średnia mieszańców Mean value for hybrids	11,0					6,3				129,4					23%

a, b, c ... Grupy jednorodne na podstawie testu Haufe-Geidela, Homogenous groups based on Haufe-Geidel test
V% — CV

Większość mieszańców charakteryzowała się indeksem płodności 23–26%, zaś najniższe indeksy płodności można zauważyć u (XM.5 × KW F₄) (17%) oraz (MUT-220 × KW F₄) (21%). Populacje rodzicielskie LM-13, LM-34 i XM.5 miały wyjątkowo niskie

wartości indeksu płodności (12, 14 i 17%). Łubin andyjski w porównaniu do innych gatunków odznacza się bardzo niskim indeksem płodności, gdyż obserwuje się znaczny odsetek zrzuconych kwiatów i zawiązków strąków. Takie gatunki jak: *L. atlanticus*, *L. cosentinii* i *L. angustifolius* wyróżniają się wysokim indeksem płodności na poziomie 60–70%. Natomiast *L. albus* i *L. palaestinus* (38–43%) oraz *L. pilosus* 23–28% charakteryzują się niskimi wartościami tej cechy (Galek i Sawicka, 2004; Galek i in., 2004).



Rys. 1. Udział strąków z pędu głównego i bocznych w ogólnej liczbie strąków z jednej rośliny
Fig. 1. Participation of the main stem and branches pods in total no. of pods per one plant

Analizując liczbę zebranych strąków z pędu głównego mieszańce odznaczają się korzystniejszą ich liczbą (tab. 4). Najwięcej strąków (11–13) zebrano z mieszańców (LM-34 × MUT-45 F₃), (LM-13 × KW F₃) oraz z MUT-45 i MUT-160, a najmniej z LM-13 i LM-34 (5,5 i 6,7). Współczynnik zmienności dla tej cechy mieścił się w granicach 33–61%. Największą zmienność zaobserwowano analizując liczbę zebranych strąków z pędów bocznych (67 do 173%), o czym świadczą również zakresy zmienności (0–66 sztuk). U mieszańców w związku z ograniczoną liczbą rozgałęzień bocznych w porównaniu do form rodzicielskich zaobserwowano tendencję mniejszej liczby zebranych strąków z pędów bocznych. Wysokie wartości współczynników zmienności dla liczby zebranych strąków z pędu głównego, a szczególnie z pędów bocznych świadczą o małej stabilności plonotwórczej badanych pojedynków, jednocześnie jednak wskazują możliwość wyboru najlepszych z nich do dalszych badań. Biorąc pod uwagę liczbę zebranych strąków z całej rośliny, to najwięcej uzyskano z populacji XM.5 oraz MUT-45 (27–26), a także mieszańca

(XM.5 $\times$ KW F₃) -23. U form rodzicielskich 48% zebranych strąków stanowiły strąki z pędu głównego, a u mieszańców średnio 64% (rys. 1). U populacji XM.5 aż 67% zebranych strąków z całej rośliny pochodziło z pędów bocznych, natomiast u mieszańców (XM.5 $\times$ KW F₃ i F₄) proporcja ta przesunęła się na korzyść liczby strąków z pędu głównego.

Na podstawie przeprowadzonego testu Haufe-Geidela średnie wartości masy tysiąca nasion dla badanych obiektów zakwalifikowano do trzech grup. Większość populacji wyjściowych i mieszańców zaliczono do grupy „a” o masie tysiąca nasion od 129,6 (MUT-220 $\times$ KW F₄) do 145 g (LM-13) (tab. 4). Najniższymi wartościami tej cechy (91-110 g) charakteryzowały się dwie populacje wyjściowe (XM.5 i MUT-45) oraz jeden mieszaniec (LM-13 $\times$ KW). Z własnych niepublikowanych danych wiadomo, że średnia masa 1000 nasion KW wynosi około 110 g. Mieszaniec (XM.5 $\times$ KW F₃) odznaczył się pośrednią wartością tej cechy (124,8) i jako jedyny został zakwalifikowany do grupy „b”. Współczynniki zmienności dla masy 1000 nasion wahały się od 11 do 31%. Znaczna rozpiętość wyników daje możliwość selekcji pojedynków w zależności od wyznaczonych kryteriów pod względem tej cechy.

WNIOSKI

1. Na podstawie przeprowadzonej analizy wariancji stwierdzono istotne zróżnicowanie badanych mieszańców *L. mutabilis* i ich form rodzicielskich pod względem liczby rozgałęzień pierwszego rzędu, długości kwiatostanu, liczby okółków, zebranych strąków z pędu głównego oraz masy tysiąca nasion.
2. Uzyskano istotne ograniczenie liczby rozgałęzień bocznych u większości analizowanych mieszańców, a w szczególności u (MUT-160 $\times$ KW F₄) oraz (MUT 220 $\times$ KW F₄), które zaliczono do jednej grupy jednorodnej na podstawie testu Haufe-Geidela. Stwierdzono, że pod względem tej cechy można będzie przeprowadzić jeszcze bardziej ukierunkowaną selekcję dążąc do form o ograniczonej liczbie pędów lub segregantów epigonalnych.
3. Mieszańce odznaczyły się lepszym indeksem płodności w porównaniu do form rodzicielskich. Aż 52–73% ogólnego plonu strąków z rośliny (MUT-160 $\times$ KW F₄) i (MUT 220 $\times$ KW F₄) pochodziło z pędu głównego a nie z pędów bocznych jak u populacji wyjściowych, co ma istotne znaczenie przy równomierności dojrzewania i możliwości przeprowadzenia jednoetapowego zbioru.
4. Większość mieszańców charakteryzowała się wysoką masą tysiąca nasion, jednakże z powodu dużej jej zmienności istnieje konieczność przeprowadzenia dalszej selekcji w celu wyrównania wartości tej cechy.

LITERATURA

- Cowling W. A., Buirchel B., J., Tapia M. E. 1998. Lupin *Lupinus* L. IPGRI: 105.
- Galek R., Sawicka-Sienkiewicz E. J. 2004. Analiza zmienności gatunków z rodzaju *Lupinus* pod względem plonowania. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 497: 259 — 267.
- Galek R., Sawicka-Sienkiewicz E., Stawiński St., Kalińska H., Maniukiewicz P. 2004. Wstępna ocena płodności wybranych odmian i rodów *Lupinus angustifolius*. Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu,

- Monografie i Rozprawy nr 11. P. Krajewski., Z. Zwierzykowski., P. Kachlicki (red.), Genetyka w ulepszaniu roślin użytkowych: 395 — 402.
- Haufe W., Geidel H. 1984. Vorschlag eines Schätzverfahrens zur Klassifizierung von Versuchsergebnissen, w: Arbeitstagung 1984 der „Arbeitsgemeinschaft der Saatzuchtleiter“ innerhalb der Vereinigung Österreichischer Pflanzenzüchter, gehalten vom 29 bis 29 November an der Bundesanstalt für alpenländische Landwirtschaft Gumpenstein. A-8952: 257 — 290.
- Römer P. 1994. A determined mutant of *Lupinus mutabilis* as a possible source of early maturity. In: Advances in Lupin Research. J. M. Neves-Martins and M. L. Beirao de Costa (eds): 90 — 92.
- Römer P., Caligari P.D.S., Rahim M.A., Huyghe C., Hardy A., Neves-Martins J., Sawicka-Sienkiewicz E. 1999. Breeding perspectives of *Lupinus mutabilis* in the Middle Europe. In: Towards the 21st Century. Proc. 8th Int. Lupin Conf., G. D. Hill (ed.). Asilomar, California: 353 — 356.
- Sawicka E. J. 1993. Indukowane mutacje u łubinu andyjskiego (*L. mutabilis* Sweet). Prace Ogrodu Botanicznego PAN 3, Ser. Monografie i Rozprawy: 112.
- Sawicka-Sienkiewicz E. J., Kadłubiec W. 2001. Aktualny stan badań nad łubinem andyjskim (*Lupinus mutabilis* Sweet). Zesz. Nauk. AR we Wrocławiu. Rolnictwo LXXXII, Nr 427: 115 — 129.
- Sawicka-Sienkiewicz E., Augiewicz J. 2004. Cytogenetics studies of Andean lupin. In: Wild and Cultivated Lupins from the Tropics to the Poles. Proc. Int. Lupin Conf. Van Santen and G. D. Hill (eds), Laugarvatn, Iceland, 19–24 June 2002: 79 — 85.
- Świącicki W. K., Nawrot Cz. 2004. Zasoby genowe rodzaju *Lupinus*. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 497: 605 — 612.

PAWEŁ KRAJEWSKI ¹
JAN BOCIANOWSKI ²
MAGDALENA GAWŁOWSKA ¹
ZYGMUNT KACZMAREK ¹
TOMASZ PNIEWSKI ¹
WOJCIECH ŚWIĘCICKI ¹
BOGDAN WOLKO ¹

¹ Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk w Poznaniu

² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych Akademii Rolniczej im. Augusta Cieszkowskiego w Poznaniu

Identyfikacja i charakterystyka ekspresji genów determinujących cechy związane z plonowaniem w kombinacjach krzyżówkowych grochu*

Identification and characterization of expression of genes determining traits connected with yield in cross combinations of pea

W pracy przedstawione są wstępne wyniki badań prowadzonych na podstawie linii uzyskanych z kombinacji krzyżówkowych Wt11238 × Wt3557 i Wt10245 × Wt11238 grochu *Pisum sativum* L., zmierzających do opisu działania loci determinujących cechy związane z plonowaniem. Podane są rezultaty doświadczenia jednorocznego prowadzonego w dwu środowiskach. Opisana jest zastosowana metoda statystyczna mapowania loci cech ilościowych, która uwzględnia sposób otrzymania linii i pozwala na ocenę efektów addytywnego działania genów oraz dominacji.

Słowa kluczowe: addytywne działanie genów, dominacja, groch, loci cech ilościowych

The paper contains preliminary results of the research carried out on the basis of lines obtained from cross combinations Wt11238 × Wt3557 and Wt10245 × Wt11238 of pea, *Pisum sativum* L., with the aim to describe the actions of loci that determine traits affecting pea yield. The results of a one-year experiment conducted at two locations are presented. The mapping method is described, which takes into account the way in which the lines have been derived, and makes possible to estimate the effects of the additive gene action as well as of the dominance.

Key words: additive gene action, dominance, quantitative trait loci, pea

* Badania finansowane przez Ministerstwo Nauki i Informatyzacji, projekt badawczy 3 P06A 043 24

WSTĘP

Identyfikacja genów odpowiedzialnych za cechy ilościowe (QTL) jest metodą genetyczno-statystyczną polegającą na znalezieniu związku pomiędzy obserwacjami fenotypu roślin a obserwacjami genotypu dokonanymi z wykorzystaniem markerów morfologicznych, izoenzymatycznych lub molekularnych. Metoda ta jest stosowana od około 15 lat, jakkolwiek potencjalne możliwości „mapowania” cech ilościowych zostały zauważone już w latach sześćdziesiątych. Podstawowym problemem, na jaki napotykają hodowcy pragnący wykorzystać wyniki eksperymentalne w praktyce, jest brak powtarzalności wyników, zarówno w doświadczeniach prowadzonych w różnych środowiskach lub latach, jak i wśród różnych populacji stosowanych w badaniach. Tym niemniej do rutynowej praktyki hodowlanej weszło już testowanie materiałów za pomocą markerów związanych np. z odpornością na choroby, która jest szczególnym przypadkiem „prostej” cechy ilościowej. Wyniki wykorzystania markerów do selekcji w odniesieniu do typowych cech ilościowych w jęczmieniu przedstawili już m.in. Ullrich i wsp. (2004) oraz Barr i wsp. (2004).

Jedną z przyczyn trudności z wykorzystaniem znalezionych loci cech ilościowych może być stosowanie w badaniach uproszczonego modelu genetycznego, zakładającego jedynie addytywne i dominujące działanie genów, a także uproszczonego modelu statystycznego nieoddającego należycie faktycznej sytuacji doświadczalnej. Celem podjętego przez autorów tej pracy projektu jest zbadanie możliwości pokonania pierwszego z tych problemów przy wykorzystaniu propozycji podanych przez Charcosseta i wsp. (1994) oraz Janninka i Jansena (2001) rozważających schemat krzyżowania, w którym wykonuje się trzy krzyżowania $A \times B$, $A \times C$ i $B \times C$ pomiędzy trzema homozygotycznymi liniami rodzicielskimi A, B i C. Podejście to umożliwia ocenę działania genów na „tle” różnych genomów. W niniejszej pracy zajmujemy się jednak problemem drugim: przedstawiamy wyniki zastosowania modelu statystycznego, który lepiej niż istniejące w literaturze opisuje dane uzyskane w przeprowadzonych doświadczeniach.

W opisywanych badaniach używamy dwie populacje linii uzyskane z dwu kombinacji krzyżówkowych grochu, wykorzystane uprzednio przez Irzykowską i wsp. (2002), Wolko i wsp. (2002), Irzykowską i Wolko (2004) oraz Gawłowską (2004). Ze względu na sposób prowadzenia linii, należy dopuścić możliwość istnienia w pewnych liniach tych populacji roślin heterozygotycznych, przy czym ich częstość może być większa niż typowe pozostałości heterozygotyczności obserwowane w pokoleniach linii wsobnych. W pracy zaprezentowano ideę metody mapowania wynikającej z wyprowadzenia modelu probabilistycznego linii oraz zastosowanie tej metody do wyników doświadczenia jednorocznego prowadzonego w dwu środowiskach.

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny

Materiał do badań stanowiły linie pokolenia F_6 grochu uzyskane z roślin F_2 dwu kombinacji krzyżówkowych: Wt11238 $\times$ Wt3557 (Q1, 110 linii) i Wt10245 $\times$ Wt11238 (Q2, 101). Linie rodzicielskie Wt3557 i Wt10245 są formami uprawnymi; linia Wt11238 jest formą testową posiadającą charakterystyczne geny markerowe. Linie potomne zostały uzyskane poprzez pobieranie prób nasion i wysiewanie kolejnych pokoleń w kolejnym roku. Linie i formy rodzicielskie badano w roku 2003 w doświadczeniu założonym w układzie bloków kompletnych, w trzech powtórzeniach, 5 roślin na poletko, w dwu środowiskach: Poznań, Wiatrowo. W doświadczeniach obserwowano następujące cechy: liczbę strąków na roślinie (LSR), plon nasion (g) (PLN), liczbę strąków na osadce (LSO), liczbę nasion w strąku (LNS), masę 1000 nasion (g) (MTN). Obserwacji markerowych dokonano w pokoleniu F_2 , przy czym w liniach populacji Q1 obserwowano polimorfizm 86 segregujących markerów, w liniach Q2 — 182 markerów. Wśród wykorzystanych markerów były markery morfologiczne, izoenzymatyczne oraz markery DNA generowane za pomocą PCR (AFLP, RAPD, STS). Mapy sprzężeń markerów dla obu populacji wykonano za pomocą programu JoinMap 3.0.

Mapowanie loci cech ilościowych

Ze względu na sposób uzyskania linii grochu należy założyć, iż w badanym pokoleniu wśród roślin należących do linii pochodzących od heterozygotycznych osobników pokolenia F_2 mogą występować heterozygoty. Znane modele statystyczne stosowane do mapowania genów na podstawie linii homozygotycznych nie opisują dobrze takiej sytuacji eksperymentalnej. Aby określić lokalizację QTL, posłużono się metodą regresji wielokrotnej (Haley i Knott, 1992; Sari-Gorla i in., 1997; Caliński i in., 2000). Założono, że szukane loci są w pełni sprzężone z dostępnymi markerami, co implikuje zastosowanie regresji cechy ilościowej względem obserwacji markerowych bez wykorzystania mapowania przedziałowego. Znalaziono dokładny model probabilistyczny opisujący proporcje roślin homo- i heterozygotycznych w poszczególnych liniach, w zależności od genotypu wyjściowych roślin F_2 i w zależności od badanego pokolenia (Krajewski i in., 2004). Model uwzględnia dwa typy markerów: kodominacyjne i dominacyjne. Wyliczone proporcje pozwalają modelować wartość oczekiwaną średniej arytmetycznej cechy ilościowej dla linii jako funkcję liniową obserwacji markerowych, przy czym współczynniki tej funkcji (współczynniki regresji) odpowiadają efektom działania addytywnego i efektom dominacji poszczególnych QTL (ze względu na pewne zależności liniowe występujące w modelu regresyjnym, efekty dominacji oceniać można tylko dla loci sprzężonych z markerami kodominacyjnymi). Estymację efektów wykonano metodą najmniejszych kwadratów, stosując selekcję krokową w przód dla znalezienia efektów istotnych statystycznie. Przed wykonaniem obliczeń dokonano oszacowania brakujących obserwacji markerowych metodą analogiczną do opisanej i stosowanej uprzednio dla linii homozygotycznych (Martinez i Curnow, 1994; Sari Gorla i in., 1997). Idea tej metody polega na tym, że do szacowania brakujących obserwacji markerowych wykorzystuje się dostępne obserwacje markerów flankujących, przy założeniu braku podwójnego crossing-

over, oraz odpowiednio wyliczone prawdopodobieństwa warunkowe. Opracowaną metodę mapowania loci cech ilościowych zastosowano niezależnie do danych uzyskanych dla każdej z dwu populacji linii i dla każdego z dwu środowisk.

Obliczenia statystyczne wykonano programem Genstat (wersja 8).

WYNIKI

Tabela 1 przedstawia wartości średnie dla linii pochodzących z kombinacji krzyżówkowych Q1 i Q2, badanych w dwu środowiskach. Należy zauważyć, że obserwowane plony są niskie, przy czym zanotowano duże różnice w poziomie ekspresji cech w obu środowiskach, z wyjątkiem masy tysiąca nasion.

Tabela 1

Wartości średnie dla cech determinujących plon linii grochu pochodzących z kombinacji krzyżówkowych Q1 i Q2 w poszczególnych miejscowościach (w nawiasach podano odchylenie standardowe)

The means for the traits determining yield in pea lines obtained from cross combinations Q1 and Q2, observed at two locations (standard deviations given in brackets)

Cecha Trait	Q1		Q2	
	Poznań	Wiatrowo	Poznań	Wiatrowo
Liczba strąków Pod number	7,71 (2,35)	14,54 (4,34)	7,80 (2,84)	18,46 (5,13)
Plon nasion w g Grain yield in g	4,50 (1,61)	9,98 (3,50)	4,17 (2,19)	14,01 (5,51)
Liczba strąków na osadce Pod number per peduncle	1,36 (0,15)	1,59 (0,14)	1,28 (0,15)	1,63 (0,12)
Liczba nasion w strąku Seed number per pod	3,44 (0,63)	4,14 (0,52)	2,78 (0,63)	3,85 (0,59)
Masa 1000 nasion w g 1000 grains weight in g	179,25 (29,44)	166,74 (31,55)	192,93 (32,90)	193,39 (36,45)

Tabela 2

**Wartości średnie dla linii rodzicielskich
Mean values for parental lines**

Cecha Trait	Linia rodzicielska Parental line	Q1		Q2	
		Poznań	Wiatrowo	Poznań	Wiatrowo
Liczba strąków Pod number	Wt11238	6,36	13,65	5,78	9,93
	Wt3557	6,27	21,11		
	Wt10245			19,39	31,87
Plon nasion w g Grain yield in g	Wt11238	2,38	6,03	2,11	4,44
	Wt3557	5,71	21,86		
	Wt10245			14,68	35,20
Liczba strąków na osadce Pod number per peduncle	Wt11238	1,31	1,54	1,16	1,73
	Wt3557	1,42	1,58		
	Wt10245			1,45	1,68
Liczba nasion w strąku Seed number per pod	Wt11238	3,33	3,92	3,26	3,92
	Wt3557	4,40	5,06		
	Wt10245			2,52	3,20
Masa 1000 nasion w g 1000 grains weight in g	Wt11238	122,72	112,22	123,09	111,46
	Wt3557	203,89	210,01		
	Wt10245			333,78	330,97

Tabela 2 podaje odpowiednie wartości dla form rodzicielskich. Dla Q1, charakterystyczna jest przewaga linii Wt3557 nad linią Wt11238 pod względem plonu, liczby nasion w strąku i masy 1000 nasion obserwowana w obu doświadczeniach. Dla Q2, linia Wt10245 wyraźnie dominuje nad linią Wt11238 pod względem liczby strąków, plonu i masy 1000 nasion; sytuacja jest odwrotna pod względem liczby nasion w strąku.

W tabeli 3 podano wyniki analizy wariancji zastosowanej do stwierdzenia istotności interakcji linii ze środowiskami. Znaczącą interakcję stwierdzono pod względem cech PLN, LNS i MTN dla linii populacji Q1 i pod względem wszystkich cech dla linii populacji Q2. Obliczając współczynniki korelacji liniowej pomiędzy wartościami średnimi dla linii obserwowanych w dwu środowiskach stwierdzono, iż interakcja dla cechy MTN ma charakter ilościowy, to znaczy nie powoduje znacznych zmian jeżeli chodzi o uporządkowanie linii pod względem wartości średniej w dwu środowiskach. Przeciwną sytuację stwierdzono dla populacji Q2, cech LSR, PLN i LSO, gdzie wyliczone korelacje były bardzo niskie.

Tabela 3

Wyniki analizy wariancji — średnie kwadraty dla interakcji linie × miejscowości i błędu
Results of analysis of variance — mean squares for lines × locations interaction and for error

Cecha Trait	Q1		Q2	
	interakcja interaction	błąd error	interakcja interaction	błąd error
Liczba strąków Pod number	22,70	18,53	40,84**	26,71
Plon nasion (g) Grain yield (g)	14,73*	10,92	42,71**	18,82
Liczba strąków na osadce Pod number per peduncle	0,029	0,035	0,046*	0,034
Liczba nasion w strąku Seed number per pod	0,46**	0,30	0,61**	0,41
Masa 1000 nasion (g) 1000 grains weight (g)	838,7**	563,9	1414,0**	982,7

*, ** Oznacza istotność na poziomie 0,05 i 0,1

*, ** Denotes significance at the level of 0.05 and 0.01

W tabeli 4 przedstawiono wyniki mapowania loci związanych z cechami ilościowymi obserwowanymi w doświadczeniu, w aspekcie efektów działania addytywnego. W poszczególnych doświadczeniach liczba znalezionych QTL o istotnych efektach addytywnych wahała się od 2 do 7. W tabeli podano nazwy markerów, których istotność powtarzała się w obu doświadczeniach.

Nie stwierdzono dominacyjnego działania QTL w populacji Q1. W populacji linii Q2 stwierdzono sześć istotnych efektów dominacji (dwa dla PLN, jeden dla LSO, trzy dla LNS). Efekty dominacji dla liczby nasion w strąku przejawiały się w obu środowiskach i przedstawione są w tabeli 5. Należy zaznaczyć, że we wszystkich przypadkach ocena efektu dominacji była (co do wartości bezwzględnej) znacznie większa niż oceny efektów addytywnych.

Tabela 4

Liczba markerów wykazujących sprzężenie z QTL o istotnych efektach addytywnych dla poszczególnych cech w doświadczeniach z liniami Q1 i Q2 oraz markery wspólne dla obu miejscowości
The number of markers linked to QTL with additive effects, for all measured traits and for two populations of lines Q1 and Q2, and markers declared as significant in both locations

Kombinacja krzyżówkowa Cross combination	Cecha Trait	Miejscowość Location		Markery wspólne dla obu miejscowości ^a Markers common for both locations ^a
		Poznań	Wiatrowo	
Q1	LSR	3	4	[Lip2, d] (I, Wt3557), [GP, TE] (V, Wt3557)
	PLN	3	5	
	LSO	3	2	
	LNS	4	3	C10a (III, Wt3557), GP (V, Wt3557)
	MTN	3	8	
Q2	LSR	4	6	R (V, Wt10245)
	PLN	4	6	
	LSO	6	2	[C1532, afp4c] (III, Wt11238)
	LNS	3	7	Afp15h (II, Wt11238), Lap2 (III, Wt11238)
	MTN	6	6	Lap2 (III, Wt10245), TL (V, Wt10245)

^a Podanie w nawiasie kwadratowym dwu markerów oznacza, że w różnych doświadczeniach stwierdzono istotność markerów różnych, lecz bezpośrednio sąsiadujących na mapie sprzężeń; w nawiasach podano numer grupy sprzężeń, do której marker należy oraz nazwę linii rodzicielskiej wnoszącej pozytywne allele.

^a Two marker names given in square brackets mean that in two locations the significant markers were different, but they were neighbors in the linkage map; in round brackets there is a number of the linkage group, to which the markers belong, and a name of the parental line providing positive alleles.

LSR — Liczba strąków na roślinie; PLN — Plon nasion; LSO — Liczba strąków na osadce; LNS — Liczba nasion w strąku; MTN — Masa 1000 nasion

Tabela 5

Zestawienie istotnych efektów dominacyjnych stwierdzonych w populacji linii kombinacji krzyżówkowej Q2

Dominance effects discovered in the population of lines from cross combinations Q2

Cecha Trait	Marker Marker	Grupa sprzężeniowa Linkage group	Allel dominujący Dominant allele	Środowisko Location
Plon nasion (g) Grain yield (g)	L109 Est2	VII VII	Wt11238 Wt10245	Poznań Poznań
Liczba strąków na osadce Pod number per peduncle	Pgd-p	VII	Wt11238	Poznań
Liczba nasion w strąku Seed number per pod	Aat-p Est2 Pgd-p	II VII VII	Wt10245 Wt10245 Wt11238	Wiatrowo Poznań Wiatrowo

Dla przykładu, oceny wymienionych w tabeli 5 efektów dominacji dla plonu, markerów Est2 i L109, wynosiły odpowiednio -17,1 i 19,7, przy ocenach efektów addytywnych (innych loci) od -0,74 do 0,94 i wartości średniej dla tej cechy wynoszącej 4,50 (tab. 1).

DYSKUSJA

Przedstawione w pracy wyniki dotyczące oceny linii rodzicielskich, linii potomnych, a także oceny parametrów genetycznych opisujących działanie loci związanych z cechami ilościowymi traktujemy jako wstępne; konieczna jest ich weryfikacja w doświadczeniach prowadzonych w kolejnych latach. Obecnie możemy powiedzieć, że relacje stwierdzone pomiędzy poziomem ekspresji cech u form rodzicielskich potwierdzają znane własności tych linii.

Opracowana metoda lokalizacji i estymacji parametrów jest prawdopodobnie właściwa w zakresie parametrów addytywnego działania genów. Uwzględnione w modelu efekty dominacji są przeszacowane, co może wynikać z liczniejszej niż przewiduje model probabilistyczny obecności roślin heterozygotycznych. Uzyskane oceny nie muszą więc świadczyć o wystąpieniu zjawiska naddominacji. Należy przy tym zauważyć, że tylko efekty bardzo znaczące mogą być znalezione opisywaną tu metodą.

Doświadczenia prowadzone w kolejnych latach pozwolą na znalezienie loci o efektach przejawiających się w różnych warunkach środowiskowych. Ponadto dołączenie do doświadczeń potomstwa trzeciej kombinacji krzyżówkowej, Wt3557 × Wt10245, wniesie możliwość dokładniejszego wnioskowania o sposobie działania interesujących genów. Odpowiednie wyniki zostaną opublikowane w następnych pracach.

LITERATURA

- Barr A. R., Eglinton J. K., Collins H. M., Vassos E., Roumeliotis S. 2004. QTL for malting quality — a 25 piece puzzle. Ninth International Barley Genetics Symposium, Brno, Czech Republic, 20–26 June 2004, Oral Presentations: 58 — 71.
- Caliński T., Kaczmarek Z., Krajewski P., Frova C., Sari-Gorla M. 2000. A multivariate approach to the problem of QTL localization. *Heredity* 84: 303 — 310.
- Charcosset A. M., Causse L., Moreau L., Gallais A. 1994. Investigation into the effect of genetic background on QTL expression using three connected maize recombinant inbred lines (RIL) populations. In: *Biometrics in plant breeding: applications of molecular markers*. J. W. van Ooijen and J. Jansen (eds.), CPRO-DLO, Wageningen: 75 — 84.
- Gawłowska M. 2004. Charakterystyka i mapowanie loci cech ilościowych związanych z plonowaniem grochu (*Pisum Sativum* L.). Praca doktorska, Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.
- Haley C. S., Knott S. 1992. A simple regression method for mapping quantitative trait loci in line crosses using flanking markers. *Heredity* 69: 315 — 324.
- Irzykowska L., Wolko B. 2004. Interval mapping of QTLs controlling yield-related traits and seed protein content in *Pisum sativum*. *J. Appl. Genet.* 45: 297 — 306.
- Irzykowska L., Wolko B., Święcicki W. K. 2002. Interval mapping of QTLs controlling some morphological characters in pea. *Cell Mol. Biol. Lett.* 7 (2A): 417 — 422.
- Jannink J. L., Jansen R. 2001. Mapping epistatic quantitative trait loci with one-dimensional genome searches. *Genetics* 157: 445 — 454.
- Krajewski P., Bocianowski J., Gawłowska M., Kaczmarek Z., Pniewski T., Święcicki W., Wolko B. 2004. On using F_n lines of pea (*Pisum sativum* L.) to locate and characterize QTL for seed protein content and yield-related traits. International Workshop “Plant genome mapping and search for markers linked to agricultural traits”, PAGEN — IPG PAS, Poznań, 18 October 2004: 15.
- Martinez O., Curnov R. N. 1994. Missing markers when estimating quantitative trait loci using regression mapping. *Heredity* 73: 198 — 206.

- Sari-Gorla M., Caliński T., Kaczmarek Z., Krajewski P. 1997. Detection of QTL $\times$ environment interaction in maize by a least squares interval mapping method. *Heredity* 78: 146 — 157.
- Ullrich S. E., Kleinhofs A., Romagosa I., Han F., Gao W., Schmierer D. 2004. Experiences with marker assisted selection for quantitative traits in barley. Ninth International Barley Genetics Symposium, Brno, Czech Republic, 20–26 June 2004, Oral Presentations: 72 — 78.
- Wolko B., Irzykowska L., Święcicki, W. K. 2002. Interval mapping of QTLs concerning pod number, seed weight and seed protein content in pea. Abstract Book of 1st International Conference on Legume Genomics and Genetics: Translation to Crop Improvement. Minneapolis June 2–6, 2002: 134.

JOLANTA ZIEMIŃSKAKatedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Akademia Podlaska, Siedlce

Charakterystyka cech plonotwórczych mutantu karłowego fasoli zwyczajnej (*Phaseolus vulgaris* L.) na tle odmiany wyjściowej Bor

Characterization of yielding traits in the dwarf mutant of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in relation to the ancestor Bor cultivar

Materiał do badań stanowiły dwa biotypy fasoli karłowej (*Phaseolus vulgaris* L.): odmiana wyjściowa Bor i mutant karłowy odmiany Bor, uzyskany w wyniku napromienienia powietrznie suchych nasion promieniami γ . Badania prowadzono w latach 1999–2001 metodą losowanych bloków w sześciu powtórzeniach. Wyniki pomiarów biometrycznych wykorzystano do oszacowania zmienności wybranych cech plonotwórczych przy pomocy wartości średnich i analizy wariancji. Szczegółowego porównania średnich dokonano testem Tukeya przy $p \leq 0,05$. Wyniki trzyletnich badań pozwoliły stwierdzić, że mutant karłowy odmiany Bor różnił się istotnie od odmiany wyjściowej m.in.: mniejszym plonem i liczbą nasion z rośliny, liczbą strąków, liczbą nasion w strąku, masą tysiąca nasion i masą roślin. Rośliny zmutowane charakteryzowały się większą zawartością białka ogólnego w nasionach.

Słowa kluczowe: cechy plonotwórcze, mutacje, fasola zwyczajna, promienie γ , zmienność

Two biotypes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.): the Bor cultivar and the dwarf mutant of this Bor cultivar, which was obtained as a result of irradiation of early dry seeds by γ -rays, were used as an experimental material. The experiments were carried out in 1999–2001 using the method of randomized blocks in 6 replications. The results of biometrical measurements were applied to estimate variation of some yielding traits by means of mean values and the analysis of variance. The detailed comparison between arithmetic means was conducted with the Tukey's test at $P \leq 0,05$. The results of 3-years experiments allowed to state that the dwarf mutant differed significantly from the initial Bor cultivar in regard to lower seed yield, number of seeds per plant, number of pods, number of seeds per pod and lower thousand seeds weight. The mutants were characterized by larger total protein content in seeds.

Key words: common bean, mutation, variability, yielding traits, γ -rays

WSTĘP

Zainteresowanie fasolą wynika z jej dużych walorów odżywczych i smakowych, które czynią ją jedną z cenniejszych roślin uprawnych. Pomimo opisanie ponad 30 gatunków rodzaju *Phaseolus*, uprawiane są tylko 4, a największy postęp hodowlany osiągnięto w przypadku *Phaseolus vulgaris* L. (Szyrmer i in., 1992).

Uzyskanie nowych odmian fasoli o pożądanych cechach jest możliwe w przypadku posiadania wartościowego materiału wyjściowego (Martyniak, 1998). Hodowcy dysponują coraz mniejszą zmiennością naturalną fasoli (Witek i in., 1998), a więc przyszłości w pracach hodowlanych, mających na celu doskonalenie ważniejszych cech użytkowych, upatruje się głównie w metodach hodowli mutacyjnej (Nichterlein, 1999) i rekombinacyjnej (Kelly i in., 1998; Abreu i in., 1999). Wyhodowano wiele cennych odmian fasoli dzięki rozszerzeniu zakresu zmienności cech użytkowych przy zastosowaniu promieni γ lub x oraz mutagenów chemicznych (Bhatia i in., 2001; Belele i in., 2001; Nichterlein, 1999).

Celem trzyletnich badań była charakterystyka i ocena wybranych cech plonotwórczych mutantu karłowego fasoli zwyczajnej na tle odmiany wyjściowej Bor.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły dwa biotypy fasoli zwyczajnej (*Phaseolus vulgaris* L.); odmiana hodowlana Bor i mutant karłowy tej odmiany, uzyskany w wyniku napromienienia powietrznie suchych nasion dawką 10kR promieni γ przy użyciu promiennika kobaltowego w IHAR w Radzikowie. Doświadczenie prowadzono w latach 1999–2001 metodą losowanych bloków w sześciu powtórzeniach. Zastosowano zabiegi uprawowe według ogólnie przyjętych zasad agrotechniki dla fasoli zwyczajnej. Na poletkach o wielkości 9 m² wysiano nasiona w rozstawie 40 × 10 cm. Siew nasion, zależnie od warunków pogodowych w latach badań, był przeprowadzany w II dekadzie maja. Zbiór roślin każdego roku był dokonywany na przełomie sierpnia i września w fazie opadania liści i zasychania strąków. Z każdego poletka z sześciu powtórzeń zebrano losowo po 60 roślin, u których oceniono następujące cechy: wysokość roślin, masę powietrznie suchych roślin, liczbę strąków na roślinie, liczbę nasion z rośliny, średnią liczbę nasion w strąku, masę nasion z rośliny, masę tysiąca nasion. Wyniki pomiarów biometrycznych wykorzystano do oszacowania zmienności cech przy pomocy wartości średnich i analizy wariancji, w której źródłem zmienności były lata i biotyp. Szczegółowego porównania średnich dokonano testem Tukeya przy $p \leq 0,05$. W celu poznania zawartości białka ogółem w nasionach fasoli, w każdym roku ze wszystkich powtórzeń badanych biotypów utworzono próby zbiorcze, z których pobrano próbki nasion (50 g) w trzech powtórzeniach. Zawartość azotu ogółem oznaczono metodą Kjeldahla; zawartość białka ogółem obliczono wykorzystując zależność między zawartością azotu i białka (AOAC, 1955). Stosowano mnożnik 6,25. Istotność różnic w zawartości białka ogólnego w nasionach badanych biotypów fasoli oceniono metodą analizy wariancji w układzie całkowicie losowym oraz testem Tukeya przy $p \leq 0,05$ (Trętowski, Wójcik, 1991).

WYNIKI I DYSKUSJA

Porównując na przestrzeni trzech lat badane biotypy fasoli stwierdzono, iż rośliny odmiany wzorcowej Bor osadzały istotnie więcej strąków (21,7) niż rośliny karłowego mutantu z tej odmiany (14,4) (tab. 1).

Tabela 1

Średnie wartości wybranych cech badanych biotypów fasoli zwyczajnej w latach 1999–2001
Mean values for the analysed traits of the studied biotypes of common bean in 1999–2001

Cecha Traits	Biotyp —								NIR _{0,05} dla biotypów LSD _{0,05} for biotypes	NIR _{0,05} * LSD _{0,05} *
	Mutant karłowy odmiany Bor Dwarf mutant of the Bor cultivar				Odmiana Bor Bor cultivar					
	1999	2000	2001	średnio mean	1999	2000	2001	średnio mean		
Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant	16,2	11,0	16,0	14,4	16,2	25,0	23,8	21,7	1,48	3,60
Liczba nasion w strąku Number of seeds per pod	3,0	2,4	2,8	2,7	3,7	3,4	3,3	3,5	0,10	0,30
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	48,5	26,4	45,2	39,8	60,7	87,7	79,0	75,8	5,33	16,24
Masa nasion z rośliny (g) Weight of seeds per plant	7,74	4,64	7,69	6,69	11,74	19,87	14,21	15,27	1,08	3,39
Masa tysiąca nasion (g) Weight of thousand seeds	157,2	173,2	173,2	167,9	190,7	228,4	178,9	199,3	6,57	16,57
Wysokość roślin (cm) Height of plants	18,8	16,2	23,8	19,6	44,6	38,2	57,0	46,6	1,18	—
Masa rośliny (g) Weight of plants	14,7	9,4	13,20	12,4	20,7	33,8	25,7	26,7	1,08	3,39
Zawartość białka ogółem w nasionach (% s.m.) Protein content in seeds (% of drv matter)	27,61	25,42	26,04	26,36	23,38	21,15	23,49	22,67	0,08	0,17

* NIR dla interakcji lat × biotypów; LSD for years × biotypes interaction

W odniesieniu do tej cechy stwierdzono istotną interakcję lat i biotypów. Zakres liczby strąków na roślinie wahał się w granicach od 2 do 54 u roślin mutantu oraz od 2 do 89 w przypadku roślin odmiany Bor (tab. 2 i tab. 3). Współczynnik zmienności dla tej cechy wynosił 36,2–48,0% u mutantu karłowego i 33,9–65,2% u odmiany Bor. W pięcioletnich badaniach Szyrmera i wsp. (1992), rośliny fasoli karłowej osadzały średnio w zależności od lat od 8,6 do 14 strąków, a zakres zmienności tej cechy mieścił się w granicach od 1,2 do 36,8. Badania innych autorów również wykazały wysoką zmienność liczby strąków zawiązywanych przez rośliny fasoli (Escribano i in., 1994; Hołubowicz i in., 2004; Łabuda, Witek, 2004).

Odmiana Bor wykształcała istotnie więcej nasion w strąkach (3,5) niż jej karłowy mutant (2,7) (tab. 1). Wykazano istotną interakcję lat i biotypów na wartość omawianej cechy.

Odmiana Bor charakteryzowała się istotnie większą średnią liczbą nasion z rośliny (75,8) (tab. 1), przy czym zakres zmienności tej cechy mieścił się w granicach od 6 do 367 nasion (tab. 3). Rośliny formy zmutowanej wykształcały od 7 do 131 nasion (tab. 2),

a średnia wartość tej cechy wyniosła 39,8 (tab. 1). Analiza statystyczna wykazała interakcję lat i biotypów z wartością omawianej cechy. W badaniach Borosa i wsp. (1994) rośliny odmiany Bor zawiązywały średnio 45 nasion, natomiast u roślin innych odmian fasoli średnia liczba nasion zmieniała się w granicach od 26 do 42.

Tabela 2

Zmienność wybranych cech zmutowanych roślin fasoli zwyczajnej w latach 1999–2001
Variability of the analysed traits in the mutated common bean plants in 1999–2001

Cecha Traits	1999			2000			2001		
	zakres range		współczynnik zmienności (%) coefficient of variation	zakres range		współczynnik zmienności (%) coefficient of variation	zakres range		współczynnik zmienności (%) coefficient of variation
	min.	maks.		min.	maks.		min.	maks.	
Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant	4,0	54,0	48,0	2,0	31,0	46,1	5,0	36,0	36,2
Liczba nasion w strąku Number of seeds per pod	1,3	5,0	22,4	1,1	7,5	25,7	1,0	6,7	22,4
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	7,0	131,0	48,7	7,0	75,0	49,8	8,0	100,0	39,5
Masa nasion z rośliny (g) Weight of seeds per plant	0,8	23,1	55,5	0,9	14,3	53,4	1,9	16,7	40,0
Masa tysiąca nasion (g) Weight of thousand seeds	100,0	232,3	20,6	95,4	175,7	18,6	110,0	247,8	12,7
Wysokość roślin (cm) Height of plants	11,0	29,0	17,1	8,5	27,5	21,2	13,0	36,0	15,5
Masa roślin (g) Weight of plants	3,6	40,8	47,3	2,6	25,5	47,9	3,4	26,5	36,3

Masa nasion z roślin odmiany Bor była istotnie większa (ponad 2-krotnie) niż z roślin mutanta. Udowodniono także interakcję lat i biotypów (tab. 1). Zmienność plonu nasion była wysoka i wahała się w granicach 0,9–65,3 g u odmiany Bor (tab. 3) i odpowiednio 0,8–23,1 g u mutanta (tab. 2). W badaniach prowadzonych przez Borosa i wsp. (1994) odmiana Bor plonowała słabiej i dawała przeciętnie 8,6g nasion z rośliny. Prace innych autorów wskazują również na zmienność plonu nasion z rośliny (Szyrmer i in., 1992; Boros i in., 1994; Hołubowicz i in., 2004; Łabuda, Witek, 2004; Łabuda, Papliński, 2005)

Masa 1000 nasion odmiany Bor była większa średnio o około 30 g niż formy zmutowanej (tab. 1). Stwierdzono także istotne zróżnicowanie cechy u badanych biotypów w latach prowadzenia badań (tab. 2 i 3).

Nasiona roślin zmutowanych zawierały przeciętnie około 26,4% białka ogółem, zaś nasiona odmiany Bor około 22,7% (tab. 1). Zawartość białka w nasionach fasoli zmieniała się w dość szerokich granicach pod wpływem warunków klimatycznych (tab. 2 i 3). Badania Milczyńskiej (1998) wykazały, iż zawartość białka w nasionach odmiany Bor zmieniała się w granicach od 22,7 do 27,6% zależnie od roku badań.

Tabela 3

Zmienność wybranych cech roślin fasoli zwyczajnej odmiany Bor w latach 1999–2001
Variability of the analysed traits in common bean Bor cultivar in 1999–2001

Cecha Traits	1999			2000			2001		
	zakres range		współczynnik zmienności (%) coefficient of variation	zakres range		współczynnik zmienności (%) coefficient of variation	zakres range		współczynnik zmienności (%) coefficient of variation
	min.	maks.		min.	maks.		min.	maks.	
Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant	2,0	89,0	65,2	7,0	73,0	35,9	3,0	59,0	33,9
Liczba nasion w strąku Number of seeds per pod	1,1	6,7	21,0	1,9	7,2	20,0	1,4	6,3	18,7
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	6,0	367,0	68,4	23,0	220,0	37,0	12,0	173,0	37,8
Masa nasion z rośliny (g) Weight of seeds per plant	0,9	65,3	70,6	4,1	49,2	38,9	1,6	40,1	42,5
Masa tysiąca nasion (g) Weight of thousand seeds	67,1	351,1	17,8	141,4	358,4	20,1	119,5	335,7	16,2
Wysokość roślin (cm) Height of plants	25,0	63,0	16,1	20,0	60,0	17,1	38,0	69,0	9,4
Masa roślin (g) Weight of plants	3,7	74,9	62,0	7,2	73,1	36,5	3,7	63,2	38,6

Populacja mutanta charakteryzowała się istotnie mniejszą wysokością i masą roślin niż odmiana Bor (tab. 1).

WNIOSKI

1. Populacja mutanta uzyskanego w wyniku napromienienia nasion promieniami γ charakteryzowała się istotnie niższymi wartościami cech plonotwórczych w porównaniu z odmianą wyjściową Bor. Jedynie pod względem zawartości białka ogółem w nasionach mutant przewyższał odmianę wyjściową o 3,69%.
2. Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych biotypów fasoli zwyczajnej pod względem wszystkich analizowanych cech ilościowych. Stwierdzono także istotność interakcji genotypowo-środowiskowej.
3. Wartości współczynników zmienności świadczą o wysokiej zmienności liczby strąków z rośliny, liczby nasion z rośliny i masy nasion z rośliny oraz masy roślin u obu badanych biotypów fasoli w każdym roku badań.
4. Rośliny karłowego mutanta mogą być wykorzystane w hodowli rekombinacyjnej fasoli jako źródło genów karłowatości.

LITERATURA

- Abreu A. de F. B., Ramalho M. A. P., Ferreira D. F. 1999. Selection potential for seed yield from intra- and inter-racial populations. *Euphytica* 108: 121 — 127.
- AOAC. 1955. Association of Official Analytical Chemists, Official Methods of Analysis, Washington DC.
- Belele C. L., Vieira G. S., Goulart L. R. 2001. Effects of gamma radiation on morphological traits and seed storage proteins of bean. *Mutation Breeding Newsletter* 45: 23.
- Bhatia C. R., Małuszyński M., Nichterlein K., Van Zanten L. 2001. Grain legume cultivars from induced mutations and mutations affecting nodulation. *Mutation Breeding Review* No 13.

- Boros L., Szyrmer J., Sawicki J., Marcinkowska J. 1994. Analiza stabilności plonu nasion i cech użytkowych wybranych odmian i rodów fasoli karłowej (*Phaseolus vulgaris* L.) na suche nasiona. Ogólnopolska Konf. Nauk. Strączk. Rośl. Białk. Cz. I. Fasola, Lublin, 25 Listopada: 99 — 103.
- Escribano M. R., De Ron A. M., Amurrio J. M. 1994. Diversity in agronomical traits in common bean populations from northwestern Spain. *Euphytica* 76: 1 — 6.
- Hołubowicz R., Bralewski T. W., Fiebig M., Bocian S. 2004. Variability of selected characters of 18 local populations of bean (*Phaseolus* ssp.). *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, Horticulture*, Vol. 7/1, www.ejpau.media.pl.
- Kelly J. D., Kolkman J. M., Schneider K. 1998. Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica* 102: 343 — 356.
- Łabuda H., Papliński R. 2005. Ocena nowych odmian fasoli zwykłej i fasoli wielokwiatowej na suche nasiona. Zmienność genetyczna i jej wykorzystanie w hodowli roślin ogrodnich. Monografia. Praca zbiorowa pod redakcją Michalik B., Żurawicz E.: 161 — 166.
- Łabuda H., Witek A. 2004. Charakterystyka ważniejszych cech użytkowych kilkunastu odmian fasoli na suche nasiona. *Folia Univ. Agric. Stetin.. Agricultura* 239 (95):217 — 222.
- Martyniak J. 1998. Wykorzystanie materiałów wyjściowych w hodowli polskich odmian roślin strączkowych. *Zesz. Prob. Post. Nauk Rol.* 463: 575 — 590.
- Milczyńska E. 1998. Syntezy wyników odmianowych. *Warzywa strączkowe*. 1997. z. 1124.
- Nichterlein K. 1999. The role of induced mutations in the improvement of common beans (*Phaseolus vulgaris*). *Mutation Breeding Newsletter* 44: 6 — 9.
- Szyrmer J., Dembińska J., Wawer A., 1992. Przebieg wegetacji i zmienność cech użytkowych odmian i form *Phaseolus vulgaris* L. *Biul. IHAR* 180: 229 — 239.
- Trętowski J., Wójcik A. L. 1991. *Metodyka doświadczeń rolniczych*. WSRP Siedlce.
- Witek A., Kotlińska T., Witek Z. 1998. Waloryzacja genotypów fasoli zwykłej (*Phaseolus vulgaris* L.) na suche ziarno. *Zesz. Prob. Post. Nauk Rol.* 463: 481 — 489.

WOJCIECH RYBIŃSKI**JAN BOCIANOWSKI**¹

Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Akademia Rolnicza w Poznaniu

Zmienność cech ilościowych roślin lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) pokolenia M₁ uzyskanego działaniem chemomutagenów

Variability of quantitative traits in grasspea (*Lathyrus sativus* L.) M₁ progeny obtained by seed treatment with chemomutagens

Celem badań była ocena reakcji krajowych odmian na działanie dwóch chemomutagenów i określenie korzystnych kombinacji do ich użytecznego wykorzystania w mutageniezie lędwianu siewnego. Nasiona krajowych odmian lędwianu siewnego — Derek i Krab traktowano dwoma chemomutagenami — N-nitroso-N-metylomocznikiem (MNU) oraz azydkiem sodu (AS) wykorzystując w tym celu traktowania pojedyncze (wyłącznie MNU lub AS) oraz traktowania łączone — AS + MNU i MNU + AS, przy zróżnicowanych dawkach poszczególnych mutagenów. U roślin pokolenia M₁ i roślin kombinacji kontrolnej (bez traktowania mutagenami) analizowano wysokość roślin, liczbę rozgałęzień i parametry struktury plonu. Stwierdzono, że zastosowane mutageny i ich kombinacje obniżały wartości badanych cech (z wyjątkiem wysokości roślin), a uzyskane wyniki zależne były od materiału wyjściowego, analizowanej cechy, rodzaju mutagenu, ich dawek oraz zastosowanych kombinacji. Wykazano, że MNU w porównaniu z AS wywoływał wysoki poziom uszkodzeń somatycznych a szkodliwość somatyczna kombinacji łączonych (mniejsza zwłaszcza dla MNU + AS w porównaniu z S.A. + MNU) i zastosowanie dwóch mutagenów o odmiennym wpływie na rodzaj indukowanych mutacji sugeruje ich większą przydatność do indukowania mutacji u lędwianu siewnego. Ponadto odmiana Derek w porównaniu z odmianą Krab charakteryzowała się większą wrażliwością na zastosowane mutageny i ich kombinacje.

Słowa kluczowe: lędwian siewny, mutageny, pokolenie M₁, struktura plonu, uszkodzenia somatyczne

The aim of the study was to estimate susceptibility of Polish grasspea cultivars Derek and Krab to the effects of two chemomutagens, and to determine the suitable combination of mutagens to be used in grasspea mutagenesis. The grasspea seeds were treated with two chemomutagens: N-nitroso-N-methylurea (MNU) and sodium azide (SA) with either of the mutagens alone and in combinations: SA followed by MNU or MNU followed by SA, using different mutagen doses. For M₁ progeny and control (non-treated) plants the plant height, number of lateral branches and yield structure were evaluated. The results of treatment indicate that chemomutagens applied alone or in combinations caused the decrease in value of the analyzed traits except the plant height. A rate of decrease depended on the initial form used, analyzed trait, kind and dose of mutagen, and the combination applied. Plants of cv. Derek,

compared to those of cv. Krab, were found to be more susceptible to treatment with mutagens. Somatic injuries induced by MNU were more serious than those caused by SA, and the effects of treatment with the combination SA + MNU were more harmful than those caused by the combination MNU + SA. It may be concluded from the results obtained that to induce a desirable mutation in grasspea, the combination of two reagents acting in a different way in the process of mutagenesis is most effective.

Key words: grasspea, mutagens, M₁ progeny, somatic injuries, yield structure

WSTĘP

Mutacje i rekombinacje to dwa główne źródła zwiększania zakresu zmienności genetycznej. Otrzymywanie mutantów po działaniu czynników mutagenicznych przyspiesza, a nawet poszerza zmienność dając możliwość uzyskania zmian niewystępujących w przyrodzie lub pojawiających się rzadko. We wszystkich przypadkach, gdy brak naturalnej zmienności i gdy nie można spodziewać się postępu w określonych cechach na skutek rekombinacji sięgnięcie po metodę indukowania mutacji przynosi pozytywne rezultaty (Sawicka, 1993). Wg danych FAO/IAEA (Małuszyński i in., 2000) liczba odmian mutacyjnych w roku 2000 wynosiła już 2250, spośród których 552 odmiany stanowiły rośliny ozdobne a 1770 odmiany roślin uprawnych. Odmiany te zarejestrowano w 50 krajach świata, głównie w Azji (Ahloovalia i Małuszyński, 2001; Ahloovalia i in., 2004). Mimo dominującej pozycji zbóż w grupie odmian roślin uprawnych (1072 odmiany) liczba odmian mutacyjnych w grupie roślin strączkowych jest znaczna i wynosi 311 odmian z przeważającą liczbą odmian grochu. Niestety, lędwian siewny zajmuje tu marginalną pozycję a dotąd zarejestrowano tylko jedną odmianę mutacyjną Poltavskaya (Rosja), po działaniu chemomutagenu ENH. Odmiana ta wyróżnia się wysoką tolerancją na suszę.

Szczególne znaczenie indukowania mutacji występuje w hodowli gatunków odznaczających się wąskim zakresem zmienności naturalnej. Dotyczy to między innymi lędzwianu siewnego. Dla szerszego wprowadzenia tego gatunku do krajowego rolnictwa, mimo niewątpliwych zalet tej rośliny (unikalna odporność na suszę, możliwość uprawy na glebach klasy V a nawet VI, odporność na choroby, wysoka zawartością białka i korzystny skład kwasów tłuszczowych zbliżony do soi), należy między innymi poprawić szereg niekorzystnych cech. Jest to jednak ograniczone wąską pulą genów reprezentowanych w Polsce przez dobrze zaadaptowane do środowiska, nieliczne populacje miejscowe na Podlasiu. Stąd poszerzenie zmienności genetycznej cech poprzez krzyżowanie a zwłaszcza mutacje (Campbell i in., 1994; Ali M. Abd i in., 2000; Waghmare i Mehra, 2000; Rybiński i Pokora, 2002; Rybiński, 2003; Rybiński i Starzycki 2004) jest niewątpliwie jednym z warunków uzyskania istotnego postępu hodowlanego.

Celem badań była ocena reakcji krajowych odmian na działanie dwóch chemomutagenów i określenie korzystnych kombinacji do ich utylitarne wykorzystania w mutagenezie lędzwianu siewnego.

MATERIAŁ I METODY

Nasiona krajowych odmian lędzwianu siewnego — Derek i Krab traktowano dwoma chemomutagenami — N-nitroso-N-metylomocznikiem (MNU) oraz azydkiem sodu (AS)

w dawkach: 4mM dla AS oraz 0,8; 1,0 i 1,2 mM dla MNU. Nasiona, przed traktowaniem mutagenicznym, moczo w wodzie destylowanej przez 10 godzin, następnie umieszczano je w roztworze mutagenu w wyżej wspomnianych stężeniach przez trzy godziny. Oprócz wspomnianych powyżej traktowań pojedynczych (MNU lub AS) stosowano również traktowania łączone — MNU + AS i AS + MNU w różnych kombinacjach dawek mutagenów. W powyższych traktowaniach nasiona zanurzano najpierw w roztworze MNU na 3 godziny, a następnie również przez 3 godziny w roztworze AS. W kombinacji AS + MNU postępowano odwrotnie. Nasiona poddane traktowaniom mutagenicznym, jak i bez traktowań (kontrola) wysiewano na poletka w doświadczeniu bloków losowanych w trzech powtórzeniach w rozstawie 30 × 15 cm. Uzyskane rośliny pokolenia M_1 oraz rośliny kombinacji kontrolnej analizowano pod względem wysokości roślin, liczby rozgałęzień z rośliny, liczby strąków z rośliny, liczby nasion ze strąka pędu głównego oraz liczby i masy nasion z rośliny. Ocenę wyżej wspomnianych cech prowadzono na 15 roślinach z każdego powtórzenia. Wyniki poddano ocenie statystycznej przeprowadzając dwuczynnikową analizę wariancji (odmiany × kombinacje) w odniesieniu do poszczególnych cech.

WYNIKI I DYSKUSJA

Wyniki uzyskane z dwuczynnikowej analizy wariancji wykazały istotny (na poziomie $\alpha = 0,001$) wpływ interakcji odmiany × kombinacje na wartości wszystkich badanych cech ilościowych. Podobnie silnie istotny wpływ na wartości wszystkich sześciu cech wykazywały kombinacje mutagenów. Natomiast odmiany charakteryzowały się nieistotnym wpływem jedynie na liczbę strąków z rośliny oraz masę nasion z rośliny (tab. 1).

Wartości średnich analizowanych cech dla formy kontrolnej i kombinacji z mutagenami przedstawiono w tabeli 2. Wskazują one, że w porównaniu z kontrolą, zarówno MNU, jak i AS w traktowaniach pojedynczych, jak i łączonych (AS + MNU i MNU + AS) wpływały na obniżenie wartości badanych cech z wyjątkiem wysokości roślin. Uzyskane wyniki zależne były nie tylko od genotypu wyjściowego i rodzaju analizowanej cechy, ale również od dawek mutagenów i ich wzajemnych kombinacji. Kombinacje będące wynikiem pojedynczych traktowań — 4 mM AS oraz trzech dawek MNU wskazują, w porównaniu z kontrolą (dla obu odmian) istotnie mniejsze wartości badanych cech. Obniżenie wartości cech w porównaniu z kontrolą było mniejsze dla azydru sodu, a większe dla MNU, przy czym redukcja wartości badanych cech wzrastała w miarę stosowania wyższych dawek MNU. Niewątpliwie interesującym jest tu większa wrażliwość odmiany Derek na zastosowane mutageny. Stosując traktowania łączone również obserwowano wyłącznie obniżenie wartości cech w stosunku do kontroli, przy czym redukcje wartości cech były z reguły wyższe niż przy traktowaniach pojedynczych.

Tabela 1

Średnie kwadraty z dwuczynnikowej analizy wariancji badanych cech dla roślin pokolenia M₁ i ich form wyjściowych

Mean squares from two-way analysis of variance for analyzed traits in M₁ progeny and initial forms

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Cechy — Traits					
		wysokość roślin plant height	liczba rozgałęzień number of branches per plant	liczba strąków z rośliny pod number per plant	liczba nasion ze strąka seed number per pod	liczba nasion z rośliny seed number per plant	masa nasion z rośliny seed weight per plant
Bloki Blocks	2	72,02	0,07	8,16	0,01	128,5	2,33
Odmiana Cultivar	1	2540,76***	18,24***	84,32	0,27***	4318,1***	0,67
Kombinacja Combination	10	322,25***	5,26***	3626,17***	4,08***	40301,2***	341,71***
Odmiana × Kombinacja Cultivar × Combination	10	180,02***	2,57***	314,45***	0,23***	4029,7***	9,41***
Błąd Residual	42	28,42	0,53	24,46	0,02	154,5	0,59

*** Istotne na poziomie p = 0,001; *** Significant at p = 0.001

Tabela 2

Średnie wartości badanych cech po działaniu chemomutagenów - MNU i AS dla roślin pokolenia M₁ i ich form wyjściowych

Mean values for the analyzed traits in M₁ progeny and initial forms after mutagenic treatment with MNU and As

Kombinacje Combinations	Cechy — Traits											
	wysokość roślin plant height (cm)		liczba rozgałęzień number of branches per plant		liczba strąków z rośliny pod number per plant		liczba nasion ze strąka pędu głównego seed number per pod of main stem		liczba nasion z rośliny seed number per plant		masa nasion z rośliny seed weight per plant (g)	
	Krab	Derek	Krab	Derek	Krab	Derek	Krab	Derek	Krab	Derek	Krab	Derek
Kontrola Control	103,5	99,6	9,2	8,2	80,9	110,7	2,89	3,91	204,8	366,2	23,87	28,83
4 mM AS	119,5	106,6	6,6	7,2	46,3	66,5	2,12	2,42	60,4	114,7	8,17	11,23
0,8 mM MNU	106,5	97,0	6,8	6,9	49,8	34,0	1,79	1,73	50,8	32,4	7,53	3,29
1,0 mM MNU	108,2	107,6	7,3	5,4	40,9	22,3	1,67	1,17	34,2	14,7	4,50	1,45
1,2 mM MNU	124,0	96,5	7,5	4,5	25,2	18,4	1,17	1,09	17,6	13,7	2,40	1,45
AS + 0,8 MNU	133,4	111,5	6,2	5,1	18,4	22,9	0,97	0,92	12,4	13,6	1,60	1,09
AS + 1,0 MNU	122,8	96,6	7,5	5,4	18,3	12,4	0,82	0,73	10,7	9,8	1,41	0,82
AS + 1,2 MNU	112,7	98,8	5,1	5,6	7,6	10,1	0,39	0,39	3,7	3,9	0,47	0,34
0,8 MNU + AS	116,9	125,9	7,4	7,9	18,5	30,5	1,16	1,39	18,8	19,2	2,62	2,05
1,0 MNU + AS	126,9	113,5	7,4	5,5	21,8	24,8	1,02	1,25	14,9	16,6	1,81	1,68
1,2 MNU + AS	118,7	103,3	7,5	5,2	21,5	21,1	0,84	1,26	14,1	15,8	1,79	1,70
NIR _{0,001}	16,39	17,72	2,19	2,21	15,64	14,49	0,37	0,38	30,37	44,91	2,70	2,36
LSD _{0,001}												

Pośród kombinacji łączonych AS + MNU silniej redukowała wartości cech aniżeli kombinacja MNU + AS. Podobny efekt „ochronnego” wpływu azydki sodu na poziom uszkodzeń somatycznych wywołanych wcześniejszym działaniem MNU obserwowano także u jęczmienia (Rybiński i Patyna, 1983). Stąd w pracach nad indukowaniem mutacji korzystniejsze jest stosowanie kombinacji MNU + AS w mniejszym stopniu redukującej płodność roślin pokolenia M_1 w porównaniu z kombinacją odwrotną. Na celowość stosowania kombinacji mutagenów w porównaniu z traktowaniami pojedynczymi wskazują badania nad lędźwianem prowadzone przez Singh i Chaturvedi (1987) oraz Kumar i Dubey (1998 a). Stosując oddzielne traktowania nasion przez promieniowanie gamma oraz EMS, jak i traktowania łączone obydwoma mutagenicznymi czynnikami oceniano kiełkowanie nasion lędźwianu, wzrost roślin, płodność oraz plon nasion a uzyskane wyniki potwierdziły efektywny wpływ traktowań łączonych na zmienność analizowanych cech (Kumar i Dubey, 1998 b).

WNIOSKI

1. W porównaniu z kontrolą MNU i AS indukowały wysoki poziom uszkodzeń somatycznych w pokoleniu M_1 wyrażonych redukcją wartości badanych cech, a MNU w tym względzie był bardziej efektywny aniżeli AS.
2. Mniejsza szkodliwość somatyczna kombinacji łączonych typu MNU + AS w porównaniu z AS + MNU i zastosowanie dwóch mutagenów o odmiennym wpływie na rodzaj indukowanych mutacji sugeruje większą przydatność kombinacji typu MNU + AS do indukowania mutacji u lędźwianu siewnego.
3. Odmiana Derek charakteryzowała się większą wrażliwością na zastosowane mutageny i ich kombinacje w porównaniu z odmianą Krab. Wynik ten dowodzi znaczenia właściwego wyboru materiału wyjściowego do traktowań mutagenicznych.

LITERATURA

- Ahloowalia B. S., Małuszyński M. 2001. Induced mutations — A new paradigm in plant breeding. *Euphytica* 118: 167 — 173.
- Ahloowalia B. S., Małuszyński M., Nichterlein K. 2004. Global impact of mutation-derived varieties. *Euphytica* 135: 187 — 204.
- Ali M. Abd El-Moneim B., Dorrestein M., Mulugeta W. 2000. Improving the nutritional quality and yield potential of grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Food. Nutri. Bull.* 21 (4): 493 — 496.
- Campbell C. G., Mehra R. J., 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.
- Kumar S., Dubey D. K. 1998 a. Influence of separate and simultaneous application of gamma rays, DES and EMS in Khesari (*Lathyrus sativus* L.). *J. Genetics and Breeding* 52 (4): 295 — 300.
- Kumar S., Dubey D. K. 1998 b. Effect of separate and simultaneous application of gamma rays and EMS on germination, growth, fertility and yield in cultivars Nirmal and LSD-3 of Khesari (*Lathyrus sativus* L.). *J. Phytological Research* 11 (2): 165 — 170.
- Małuszyński M., Nichterlein K., Van Zanten L., Ahloowalia S. 2000. Officially released mutant varieties — the FAO/IAEA database. *Mutation Breeding* 12: 1 — 84.
- Rybiński W., Patyna H. 1983. Wpływ zróżnicowanych dawek azydki sodu i MNU na poziom uszkodzeń somatycznych i częstotliwość mutacji u jęczmienia jarego *Biul. IHAR* 27 (1): 59 — 68.

- Rybiński W., Pokora L. 2002. Wpływ światła lasera helowo-neonowego i chemomutagenu (MNU) na zmienność cech lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) w pokoleniu M₁. Acta Agrophysica 62: 127 — 134.
- 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 (*Lathyrus sativus* L.). Zesz. Prob. Post. Nauk Roln. 497: 539 — 550.
- Sawicka E. J. 1993. Indukowane mutacje u łubinu andyjskiego (*Lupinus mutabilis* Sweet.). Prace Ogrodu Botanicznego PAN. Seria: Rozprawy i Monografie, Zesz. 3: 1 — 102.
- Singh M., Chaturvedi S. N. 1987. Effectiveness and efficiency of mutagen alone or in combination with dimethyl sulphoxide in *Lathyrus sativus*. J. of Agric. Sci. 57: 503 — 507.
- Waghmare V. N., Mehra R. B. 2000. Induced mutations in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). Lathyrus Lathyrism Newsletter 1: 21 — 24.

WOJCIECH RYBIŃSKI**JAN BOCIANOWSKI**¹

Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Akademia Rolnicza w Poznaniu

Zmienność cech morfologicznych i struktury plonu nasion mutantów lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)

Variability of morphological traits and yield structure in grasspea mutants (*Lathyrus sativus* L.)

W latach 2002 i 2003 w doświadczeniu polowym analizowano zmienność siedmiu cech ilościowych u dwóch odmian wyjściowych i 20 mutantów lędźwianu siewnego uzyskanych drogą mutagenезy z krajowych odmian — Derek i Krab. Dla uzyskanych wyników przeprowadzono dwuczynnikową analizę wariancji (obiekty i lata) pod względem wszystkich cech. Oba czynniki istotnie różnicowały wszystkie cechy a interakcje obiekt $\times$ lata były istotne dla wszystkich cech na poziomie $\alpha = 0,001$. Pod względem większości analizowanych cech mutanty ustępowały ich odmianom wyjściowym. Efekt ten był widoczny w pierwszym roku badań (2002). W drugim roku badań (2003), z uwagi na wystąpienie silnego czynnika stresowego, jakim była długotrwała susza, obserwowano obniżenie wartości większości badanych cech obiektów w porównaniu z rokiem 2002. Wystąpienie skrajnie odmiennych warunków środowiskowych umożliwiło ocenę reakcji mutantów na stres wodny i wybrać najbardziej tolerancyjne genotypy.

Słowa kluczowe: cechy morfologiczne, lędźwian siewny, mutanty, struktura plonu

Twenty grasspea forms obtained by mutagenesis from Polish cultivars Derek and Krab were evaluated for seven qualitative traits in field trials performed in the years 2002 and 2003. Two-factorial analysis of variance including objects and years was done. The interactions between these factors were significant for all the traits at the level $\alpha = 0.001$. In most cases the values characterizing the traits in mutants were lower than those in the initial cultivars. The differences were marked in both years of the study, but they were largely pronounced in 2003, presumably because of the additional stress caused by the long-lasting drought. The environmental conditions of the year 2003 made possible to assess a reaction of mutants to the drought stress, and to select the most tolerant genotypes.

Key words: grasspea, morphological traits, mutants, yield structure

WSTĘP

Stabilność form roślin i zwierząt związana jest z replikacją DNA, a właśnie struktura DNA i replikacja nici DNA warunkuje niezmiennność organizmów utrzymujących się z pokolenia na pokolenie. W wielu wypadkach stabilność ta może być zadziwiająco trwała. Pomimo istnienia mechanizmów warunkujących stabilność organizmów, istnieje jednak w tej dziedzinie duży margines, który daje możliwość zmian w organizacji informacji genetycznej i pojawienia się licznych perturbacji a więc różnych typów mutacji (Malinowski, 1974). Stwierdzenie mutagenicznych właściwości licznych fizycznych i chemicznych czynników spowodowało wyodrębnienie się badań nad mutacjami jako samodzielnej dziedziny genetyki ogólnej, co w aspekcie użytecznym zaowocowało uzyskaniem licznych mutantów roślin uprawnych wykorzystywanych do tworzenia nowych, ulepszonych odmian mutacyjnych (Ahlowalia i Małuszyński, 2001; Ahlowalia i in., 2004). Zarejestrowane do czerwca 2000 roku 2250 odmian roślin ozdobnych i uprawnych zostały wykreowane z indukowanych mutantów (Małuszyński i in., 2000). W grupie odmian mutacyjnych roślin strączkowych (331 odmian) znajduje się tylko jedna odmiana lędzwanu siewnego charakteryzująca się wysoką tolerancją na suszę.

Lędzwan siewny w Polsce znany jest już od 200 lat, a w krajowym rolnictwie jego udział ma charakter marginalny. Mimo niewątpliwych zalet tego gatunku jak duża tolerancja na rodzaj gleb, unikalna odporność na suszę czy wysoka zawartość białka (do 30%), obecność szeregu niekorzystnych cech w decydującym stopniu limituje udział lędzwanu w strukturze zasiewów. Z uwagi na ograniczoną efektywność rekombinacji powodowaną niewielką zmiennością naturalną, nielicznych lokalnych populacji lędzwanu na Podlasiu, sięgnięcie po metodę indukowania mutacji daje możliwość poszerzenia istniejącej zmienności genetycznej cech użytkowych. Powinno to się przełożyć na wzrost skuteczności selekcji a w efekcie końcowym umożliwić uzyskanie ulepszonych odmian uprawnych. Stąd w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu zapoczątkowano prace nad indukowanymi mutacjami u lędzwanu siewnego. Prezentowana praca jest próbą oceny uzyskanej zmienności cech morfologicznych i struktury plonu u wybranych mutantów w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi w dwóch kolejnych latach doświadczeń polowych.

MATERIAŁ I METODY

W wyniku traktowania nasion krajowych odmian lędzwanu siewnego Derek i Krab światłem lasera i chemomutagenami (MNU i azydek sodu) uzyskano liczne mutanty tego gatunku. W latach 2002 i 2003 w doświadczeniu polowym analizowano zmienność siedmiu cech ilościowych u dwóch wspomnianych odmian wyjściowych i 20 wybranych mutantów lędzwanu siewnego. Doświadczenie prowadzone na polu doświadczalnym IGR PAN w Cerekwicy założono metodą bloków losowanych w trzech powtórzeniach. Nasiona wysiewano na poletka w rozstawie 30 × 20 cm. W okresie wegetacji prowadzono obserwacje wzrostu i rozwoju roślin, a po zbiorze u odmian wyjściowych i mutantów oceniano wysokość roślin, wysokość osadzenia najniższego od ziemi strąka, liczbę

rozgałęzień i strąków z rośliny, długość strąka oraz liczbę i masę nasion z rośliny. Analizowano po 15 roślin z każdego powtórzenia. Dla uzyskanych wyników przeprowadzono dwuczynnikową analizę wariancji (obiekty i lata) pod względem wszystkich cech. Ponadto dla wszystkich cech wyliczono wartości średnie dla wszystkich mutantów i ich form wyjściowych w obu analizowanych latach.

O ile rok 2002 charakteryzował się w miarę normalnym przebiegiem warunków pogodowych, to w roku 2003 wystąpił silny stres abiotyczny wywołany długotrwałą suszą w pierwszych miesiącach okresu wegetacji (tab. 1).

Tabela 1

Zestawienie sumy opadów (mm) w miesiącach oraz temperatur powietrza w okresie wegetacji w latach 2002–2003 dla regionu Wielkopolski (dane Szelejewo)
Rainfall (mm) in months and air temperatures during the vegetation periods in 2002 and 2003 for Great Poland region (data from Szelejewo)

Miesiąc Month	Opady (mm) Rainfall (mm)		Temperatura powietrza (°C) Air temperature (°C)	
	2002	2003	2002	2003
Marzec March	45,1	13,4	4,95	2,13
Kwiecień April	40,5	9,2	7,95	8,32
Maj May	73,5	34,6	16,61	8,32
Czerwiec June	28,8	7,1	17,63	19,32
Lipiec July	55,5	53,4	19,75	19,38
Sierpień August	66,4	3,6	19,29	20,50
Wrzesień September	51,8	27,6	12,99	14,95
Suma opadów i średnia temperatura Rainfall and average temperature	361,6	148,9	14,2	13,3

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie uzyskanych wyników przeprowadzono dwuczynnikową analizę wariancji (obiekty i lata) pod względem wszystkich cech. Oba czynniki istotnie różnicowały wszystkie cechy a interakcje obiekt $\times$ lata były istotne dla wszystkich cech na poziomie $\alpha = 0,001$ (tab. 2). Wartości średnich dla badanych cech mutantów, w poszczególnych latach badań w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi wskazują na znaczne zróżnicowanie cech (tab. 3). Szeroki zakres zmienności cech morfologicznych i struktury plonu lędźwianu siewnego po działaniu środków mutagenicznych uzyskali również inni autorzy (Nerkar, 1976; Singh i Chaturvedi, 1987; Kumar i Dubey, 1996; Das i Kundagrami, 2000; Waghmare i Mehra 2000a, 2000b; Waghmare, 2001; Talukda i Biswas 2002 i 2005). W badaniach Nerkar (1976), stosując również MNU, uzyskano mutanty lędźwianu siewnego charakteryzujące się zmianą pokroju roślin, terminu dojrzewania, zróżnicowaną

liczbą rozgałęzień, zmianą wielkości i kształtu liścia, barwy i budowy kwiatu oraz zmianą wielkości nasion i ich barwy. W przeprowadzonych badaniach dwa z mutantów (K 11 i K 37) w obydwu latach charakteryzowały się najniższą wysokością roślin w porównaniu z ich odmianą wyjściową Krab. Z uwagi na silną tendencję ledźwianu do wylegania i tworzenia zbyt bujnej biomasy (często kosztem redukcji plonowania roślin), wyżej wspomniane mutanty wydają się szczególnie interesujące z hodowlanego punktu widzenia. Stosując promieniowanie gamma (10 kr) Prasad i Das (1980) uzyskali mutanty o zredukowanej wysokości roślin, selekcionując między innymi formy karłowe o wyprostowanym pokroju. Ponadto mutant K 11 charakteryzował się w obydwu latach najniższą liczbą rozgałęzień spośród mutantów odmiany Krab. Wskazuje to na możliwość uzyskania form o zredukowanej wysokości roślin a towarzysząca temu obniżona liczba rozgałęzień może mieć istotne znaczenie dla bardziej równomiernego dojrzewania ledźwianu w kontekście jego niezdeterminowanego charakteru wzrostu.

Tabela 2

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

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Wysokość rośliny Plant height	Wysokość osadzenia najniższego strąka Height to the lowest pod	Liczba rozgałęzień z rośliny Number of branches per plant	Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant	Długość strąka Pod length	Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	Masa nasion z rośliny Weight of seeds per plant
Obiekty Objects (O)	21	106,2***	12,0***	10,6***	753,1***	0,2***	8031,2***	129,3***
2002 ¹	21	153,7***	17,9***	12,3***	782,1***	0,1***	7359,7***	166,3***
2003 ¹	21	39,2***	4,1***	4,8***	294,2***	0,1***	3410,0***	54,9***
Lata Years (Y)	1	83251,7***	1790,8***	640,2***	56345,6***	4,4***	413813,1*** *	6870,7***
O × Y	21	86,6***	10,1***	6,5***	323,2***	0,1***	2738,6***	92,0***
Błąd Error	88	5,7	0,8	1,6	42,1	0,01	472,3	12,6
2002	44	5,7	0,8	2,4	57,4	0,01	612,4	15,6
2003	44	5,8	0,7	0,8	26,8	0,01	332,2	9,5

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

¹ Rok; Year

Szczególnie szeroki zakres zmienności obserwowano dla liczby i masy nasion z rośliny. Oprócz długości strąka, wartości średnich pozostałych cech badanych form w roku 2003 były wyraźnie niższe niż w roku 2002, a zakres wartości skrajnych był z reguły węższy. Z wyjątkiem długości strąka dla pozostałych cech uzyskano wysokie wartości współczynników zmienności dla obu badanych lat zarówno, dla mutantów otrzymanych z odmiany Derek, jak i Krab (tab. 3). Wartości współczynnika zmienności podlegały znacznemu zróżnicowaniu a dla niektórych cech były wyższe w roku 2002 a dla innych w roku 2003 (np. dla wysokości roślin oraz liczby strąków i nasion z rośliny).

Tabela 3

Średnie w latach dla cech lędźwianu siewnego u mutantów i ich form wyjściowych Krab i Derek
Means for the years for traits in grasspea of mutants and initial cultivars Krab and Derek

Obiekty Objects	Wysokość roślin (cm) Plant height		Wysokość osadzenia najniższego strąka (cm) Height to the lowest pod		Liczba rozgałęzień z rośliny Number of branches per plant		Liczba strąków z rośliny Number of pods per plant		Długość strąka (cm) Pod length		Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant		Masa nasion z rośliny (g) Weight of seeds per plant	
	2002	2003	2002	2003	2002	2003	2002	2003	2002	2003	2002	2003	2002	2003
Krab	83,9	34,1	20,1	10,0	13,9	10,9	96,3	49,7	3,90	4,03	329,9	128,0	51,1	25,6
K3	85,5	34,7	16,0	11,5	15,2	12,0	145,6	61,9	3,60	3,80	306,5	165,0	51,3	22,2
K6	84,3	35,1	18,6	9,4	12,7	7,9	82,6	52,1	3,60	3,83	255,4	145,9	35,4	24,4
K7	83,6	32,6	21,4	12,4	13,2	9,0	74,1	37,2	3,60	3,93	208,6	102,3	36,0	19,4
K10	85,1	30,6	16,5	11,4	15,5	8,9	85,8	41,4	3,53	3,73	211,4	87,2	32,3	13,2
K11	70,9	27,5	16,9	9,9	9,7	6,9	66,8	30,6	3,70	4,13	195,6	82,9	36,6	15,6
K12	84,8	34,5	15,0	11,8	12,6	6,8	95,2	36,7	3,80	3,70	231,0	110,8	35,8	15,4
K13	84,6	25,6	21,4	9,6	13,4	10,7	82,6	44,0	3,60	3,80	180,8	100,5	33,8	19,1
K14	74,9	30,0	15,7	10,1	10,4	9,3	76,2	49,0	2,90	3,40	209,6	115,6	24,1	19,0
K25	88,5	32,3	21,7	12,5	16,3	8,6	105,4	41,7	3,40	3,80	233,7	97,8	39,3	16,7
K29	82,2	29,7	15,7	11,5	10,1	8,7	89,2	44,7	3,23	4,26	234,2	146,2	25,6	21,7
K37	72,0	28,4	14,8	12,8	10,5	7,5	93,1	38,2	3,56	4,03	344,3	126,0	37,4	17,8
K46	87,5	31,3	21,6	12,7	15,4	7,6	74,9	33,5	3,53	3,83	207,7	86,2	34,0	17,2
K50	91,9	29,7	21,2	10,8	15,5	7,5	87,4	35,1	3,50	3,96	190,7	96,0	31,6	20,1
K56	94,3	30,4	22,7	12,1	14,6	8,6	77,8	37,7	3,63	3,76	243,1	104,5	39,8	19,2
K59	85,0	42,7	19,7	12,9	12,9	8,3	84,7	64,4	3,70	3,56	205,4	136,0	38,6	23,5
K63	76,1	32,5	18,3	11,3	13,2	8,5	72,5	43,8	3,63	4,23	183,7	123,4	36,7	26,6
K64	83,8	35,7	20,1	13,6	15,2	8,9	79,7	49,0	3,76	4,30	247,1	138,2	47,0	29,6
V _K	7,7	12,3	14,7	10,8	16,0	15,0	20,6	21,5	6,0	6,3	18,8	21,0	18,1	21,2
Derek	92,5	33,3	20,6	11,1	12,7	7,8	99,7	59,9	3,33	3,83	342,4	200,9	34,5	24,9
D4	67,8	36,2	19,2	10,8	11,7	7,7	89,6	62,3	3,23	3,80	247,8	192,8	26,8	26,8
D11	73,2	30,3	18,8	11,1	11,3	8,3	77,3	53,1	3,30	3,83	209,2	171,9	24,6	22,5
D13	80,4	30,8	18,3	12,5	10,4	9,0	90,8	52,0	3,40	3,93	252,3	148,6	29,9	23,9
V _D	8,6	10,1	2,4	7,7	5,7	7,6	8,7	10,1	2,5	1,8	10,0	12,9	9,9	9,1
NIR; LSD $\alpha = 0,001$	3,92	3,96	1,43	1,43	2,57	1,49	12,47	8,52	0,17	0,17	40,72	30,00	6,50	5,06

V_D (V_K) — Współczynniki zmienności dla mutantów uzyskanych z odmiany Derek (Krab)

V_D (V_K) — Coefficients of variability for mutants derived from cv. Derek (Krab)

Głównym powodem obserwowanych różnic między latami było wystąpienie silnej suszy w roku 2003 (tab. 1) istotnie redukującej wartości badanych cech w porównaniu z rokiem 2002, mimo że według danych literaturowych lędźwian charakteryzuje się wysoką tolerancją na niedobór wody w glebie (Campbell i in., 1994; Przybylska, 1999; Ali M. Abd El-Moneim, 2000; Rybiński i Pokora, 2002). Dla obydwu lat i większości cech (zwłaszcza dla liczby i masy ziaren z rośliny) obserwowano mniejsze wartości cech u mutantów w porównaniu z ich formami wyjściowymi. Efekt ten był szczególnie widoczny w roku 2002, w którym wszystkie mutanty charakteryzowały się niższą masą ziaren z rośliny. Częściowo odmienną reakcję mutantów pod względem liczby i masy ziaren z rośliny obserwowano w roku 2003. W roku 2002 mutant K37 charakteryzował się mniejszymi wartościami wszystkich cech (poza liczbą nasion z rośliny) od odmiany Krab.

W roku 2003 różnice pomiędzy mutantami a odmianami wyjściowymi były nie tylko mniejsze, ale i dla większej liczby mutantów statystycznie nieistotne w porównaniu z rokiem 2002. Dla liczby i masy ziaren z rośliny liczba przypadków przewyższenia przez mutantą swojej formy wyjściowej w roku 2003 wynosiła kolejno 5 i 3. Wyniki te wskazują, że mimo generalnie niższych wartości cech mutantów w roku 2003 w warunkach suszy, obniżenie tych wartości w stosunku do odmian wyjściowych było mniejsze niż w roku 2002, a niektóre z mutantów plonowały powyżej swej odmiany wyjściowej. Efekt może być wynikiem większej tolerancji mutantów na warunki stresowe wywołane niedoborem wody, na co wskazują wyniki uzyskane dla mutantów K63, a zwłaszcza mutantów K64. Mutant ten w warunkach stresu wodnego w porównaniu ze swą odmianą wyjściową Krab charakteryzował się zarówno wyższą liczbą, jak i masą nasion z rośliny.

WNIOSKI

1. Czynniki — obiekty i lata istotnie różnicowały wszystkie cechy a interakcje między nimi były istotne dla wszystkich cech na poziomie $\alpha = 0,001$.
2. Pod względem cech struktury plonu w obu latach mutanty ustępowały swym formom wyjściowym Krab i Derek lub plonowały na ich poziomie.
3. W warunkach suszy mutanty reagowały mniej widocznym obniżeniem parametrów plonowania w porównaniu do ich odmian wyjściowych.
4. Wystąpienie skrajnie odmiennych warunków środowiskowych w obu latach umożliwiło ocenę reakcji mutantów na stres wodny i wybór najbardziej tolerancyjnych genotypów, do których zaliczyć można mutantów K63, a zwłaszcza K64.

LITERATURA

- Ahloowalia B. S., Małuszyński M. 2001. Induced mutations — a new paradigm in plant breeding. *Euphytica* 118: 167 — 173.
- Ahloowalia B. S., Małuszyński M., Nichterlein K. 2004. Global impact of mutation-derived varieties. *Euphytica* 135: 187 — 204.
- Ali M. Abd El-Moneim B., Dorrestein M., Mulugeta W. 2000. Improving the nutritional quality and yield potential of grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Food. Nutri. Bull.* 21 (4): 493 — 496.
- Campbell C. G., Mehra R. J., 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.
- Das P. K., Kundagrami S. W. 2000. Frequency and spectrum of chlorophyll mutations in grasspea induced by gamma rays. *J. of Genetics and Plant Breeding* 60 (2): 239 — 241.
- Kumar S., Dubey D.K. 1996. Divergence among induced mutants of grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *FABIAS Newsletter* 38/39: 33 — 36.
- Malinowski E. 1974. Problemy mutagenyzy na tle zadań genetyki i hodowli roślin. W: *Metodyka indukowania mutacji środkami chemicznymi u roślin uprawnych*. Red.: Ignacy Wiatroszak. Polska Akademia Nauk, Zakład Genetyki Roślin, Poznań 1974: 2 — 11.
- Małuszyński M., Nichterlein K., Van Zanten L., Ahloowalia S. 2000. Officially released mutant varieties — the FAO/IAEA database. *Mutation Breeding* 12: 1 — 84.
- Nerker Y. S. 1976. Mutation studies in *Lathyrus sativus*. *Indian J. Genetics and Plant Breeding* 36 (2): 223 — 229.

- Prasad A. B., Das A. K. 1980. Induced variants in *Khesari*. Indian J. Genetics and Plant Breeding 172: 172 — 175.
- Przybylska J. 1999. Lędzian siewny (*Lathyrus sativus* L.) jako potencjalna wartościowa roślina strączkowa. Post. Nauk. Roln., 1/99: 33 — 43.
- Rybiński W., Pokora L. 2002. Wpływ światła lasera helowo-neonowego i chemomutagenu (MNU) na zmienność cech lędzianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) w pokoleniu M₁. Acta Agrophysica 62: 127 — 134.
- Singh M., Chaturvedi S. N. 1987. Effectiveness and efficiency of mutagen alone or in combination with dimethyl sulphoxide in *Lathyrus sativus*. J. Agric. Sci. 57: 503 — 507.
- Talukda D., Biswas A. K. 2002. Characterisation of an induced mutants and its inheritance in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). Indian J. Genet. Plant Breed. 62 (4): 355 — 356.
- Talukda D., Biswas A. K. 2005. Induced seed colours and their inheritance in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). Indian J. Genetics and Plant Breeding 65 (2): 135 — 136.
- Waghmare V. N. 2001. Induced mutation in grasspea (*Lathyrus sativus* L.) I. Morphological mutations. Advances in Plant Sciences 14: 135 — 141.
- Waghmare V. N., Mehra B. B. 2000 a. Induced genetic variability for quantitative characters in grasspea. Indian J. Genetics and Plant Breeding 60 (1): 81 — 87.
- Waghmare V. N., Mehra B. B. 2000 b. Induced fibrous root mutants in *Lathyrus sativus*. Indian J. Genet. Plant Breed. 60 (2): 261 — 263.

JOANNA WOLIŃSKA¹JAN WOLIŃSKI²MAŁGORZATA WYRZYKOWSKA¹¹ Katedra Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Akademia Podlaska, Siedlce² Zakład Mechanizacji Rolnictwa, Akademia Podlaska, Siedlce

Zmienność i współzależność niektórych cech plonotwórczych gryki

Variation and correlations for some yield related characters of buckwheat

Gryka jest gatunkiem o dużym potencjale plonowania. Teoretycznie wyliczony plon sięga 20 t/ha. Obecnie otrzymuje się plony w granicach 0,5–2,5 t/ha. Tak duże wahania plonu są spowodowane cechami biologicznymi tego gatunku (duża zmienność cech) jak i warunkami pogodowymi w okresie wegetacji. Celem badań było porównanie zmienności cech plonotwórczych formy Red corolla i odmiany Hruszowska. Badania te są częścią prac hodowlanych nad otrzymaniem gryki o stabilnym plonie i zmniejszonej ilości zielonej masy, przydatnej do zbioru kombajnowego. Uzyskane wyniki wskazują, że odmiana Hruszowska odznacza się nieco większą zmiennością badanych cech niż Red corolla. Największą zmiennością odznaczają się: masa nasion z rośliny, masa rośliny i liczba nasion z rośliny. Najbardziej stabilnymi okazały się: liczba węzłów na pędzie głównym (Hruszowska $V = 14,50\%$, Red corolla $V = 12,34\%$), wysokość (Hruszowska $V = 18,53\%$, Red corolla $V = 12,74\%$), MTN (Hruszowska $V = 17,74\%$, Red corolla $V = 16,72\%$), wysokość I kwiatostanu (Hruszowska $V = 20,91\%$, Red corolla $V = 20,14\%$) i długość strefy kwitnienia (Hruszowska $V = 20,06\%$, Red corolla $V = 20,14\%$). Największe różnice w wielkości współczynnika zmienności wystąpiły u cech: liczba nasion z rośliny (Hruszowska $V = 78,95\%$, Red corolla $V = 50,93\%$) i masa nasion z rośliny (Hruszowska $V = 71,75\%$, Red corolla $V = 52,74\%$) i liczba nasion w pojedynczym kwiatostanie (Hruszowska $V = 52,11\%$, Red corolla $V = 46,11\%$). Obliczono współczynniki korelacji pomiędzy wybranymi cechami. Stwierdzono, że u obu form wysokość plonu z rośliny jest istotnie skorelowana z liczbą nasion z rośliny, liczbą kwiatostanów na roślinie i liczbą nasion w pojedynczym kwiatostanie. MTN jest istotnie i ujemnie skorelowana z masą nasion z rośliny, u Hruszowskiej ta korelacja jest dodatnia i nieistotna.

Słowa kluczowe: gryka, korelacje, plonowanie, zmienność

Buckwheat is a species of high yielding potential. The theoretically calculated crop amounted to 20 t/ha. Nowadays the crop ranges between 0.5 and 2.5 t/ha. Such large fluctuations are caused by biological features of the species (large variability of characters) and by weather conditions during vegetation. The aim of the study was to compare the variability of yield related characters of the Red corolla and Hruszowska varieties. The Hruszowska variety is one of the initial forms used to create Red corolla variety. The studies are a part of breeding work, aimed at a buckwheat variety with stable crop and decreased amount of green mass used for harvesting. The results showed that the Hruszowska variety was characterized by a slightly larger variability of the tested characters than Red corolla

variety. The largest variability was found in seed weight per plant, plant weight and number of seeds per plant. The most stable characters were as follows: number of nodes on main shoot (Hruszowska V = 14.50%, Red corolla V = 12.34%), plant height (Hruszowska V = 18.53%, Red corolla V = 12.74%), thousand seed weight (Hruszowska V = 17.74%, Red corolla V = 16.72%), height of the first inflorescence (Hruszowska V = 20.91%, Red corolla V = 20.14%) and length of florescence area (Hruszowska V = 20.06%, Red corolla V = 20.14%). The largest differences between coefficients of variation were proved in number of seeds per plant (Hruszowska V = 78.95%, Red corolla V = 50.93%), seed weight per plant (Hruszowska V = 71.25%, Red corolla V = 52.74%) and in the number of seeds in one inflorescence (Hruszowska V = 52.11%, Red corolla V = 46.11%). Correlation coefficients between selected characters were also calculated. Significant correlations between seed yield per plant and number of seeds per plant number of inflorescences per plant and number of seeds in one inflorescence were found in both varieties. Significant and negative correlations between thousand seed weight and seed weight per plant were also proved in the Red corolla variety, whereas the correlations were not significant in the Hruszowska variety.

Key words: buckwheat, correlation, variability, yield

WSTĘP

Gryka jest gatunkiem o dużym potencjale plonowania, teoretycznie wyliczona wysokość plonu to 20 t/ha (Alekseeva, 1989). Warunkiem otrzymania wysokich plonów u gryki jest utrzymanie dużej zmienności wewnątrzodmianowej oraz przebieg warunków pogodowych w okresie wegetacji. Długotrwały brak opadów powoduje wcześniejsze zasychanie znamienia słupków oraz wysychanie nektaru, przy długotrwałych opadach nektar jest rozwodniony, powoduje to zmniejszenie oblotu owadów zapylających i obniżenie plonu. Badania nad dziedziczeniem cech gryki, jakie prowadzono w Katedrze Hodowli Roślin i Nasiennictwa Akademii Podlaskiej w Siedlcach wykazały, że chów wsobny powodował tak silną depresję, iż w trzecim lub czwartym pokoleniu krzyżowania wsobnego nie otrzymywano nasion. Zaczęto poszukiwać form samopłodnych u gryki, by uniezależnić zapylenie od warunków pogodowych oraz podjęto próby otrzymania form tolerancyjnych na zmniejszenie zmienności w obrębie formy. Obecnie wzrasta zainteresowanie uprawą gryki jako rośliny alternatywnej dla zbóż z uwagi na jej walory smakowe jak i dietetyczne, dlatego podjęto badania nad cechami plonotwórczymi tego gatunku.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem użytym do badań była odmiana Hruszowska, która jest najczęściej uprawiana na glebach lekkich, została ona skreślona z Doboru Odmian. Jest to odmiana o średniej długości łodygi, niezbyt obfitym ulistnieniu, owocem jej jest brązowy orzeszek o MTN 24,5g Drugą formą była Red corolla otrzymana w wyniku krzyżowania odmian Hruszowska i Buriatska. Buriatska była populacją uprawianą w warunkach stepowych na terenie dawnego ZSRR. Charakteryzowała się dużym procentem roślin samopłodnych i różowym zabarwieniem okwiatu. Forma Red corolla charakteryzuje się czerwoną barwą listków okwiatu, wytwarza też więcej zielonej masy niż Hruszowska. Jest ona bardziej odporna na niesprzyjające czynniki atmosferyczne i jest tolerancyjna na zmniejszenie zmienności genetycznej w obrębie linii.

Doświadczenie założono w latach 2002–2004 na terenie wsi Rzeczyca (powiat Biała Podlaska) na glebie IV klasy bonitacyjnej, piaszczystej, o podłożu żwirowym, metodą bloków losowanych w czterech powtórzeniach. Zastosowano optymalną agrotechnikę. Do badań użyto 100 roślin z każdego poletka. Po zbiorze oceniono cechy mające wpływ na plonowanie gryki takie jak: masa rośliny, wysokość rośliny, wysokość osadzenia I kwiatostanu, długość strefy kwitnienia, średnicę I międzywęźla, średnicę międzywęźla pod I kwiatostanem, liczbę węzłów na pędzie głównym, liczbę kwiatostanów na roślinie, liczbę i masę nasion z rośliny, masę tysiąca nasion i liczbę nasion w pojedynczym kwiatostanie. Wyniki opracowano statystycznie.

WYNIKI I DYSKUSJA

Gryka charakteryzuje się dużą zmiennością wewnątrzgatunkową. Próby zmniejszenia zmienności w obrębie odmiany powodują obniżenie wysokości plonu (Alekseeva, 1989; Pauseva, 1990; Wolińska, 1996). Otrzymane wyniki przedstawiono w tabelach 1 i 2. Wskazują one, że Hruszowska odznacza się większą zmiennością w porównaniu z Red corolla.

Tabela 1

Średnie wartości i odchylenie standardowe cech plonotwórczych u badanych form gryki
Mean values and standard deviation of yield related characters in the tested buckwheat varieties

Cecha Trait	Hruszowska		Red corolla	
	$\bar{x}$	σ	$\bar{x}$	σ
Masa rośliny (g) Plant mass	42,88	23,8	44,26	20,60
Wysokość rośliny (cm) Plant height	128,08	32,71	140,20	35,30
Wysokość osadzenia I kwiatostanu (cm) Height I inflorescence	65,56	13,71	58,93	11,87
Długość strefy kwitnienia (cm) Length of florescence area	62,48	16,28	81,47	18,22
Grubość I międzywęźla (mm) Thickness I internode	7,46	1,36	,90	1,89
Grubość międzywęźla pod I kwiatostanem (mm) Thickness of the internode under the first inflorescence	4,11	1,15	3,95	1,24
Liczba węzłów Number of node	12,80	1,92	14,98	1,86
Liczba kwiatostanów na roślinie Number of inflorescences	85,20	43,50	88,18	41,22
Liczba nasion z rośliny Number of seeds/ plant	165,40	118,85	604,18	307,22
Masa nasion z rośliny (g) Yield of seeds/ plant	12,46	8,27	16,63	7,20
MTN (g) Weight 1000 seeds	24,92	4,22	23,02	3,83
Liczba nasion w I kwiatostanie Number of seeds per inflorescence	4,21	6,20	7,59	3,5

Tabela 2

Współczynniki zmienności cech plonotwórczych u badanych form gryki
Coefficients of variation for yield related characters in the tested buckwheat varieties

Cecha Trait	Hruszowska	Red corolla
	V%	V%
Masa rośliny (g) Plant mass	76,32	70,22
Wysokość rośliny (cm) Plant height	18,53	12,74
Wysokość osadzenia I kwiatostanu (cm) Height I inflorescence	20,91	20,14
Długość strefy kwitnienia (cm) Length of florescence area	26,06	20,21
Grubość I międzywęzła (mm) Thickness I internode	18,23	20,00
Grubość międzywęzła pod I kwiatostanem (mm) Thickness of the internode under the first inflorescence	27,98	28,45
Liczba węzłów Number of nodes	14,50	12,34
Liczba kwiatostanów na roślinie Number of inflorescences	48,94	46,75
Liczba nasion z rośliny Number of seeds	78,96	50,93
Masa nasion z rośliny (g) Yield of seeds	71,75	52,74
MTN (g) Weight 1000 seeds	17,74	16,72
Liczba nasion w I kwiatostanie Number of seeds per inflorescence	52,11	46,11

Obie formy wytworzyły rośliny o zbliżonej masie, Hruszowska średnio 42,88 g i Red corolla 44,26 g i wysokim współczynnikiem zmienności Hruszowska $V = 76,32\%$ i Red corolla $70,32\%$. Pozostałe cechy wegetatywne odznaczały się znacznie mniejszą zmiennością. Najbardziej stabilną cechą u obu form jest liczba węzłów na pędzie głównym. Jest to cecha pozwalająca ocenić podatność rośliny na wyleganie. Im więcej węzłów na pędzie głównym, tym roślina jest sztywniejsza (Alekseeva, 1989; Pauseva, 1990; Wolińska, 1996). Wysokość łodygi również jest cechą dość stabilną, ale u Hruszowskiej współczynnik zmienności ($18,53\%$) był wyższy niż u Red corolli ($12,74\%$). W badanych latach forma Red corolla wytworzyła łodygi znacznie wyższe 140,2 cm niż we wcześniejszych doświadczeniach (Wolińska, 1996; Wolińska, 2000), co potwierdzałoby jej mniejszą wrażliwość na suszę. Wysokość osadzenia I kwiatostanu pozwala określić rozmiar strefy owocowania a także ustalić wysokość koszenia ładu przy zbiorze kombajnowym. Zwiększenie wysokości koszenia pozwala uniknąć przepuszczania przez bęben młócający nieproduktywnej zielonej masy. Obie formy osadzają I kwiatostan na wysokości Hruszowska — 65,56 cm i Red corolla — 58,93 cm, u obu współczynniki zmienności tej cechy nie przekroczyły 21% . Długość strefy owocowania u Hruszowskiej charakteryzuje się większą zmiennością $V = 26,06\%$ przy średniej długości 62,46 cm niż u Red corolli $V = 20,21\%$ przy długości 81,47 cm. Średnice łodyg mają wpływ na sztywność rośliny i na opory cięcia. Red corolla wytworzyła szersze pierwsze międzywęzła

(9,90 mm) niż Hruszowska (7,46 mm), drugie o mniejszej średnicy (3,95 mm) niż Hruszowska (4,11 mm). Jest to cecha dość stabilna.

Cechy generatywne gryki charakteryzowały się większą zmiennością u obu badanych form. Obecnie dąży się do zmniejszenia liczby kwiatostanów na łodydze. Pozwoli to na zmniejszenie ilości zielonej masy. Zmienność tej cechy była u obu form zbliżona, podobnie jak i ich liczba, (Hruszowska $V = 48,94\%$ i 85,2 szt., Red corolla 46,75% i 88,18 szt. przy dużym odchyleniu standardowym). Liczba nasion z rośliny to jedna z najważniejszych cech plonotwórczych. U Hruszowskiej cecha ta charakteryzowała się największą zmiennością $V = 78,96\%$, przy średniej liczbie nasion 164,5 szt. i dużym odchyleniu standardowym 118,5. Zmienność tej cechy u Red corolli była znacznie mniejsza $V = 50,93\%$ przy średniej liczbie nasion 604,18 i $\sigma = 307,22$. Duża zmienność tej cechy utrzymuje się w latach pomimo prowadzenia selekcji na jej ustabilizowanie (Alekseeva, 1989; Wolińska, 2000). Masa nasion z rośliny odznacza się równie dużą zmiennością, choć różnice w wartości V są mniejsze (Hruszowska — 71,5%, Red corolla — 52,74%). Najbardziej stabilną cechą generatywną okazała się masa tysiąca nasion (MTN). Potwierdzają to badania wielu autorów (Alekseeva, 1989; Fesenko, 1980; Pauseva, 1990; Wolińska, 2000). Jest to cecha odmianowa o niskim odchyleniu standardowym (Hruszowska $\sigma = 4,22$, Red corolla $\sigma = 3,83$), przy zbliżonej wartości średniej (Hruszowska — 24,92 i Red corolla — 23,02). Liczba nasion w pojedynczym kwiatostanie to nowa cecha selekcyjna. Zwiększenie liczby nasion w kwiatostanie pozwoli na zmniejszenie zielonej masy wytwarzanej przez roślinę bez obniżenia plonu nasion. Red corolla wytworzyła średnio 7,59 nasion i zmienność tej cechy ($V = 46,11\%$) jest niższa niż u Hruszowskiej ($V = 52,11\%$), u której cecha ta osiągnęła wartość 4,21 szt. Otrzymane wyniki wskazują na dużą zmienność badanych cech. Pozwala to wytłumaczyć niską skuteczność selekcji u tego gatunku.

Badano zależności pomiędzy poszczególnymi cechami (tab. 3). Stwierdzono, że cechy vegetatywne u obu badanych form są skorelowane istotnie. Najwyższe współczynniki korelacji uzyskano pomiędzy wysokością rośliny a masą rośliny (Hruszowska $r = 0,66$, Red corolla $r = 0,62$). Liczba nasion z rośliny u odmiany Hruszowska była istotnie skorelowana z masą i wysokością rośliny, z wysokością osadzenia I kwiatostanu, grubością I międzywęźla i liczbą kwiatostanów na roślinie. Red corolla wykazuje nieco inne zależności. Nie zaobserwowano związku pomiędzy liczbą nasion a wysokością osadzenia I kwiatostanu. Stwierdzono inną niż u Hruszowskiej istotną korelację pomiędzy liczbą nasion z rośliny a liczbą węzłów i grubością międzywęźli pod I kwiatostanem. U obu form wystąpiła istotna zależność pomiędzy liczbą i masą nasion z rośliny, u Hruszowskiej współczynnik korelacji był wyższy ($r = 0,96$) niż u Red corolla ($r = 0,44$). Masa nasion z rośliny u Red corolla nie wykazuje zależności od pozostałych cech. U Hruszowskiej stwierdzono, że cecha ta istotnie jest skorelowana jeszcze z wysokością rośliny ($r = 0,47$) i z liczbą kwiatostanów ($r = 0,77$). MTN u obu badanych form była istotnie i ujemnie skorelowana z grubością łodygi, ponadto u Red corolli cecha ta jest istotnie ujemnie skorelowana z liczbą kwiatostanów na roślinie.

Tabela 3

Współczynniki korelacji między wybranymi cechami gryki Hruszowska (nad przekątną) i Red corolla (poniżej przekątnej)

Correlation coefficients between some traits of buckwheat: variety Hruszowska (above diagonal) and Red corolla (under diagonal)

Zmienna Variable	A	B	C.	D	E	F	G	H	I	J	K
A - Masa rośliny Plant mass		0,66*	0,08	0,45*	0,41*	0,54*	0,45*	0,22*	0,08	0,11	-0,23*
B - Wysokość rośliny Plant height	0,62*		0,58*	0,20*	0,08	0,24*	0,52*	0,47*	0,47*	0,12	-0,19*
C - Wysokość osadzenia I Height I inflorescence	0,05	0,62*		0,70*	0,34*	0,23*	0,38*	0,47*	-0,06	-0,07	0,16*
D - Grubość I międzywęźla Thickness I internode	0,35*	0,25*	0,10		0,39*	0,23*	0,33*	0,32*	-0,09	-0,13*	0,15*
E - Grubość międzywęźla pod I kwiatostanem Thickness I internode under the 1 st inflorescence	0,21*	0,29	0,05	0,39*		0,20*	0,31*	0,09	-0,04	-0,11*	-0,19*
F - Liczba węzłów Number of nodes	0,49*	0,60*	0,42*	0,23*	0,22*		0,03	-0,10	-0,13	-0,07	-0,04
G - Liczba kwiatostanów Number of inflorescences	0,35*	0,35*	0,05	0,38*	0,36*	0,38*		0,77*	0,77*	-0,05	-0,31*
H - Liczba nasion z rośliny Number of seeds/ plant	0,21*	0,10	0,02	0,42*	0,13*	0,21*	0,41*		0,96*	-0,03	0,65*
I - Masa nasion z rośliny Yield of seeds/ plant	-0,04	0,03	-0,09	-0,08	-0,08	0,01	-0,04	0,44*		0,15	0,06
J - MTN Weight 1000 seeds	0,03	0,01	0,01	-0,13*	-0,14*	0,03	-0,15*	-0,11*	0,08		-0,04
K - Liczba nasion w I kwiatostanie Number of seeds per inflorescence	-0,11*	-0,19*	-0,09	0,13*	-0,13*	-0,06	-0,22*	0,71*	0,08	-0,06	

A — Masa rośliny; Plant mass

B — Wysokość rośliny; Plant height

C — Wysokość osadzenia I kwiatostanu; Height I inflorescence

D — Grubość I międzywęźla; Thickness I internode

E — Grubość międzywęźla pod I kwiatostanem; Thickness I internode under the 1st inflorescence

F — Liczba węzłów; Number of nodes

G — Liczba kwiatostanów; Number of inflorescences

H — Liczba nasion z rośliny; Number of seeds per plant

I — Masa nasion z rośliny; Yield of seeds per plant

J — MTN; Weight 1000 seeds

K — Liczba nasion w I kwiatostanie; Number of seeds per inflorescence

*Korelacje istotne; Significant correlation

Liczba nasion w pojedynczym kwiatostanie u obu form jest skorelowana istotnie z liczbą nasion na roślinie (Hruszowska $r = 0,65$, Red corolla $r = 0,71$), zaś ujemnie z liczbą kwiatostanów (Hruszowska $r = -0,31$, Red corolla $r = 0,22$). Wpływ pozostałych cech na liczbę nasion w pojedynczym kwiatostanie był mniej istotny i podobny u obu badanych form. Okres badań jest zbyt krótki, dlatego wymagają one kontynuacji.

WNIOSKI

1. U badanych form większą zmiennością cech plonotwórczych charakteryzowała się odmiana Hruszowska niż forma Red corolla, co może być wynikiem prowadzonych prac hodowlanych nad stabilizacją cech u Red corolla.
2. Masa tysiąca nasion, liczba węzłów na pędzie głównym, wysokość i średnice międzywęzli to cechy najbardziej stabilne u obu form.
3. Największą zmiennością odznaczają się cechy plonotwórcze: liczba i masa nasion z rośliny.
4. Korelacje pomiędzy badanymi cechami u obu form wykazują istotne podobieństwo, choć wartość współczynników korelacji jest różna. Najwyższe współczynniki korelacji otrzymano dla wysokości i masy rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny. Nie stwierdzono wpływu masy tysiąca nasion na wysokość plonu gryki.
5. Badania powinny być kontynuowane w celu otrzymania odmiany o stabilnym plonie, wytwarzającej mniej zielonej masy, przydatnej do zbioru kombajnowego.

LITERATURA

- Alekseeva E. S., Pauseva Z. P. 1989. Genetika selekcja i semenovodstvo greczichi. G.I.I.O. Wyzsa Skola Kiev.
- Fesenko N. V. 1980. Genetic precondition for buckwheat breeding. Buckwheat 1: 29 — 30.
- Pauseva Z. P., Doncova T. V. 1990. Varirivanie chazaistvocennykh priznakov greczichi. Sel-choz. Akad. Izvest. Timirazev 6: 58 — 62.
- Wolińska J. 1996. Zmienność i współzależność niektórych cech u gryki. Biul. IHAR 200: 223 — 227.
- Wolińska J., Wyrzykowska M., Ziemińska J. 2000. Odziedziczalność wybranych cech u gryki. Biul. IHAR 216: 453 — 461.

LESZEK DOMAŃSKI
EWA ZIMNOCH-GUZOWSKA
MARIA DOMAŃSKA
HENRYKA JAKUCZUN

Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka
Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów

Efekt heterozji diploidalnego rodu ziemniaka DG.97-943 typu „cold-chipping” tworzącego gamety $2n$

The effect of heterosis of diploid potato clone DG.97-943 of cold chipping type and producing $2n$ gametes

W 2004 roku, w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów, oceniono przydatność diploidalnego rodu DG.97-943 do tworzenia wartościowych tetraploidalnych materiałów hodowlanych typu „cold chipping” w drodze krzyżowań interploidalnych $4x-2x$. Przedmiotem badań było potomstwo dwóch rodzin, pochodzących z krzyżowań diploidalnego rodu DG.97-943 z tetraploidalnymi rodami M-62741 i M-62805. Każdą rodzinę, reprezentowaną przez 15 rodów, porównano do rodziców i dwóch odmian Saturna i Snowden, stanowiących wzorzec dobrej przydatności do przetwórstwa na chipsy. Ocenianymi cechami bulw były: ogólny i handlowy plon bulw, zawartość skrobi, głębokość oczek, barwa chipsów wytwarzanych bezpośrednio z bulw przechowywanych w $4-6^{\circ}\text{C}$ przez trzy miesiące. W badanych potomstwach stwierdzono heterozję ogólnego i handlowego plonu bulw. Średni ogólny plon bulw potomnych mieszańców przekraczał plon o 8,8% w porównaniu do wyżej plonującego rodzica oraz o 29,1% w odniesieniu do tetraploidalnego wzorca. Frekwencja klonów typu „cold chipping”, tj. klonów o jasnej barwie chipsów po przechowaniu bulw w niskich temperaturach $4-6^{\circ}\text{C}$ (oceny $\geq 6,4$, odm. Snowden) i jednocześnie o poziomie cech użytkowych i odpornościowych (PVY, PLRV) przekraczającym wartości progowe w półrodzeństwie $4x-2x$ rodu DG.97-943 wynosiła 12,6%, podczas gdy w potomstwach $4x-4x$ równolegle ocenianych innych rodziców $4x$ wynosiła przeciętnie 3,6%.

Słowa kluczowe: barwa chipsów, gamety $2n$, heterozja, hodowla ziemniaka

In 2004, at the Młochów Research Centre of Plant Breeding and Acclimatization Institute, the ability of the diploid parental line DG.97-943 was assessed to generate valuable tetraploid breeding material of cold chipping type using interploid hybridization $4x-2x$. The progeny of two families originated from crosses of the parental line DG.97-943 with tetraploid clones M-62741 and M-62805 was used for the study. Each family, represented by 15 clones was compared to the parents and two cultivars Saturna and Snowden, being the standards of good suitability for processing into chips. The following traits of tubers tested were: total and marketable yield, starch content, depth of eyes, colour

of chips produced directly from tubers stored at 4–6°C for three months. The heterosis was found for total and marketable tuber yield in the tested progenies. Mean total yield of tetraploid hybrids from the 4x–2x crosses exceeded that for better parent by 8.8 per cent and that for tetraploid standard by 29.1 per cent. The frequency of cold chipping clones having light chip colour after cold storage at 4–6°C (scores ≥ 6.4 , cv. Snowden) and the level of agronomic and resistance (PVY, PLRV) traits above target values in 4x–2x half sib family of the clone DG.97-943 was 12.6 per cent, while in the 4x-4x progenies of other 4x parents tested at the same time was 3.6 per cent on average.

Key words: chip colour, 2n gametes, heterosis, potato breeding

WSTĘP

Prace hodowlane na diploidalnym poziomie doprowadziły do uzyskania złożonych mieszańców międzygatunkowych ziemniaka, które łączą odporność na podstawowe patogeny z wysoką przydatnością bulw do przetwórstwa na chipsy bezpośrednio po przechowaniu bulw w niskich temperaturach i jednocześnie posiadają zdolność do tworzenia męskich gamet (2n) o niezredukowanej liczbie chromosomów (McHale i Lauer, 1981; Zimnoch-Guzowska, 2003; Jakuczun i Wasilewicz-Flis, 2004). Tego typu diploidalne rody stanowią nową generację materiałów wyjściowych do hodowli odmian. Wygodnym i bardzo efektywnym narzędziem do przeniesienia potencjału genetycznego diploidalnych komponentów rodzicielskich na potomstwo tetraploidalne z ograniczoną rekombinacją jest krzyżowanie interploidalne 4x-2x (Zimnoch-Guzowska i Dzięwońska, 1989; Thill i Peloquin, 1995; Hayes i Thill, 2002; Zimnoch-Guzowska, 2003).

Celem prezentowanych badań była wstępna ocena przydatności diploidalnego rodu DG.97-943 do tworzenia wartościowych materiałów hodowlanych typu „cold chipping” tj., takich, z których można produkować chipsy o jasnej barwie bezpośrednio z bulw przechowywanych w niskiej temperaturze 4-6°C.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono na potomstwie uzyskanym z przekrzyżowania diploidalnego rodu DG.97-943 typu „cold chipping” o funkcjonalnych męskich gametach 2n z dwoma tetraploidalnymi formami męcznymi M-62741, M-62805. Diploidalna forma ojcowska DG.97-943 powstała w efekcie 6 cykli hodowli rekombinacyjnej i teoretycznie zawiera w swoim rodowodzie około 69,5% *Solanum tuberosum*, 9,4% *S. phureja*, 9,3% *S. gourlayi*, 9,0% *S. chacoense*, 2,8% *S. yungasense*. Ród ten charakteryzuje się wysoką zawartością skrobi, jasną barwą chipsów zarówno po przechowaniu bulw w 4–6°C, jak i po zabiegu rekondycjonowania, poprawną morfologią bulw oraz niską skłonnością bulw do zielenienia w ekspozycji świetlnej. Ród DG.97-943 wykazuje wysoką odporność na: wirus X ziemniaka, *Phytophthora infestans*, *Synchytrium endobioticum*, *Globodera rostochiensis* (patotyp Ro1) oraz podwyższoną odporność na zgnilizny mieszane (*Erwinia* spp. i *Fusarium* sp.).

Formy męczne M-62741 i M-62805 charakteryzują się średnią zawartością skrobi (15,7–15,9%) oraz jasną barwą chipsów po zabiegu rekondycjonowania. Zestaw cech

odpornościowych obydwu rodów obejmuje odporność na: wirusy ziemniaka Y i X, *S. endobioticum* oraz *G. rostochiensis* (patotyp Ro1) (Domański i in., 2004 a).

Każda rodzina reprezentowana była w doświadczeniu polowym przez 15 nieselekcjonowanych rodów i została porównana do rodziców oraz dwóch odmian wzorcowych Saturna i Snowden. Odmiany te są uznanym międzynarodowym wzorcem dobrej przydatności do przetwórstwa na chipsy. W 2004 roku porównywane obiekty wysadzono na polu doświadczalnym Oddziału IHAR Młochów na 3-krzakowych poletkach, w dwóch powtórzeniach, w układzie bloków losowych kompletnych. W sąsiedztwie doświadczenia z mieszańcami krzyżowań 4x-2x wysadzono również jako materiał porównawczy ramsz z krzyżowań 4x-4x, w skład którego wchodziły półrodzeństwa tetraploidalnych rodów PS-1750 i H-33 oraz odmian Jupiter i Snowden. Osobniki w liczbie 455 z krzyżowań 4x-4x pochodziły z następujących krzyżówek: PS-1750 × Tokaj (60 klonów); PS-1750 × M-16 (100 klonów); Jupiter × PS-1742 (30 klonów); Jupiter × M-16 (90 klonów); Snowden × M-16 (55 klonów); Snowden × M-62805 (20 klonów); H-23 × Tokaj (25 klonów); H-73 × M-16 (75 klonów). Zastosowano typowy dla plantacji produkcyjnych ziemniaka jadalnego program nawożenia i ochrony przed agrofagami. Ocenianymi cechami bulw były: ogólny i handlowy plon bulw, zawartość skrobi, głębokość oczek, barwa chipsów wytwarzanych bezpośrednio z bulw przechowywanych w 4-6°C przez trzy miesiące. Chipsy produkowano laboratoryjnie, wycinając z 4 bulw / poletko po cztery plasterki o grubości 1,6 mm, które smażyono w frytownicy (wyposażonej w termoregulator) w oleju roślinnym do głębokiego smażenia, w temperaturze 180°. Barwę chipsów oceniano wizualnie w skali 1–9 wg kart barwnych IBVL (Wageningen), gdzie: 9 = ocena najlepsza.

Statystyczne opracowanie wyników obejmowało analizę wariancji oraz oszacowanie efektu heterozji w stosunku do średniej wartości rodziców ($\bar{SR}$), a także do lepszego rodzica (LR) i do średniej wartości tetraploidalnego wzorca (Saturna, Snowden). Frekwencję klonów typu „cold chipping”, tj. klonów o jasnej barwie chipsów po przechowaniu bulw w niskich temperaturach 4°–6°C (oceny $\geq$ oceny odm. Snowden) i jednocześnie o poziomie cech użytkowych i odpornościowych (PVY, PLRV) przekraczającym wartości progowe w półrodzeństwie 4x-2x rodu DG.97-943 oraz w potomstwie, równolegle ocenianych tetraploidalnych rodziców porównano za pomocą testu χ -kwadrat.

WYNIKI I DYSKUSJA

Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie badanych obiektów, zarówno rodów, jak i rodziców w obydwu ocenianych rodzinach pod względem pięciu cech (tab. 1). Zmienność „rodzice a rody” była istotna w przypadku ogólnego i handlowego plonu bulw, co świadczy o wystąpieniu heterozji tych cech. Pod względem ogólnego plonu bulw potomstwo kombinacji rodzicielskiej M-62741 × DG.97-943 przewyższało lepszego rodzica o 5,2%, natomiast potomstwo kombinacji M-62805 × DG.97.943 o 12,1% (tab. 2). Przewaga potomstwa pod względem tej cechy w porównaniu do średniej odmian wzorcowych Saturna i Snowden była znacząca i wyniosła odpowiednio 18,5% i 39,7%.

Tabela 1

Analiza wariancji (średnie kwadraty) dla plonu bulw, zawartości skrobi, głębokości oczek i barwy chipsów rodów ziemniaka uzyskanych z krzyżowań 4x-2x
Analysis of variance (mean squares) for tuber yield, starch content, depth of eyes and chip colour of potato clones derived from 4x-2x crosses

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Ogólny plon bulw Total tuber yield	Plon handlowy bulw Marketable tuber yield	Zawartość skrobi Starch content	Głębokość oczek Depth of eyes	Barwa chipsów 4°-6°C Chip colour
kombinacja rodzicielska: M-62741 × DG.97-943 parental combination: M-62741 × DG.97-943						
Obiekty Entries	18	1,09**	1,40**	8,65**	0,40**	2,42**
Rody Clones	14	0,83**	0,94**	10,20**	0,49**	2,92**
Rodzice Parents	1	3,05**	4,75**	9,61**	0,25	1,82*
Wzorce Standard cvs	1	0,16	0,28	0,09	0,00	0,20
Rodzice a rody Parents vs clones	1	4,01**	6,42**	3,21*	0,03	0,72
Wzorce a rody Standard cvs vs clones	1	1,27*	0,97*	0,15	0,01	0,00
Błąd Error	18	0,14	0,14	0,64	0,09	0,36
kombinacja rodzicielska: M-62805 × DG.97-943 parental combination: M-62805 × DG.97-943						
Obiekty Entries	18	2,98**	2,91**	2,54**	2,97**	0,68**
Rody Clones	14	2,55**	2,42**	2,13*	0,17**	0,44**
Rodzice Parents	1	4,58**	7,08**	10,56**	0,49**	3,42**
Wzorce Standard cvs	1	0,16	0,28	0,09	0,00	0,20
Rodzice a rody Parents vs clones	1	8,63**	9,16**	0,75	0,10	0,04
Wzorce a rody Standard cvs vs clones	1	5,90**	3,72**	4,56*	0,03	0,01
Błąd Error	18	0,46	0,37	0,71	0,05	0,13

*, ** — Istotne odpowiednio przy $\alpha = 0,05$ i $0,01$

*, ** — Significant at $\alpha = 0.05$ and 0.01 , respectively

Doniesienia o heterozji plonu względem wyżej plonującego rodzica, jakie uzyskano dzięki wykorzystaniu gamet $2n$ są dość liczne (Hanneman i Peloquin, 1969; De Jong i Tai, 1977, Mendinburu i Peloquin, 1977; De Jong i Tai, 1991; Buso i in., 1999). W badaniach naszych stwierdzono także niewielką heterozję plonu handlowego w odniesieniu do wyżej plonującego rodzica. Heterozja plonu tłumaczona jest przeniesieniem heterozygotyczności diploidalnego rodzica przez gamety $2n$. Wskazuje się również na komplementarny efekt dwu właściwości, dużej liczby bulw, wnoszonej przez diploidalnego rodzica oraz dużej wielkości bulwy, którą wnosi rodzic tetraploidalny (De Jong i Tai, 1977). Tetraploidalne

formy rodzicielskie zastosowane w prezentowanych badaniach charakteryzowały się dużą wielkością bulw (Domański i in., 2004 a, b).

Tabela 2

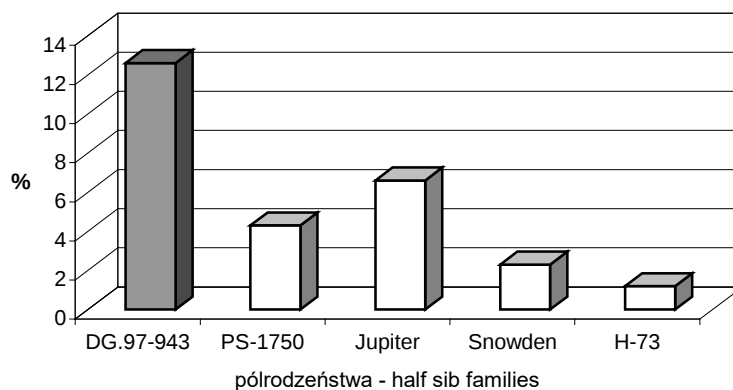
Obecność efektu heterozji potomstwa 4x-2x w stosunku do średniej rodziców (ŚR), lepszego rodzica (LR) i do tetraploidalnego wzorca (WZ) w odniesieniu do plonu bulw, zawartości skrobi, głębokości oczek i barwy chipsów (4°–6°C)

The presence of heterosis of 4x-2x progenies in relation to: mid-parent (MP), better parent (BP) and tetraploid standard cvs (CVS) for: tuber yield, starch content, depth of eyes and chip colour (4°–6°C)

Kombinacja rodzicielska Parental combination	Matka Female	Ojciec Male	F ₁	% ŚR % MP	% LR % BP	% WZ % CVS
ogólny plon bulw — total tuber yield						
M-62741 × DG.97-943	3,66	1,91	3,85	138,0	105,2	118,5
M-62805 × DG.97-943	4,05	1,91	4,54	152,3	112,1	139,7
handlowy plon bulw — marketable tuber yield						
M-62741 × DG.97-943	3,40	1,22	3,66	158,4	107,6	116,6
M-62805 × DG.97-943	3,88	1,22	4,16	163,1	107,2	132,5
zawartość skrobi — starch content						
M-62741 × DG.97-943	15,85	18,95	16,45	94,5	86,8	98,8
M-62805 × DG.97-943	15,70	18,95	17,79	102,7	93,9	106,8
głębokość oczek — depth of eyes						
M-62741 × DG.97-943	6,80	6,30	6,46	98,6	95,0	100,9
M-62805 × DG.97-943	7,00	6,30	6,48	97,4	92,6	101,3
barwa chipsów (4°–6°C) — chip colour (4°–6°C)						
M-62741 × DG.97-943	5,95	7,30	6,17	93,1	84,5	99,8
M-62805 × DG.97-943	5,20	7,30	6,15	98,4	84,2	99,5

W przypadku pozostałych analizowanych cech nie obserwowano heterozji ani w stosunku do średniej rodziców, ani do lepszego rodzica. Średnie wartości tych cech dla potomstwa z obu rodzin były na poziomie odmian wzorcowych. Frekwencja rodów „cold chipping”, o poziomie cech użytkowych i odpornościowych powyżej wartości progowych, w półrocznym diploidalnej linii rodzicielskiej DG.97-943 wyniosła 12,6%, podczas gdy w ramszu z krzyżowań 4x-4x wahała się od 1,2% do 6,6% wyjściowej liczby siewek (rys. 1). Uzyskane przez nas wyniki, jak również wyniki wcześniejszych prac (Hayes i Thill, 2002; Esplin i Thill, 2004) wskazują na udany transfer cechy jaką jest „cold chipping” do tetraploidalnych materiałów hodowlanych za pomocą gamet 2n w krzyżowaniach 4x-2x.

Linia rodzicielska DG.97-943 wykazała dobrą przydatność do tworzenia perspektywicznych materiałów hodowlanych. Przy zastosowanych kryteriach selekcji, uwzględniających jakość bulw, wysokość plonu ogólnego i handlowego oraz co najmniej średni poziom odporności na wirusy liściozwoju i Y ziemniaka wyselekcjonowano z 95 siewek 7 wartościowych rodów (tab. 3). Zidentyfikowane w tych badaniach genotypy „cold chipping”, po przeprowadzeniu dalszej waloryzacji cech użytkowych i odpornościowych, przyczynią się do poszerzenia puli tetraploidalnych materiałów wyjściowych do hodowli nowych udoskonalonych odmian ziemniaka przydatnych w przetwórstwie spożywczym. W potomstwie tego typu form rodzicielskich Thill i Peloquin (1999) stwierdzili wyższą frekwencję osobników o jasnej barwie chipsów zarówno bezpośrednio po przechowaniu bulw w temperaturze 4°C, jak i po zabiegu rekondycjonowania.



Rys. 1. Frekwencja rodów „cold chipping” w półrodzeństwie 2x linii rodzicielskiej DG.97-943 na tle półrodzeństw kilku tetraploidalnych rodziców
Fig. 1. Frequency of cold chipping clones in the half sib tetraploid family of the 2x parental line DG.97-943 compared to half sib families of several tetraploid parents

Tabela 3

Charakterystyka wyróżniających się rodów uzyskanych z krzyżowań 4x-2x
Characteristics of the outstanding selections derived from 4x-2x crosses

Ród Clone	Plon bulw (kg / 3 rośliny) Tuber yield (kg / 3 plants)		Zawartość skrobi (%) Starch content (%)	Głębokość oczek (sk. 1-9, 9 = b. płytkie) Depth of eyes (sc. 1-9, 9 = v. shallow)	Barwa chipsów (sk. 1-9, 9 = jasne) po przechowaniu bulw przez 3 miesiące w temperaturze Chip colour (sc. 1-9, 9 = light) after three months storage at temperature	
	ogólny total	handlowy marketable			4-6°C	4-6°C
					bez rekondycjonowania without reconditioning	z rekondycjonowaniem with reconditioning
M-4	6,17	5,78	19,2	6,4	6,1	6,9
M-9	5,78	5,07	18,2	6,3	6,0	6,6
M-13	4,17	4,08	18,7	7,0	6,7	7,4
M-19	3,84	3,57	16,9	6,3	6,9	7,4
M-25	4,68	4,53	18,2	6,5	6,3	7,1
M-28	3,75	3,56	15,0	7,0	7,4	7,8
M-29	4,28	4,10	18,7	7,3	6,4	6,7
Saturna	3,05	2,87	16,8	6,4	6,0	6,6
Snowden	3,45	3,40	16,5	6,4	6,4	6,9
NIR _{0,05}	0,31	0,28	0,44	0,18	0,26	0,23
LSD _{0,05}						

WNIOSKI

Diploidalna forma ojcowska DG.97-943, produkująca gamety męskie 2n, będąca efektywnym zapylaczem w krzyżowaniach 4x-2x, wykazała dobrą przydatność do tworzenia wartościowego tetraploidalnego potomstwa. Przydatność ta wyrażała się poprzez:
 — heterozję ogólnego i handlowego plonu bulw,

- wysoką frekwencję osobników o jasnej barwie chipsów, uzyskiwanych z bulw przechowywanych w niskich temperaturach 4–6°C,
- podwyższoną frekwencję rodów spełniających kryteria selekcji zarówno pod względem jakości bulw, jak i plonu.

LITERATURA

- Buso J. A., Boiteux L. S., Peloquin S. J. 1999. Multitrait selection system using populations with a small number of interploid ($4x \times 2x$) hybrid seedlings in potato: degree of high-parent heterosis for yield and frequency of clones combining quantitative agronomic traits. *Theor. Appl. Genet.* 99: 81 — 91.
- De Jong H., Tai G. C. C. 1977. Analysis of $4x-2x$ hybrids in cultivated potatoes. *Potato Res.* 20: 111 — 121.
- De Jong H., Tai G. C. C. 1991. Evaluation of potato hybrids obtained from tetraploid-diploid crosses. I. Parent-offspring relationships. *Plant Breed.* 107: 177 — 182.
- Domański L., Zimnoch-Guzowska E., Domańska M., Jakuczun H., Zgórska K., Frydecka-Mazurczyk A. 2004a. The development of cold chipping potato parental lines for breeding cultivars suitable for processing. *Plant Breeding and Seed Science* 49: 91 — 100.
- Domański L., Zimnoch-Guzowska E., Domańska M., Zgórska K., Paczkowska M. 2004 b. The germplasm release of M-62774 and M-62805, two potato clones with cold-sweetening resistance. *Folia Horticulturae* 16/2: 33 — 40.
- Esplin D. L., Thill C. A. 2004. Selection for cold chipping genotypes in populations derived by sexual polyploidization. *Amer. J. Potato Res.* 81: 58 (Abstr.).
- Hanneman R. E., Peloquin S. J. 1969. Use of Phureja and haploids to enhance the yield of cultivated tetraploid potatoes. *Amer. Potato J.* 46: 436 (Abstr.).
- Hayes R. J., Thill C. A. 2002. Introgression of cold (4C) chipping from $2x$ (2 Endosperm Balance Number) potato species into $4x$ (4 EBN) cultivated potato using sexual polyploidization. *Amer. J. Potato Res.* 79: 421 — 431.
- Jakuczun H., Wasilewicz-Flis I. 2004. Ziemniak diploidalny źródłem cech jakościowych w hodowli. *Zesz. Prob. Post. Nauk Roln.* 500: 127 — 136.
- McHale N.A., Lauer F.I. 1981. Breeding value of $2n$ pollen diploid from hybrids and Phureja in $4x-2x$ crosses in potatoes. *Amer. Potato J.* 58: 365 — 374.
- Mendinburu A. O., Peloquin S. J. 1977. The significance of $2n$ gametes on potato breeding. *Theor. Appl. Genet.* 49: 53 — 61.
- Thill C. A., Peloquin S. J. 1995. A breeding method for accelerated development of cold chipping clones in potato. *Euphytica* 84: 73 — 80.
- Thill C. A., Peloquin S. J. 1999. The identification of superior parents having 25% *Solanum tarijense* and used to develop cold chipping progeny. In: 14th Triennial Conference of the European Association for Potato Research. Abstracts of Conference Papers, Posters and Demonstrations. Sorrento, Italy, 2–7 May 1999. Assessorato Regione Campania, Italy: 327 — 328.
- Zimnoch-Guzowska E., Dziewońska M. A. 1989. Breeding potatoes at the diploid level. In: Parental line breeding and selection in potato breeding. Proceedings of the joint Conf. of the EARR Breeding and EUCARPIA Potato Sect., Wageningen. The Netherlands 11–16 Dec. 1988: 163 — 171.
- Zimnoch-Guzowska E. 2003. Wykorzystanie form diploidalnych ziemniaka w pracach hodowlanych i genetycznych. *Post. Nauk Roln.* 1/2003: 47 — 66.

PAWEŁ NOWACZYK

LUBOSŁAWA NOWACZYK

Akademia Techniczno-Rolnicza w Bydgoszczy

Zakres zmienności i współzależność cech
owoców typu soft flesh mieszańców
międzygatunkowych
Capsicum frutescens L. × *Capsicum annuum* L.

**The range of variation and correlation of the soft flesh fruit traits in interspecific
hybrids *Capsicum frutescens* L. × *Capsicum annuum* L.**

Owoce typu soft flesh są dobrym surowcem do produkcji soków i przecierów. Materiałem badawczym były owoce pochodzące z 50 genotypów pokolenia F₅ mieszańców między *Capsicum frutescens* L. × *Capsicum annuum* L. Ustalono zakres zmienności cech technologicznych oraz ich współzależność. Masa owocu zawierała się w granicach 13–141 g, długość 34–193 mm, szerokość 23–130 mm, masa łożyska 0,6–6,3 g, masa nasion 1,11–3,81 g a grubość ścian 2,42–7,31 mm. Największą zmiennością charakteryzowały się masa owocu oraz masa łożyska. Współczynniki korelacji wielu par cech miały różny poziom w grupach genotypów o średniej masie owoców do i powyżej 40 g.

Słowa kluczowe: macierz korelacji, współczynnik zmienności

The soft flesh fruits are a good raw material for juice and pulp production. The fruits of 50 genotypes F₅ generation of interspecific hybrids *Capsicum frutescens* L. × *Capsicum annuum* L. were used as the experimental material. The ranges of variation of technological traits and correlation between the traits have been determined. The minimal and maximum levels of genotypes traits were as follows: fruit weight 13–141 g, length 34–193 mm, width 23–130 mm, placenta weight 0.6–6.3 g, seeds weight 1.11–3.81 g and wall thickness 2.42–7.31 mm. The largest variation was characteristic of the fruit weight and placenta weight. The coefficients of correlation between the traits analyzed in pairs differed for genotype groups of the mean fruit weight up to 40 g and above 40 g.

Key words: correlation matrix, variation coefficient

WSTĘP

Cecha soft flesh warunkowana dominującym allelem S (Lippert i in., 1965), ujawnia się fenotypowo mięknięciem miąższu owoców po osiągnięciu dojrzałości fizjologicznej. Miękka tkanka perykarpu może być łatwo oddzielana od niejadalnych części owoców,

takich jak łożysko z nasionami, przegrody wewnątrz owocu oraz skórka. Separacja jest procesem mechanicznym polegającym na przetarciu rozdrobnionych owoców przez sita odpowiedniej wielkości oczek. Nie ma konieczności stosowania wysokiej temperatury. Uzyskany produkt zachowuje zatem pełnię walorów smakowych, czynnego biologicznie artykułu spożywczego.

Wykorzystanie owoców soft flesh jako surowca do produkcji soków lub koncentratów uzależnione jest od ich technologicznej przydatności. Zespół cech, który należy w tym zakresie uwzględnić obejmuje średnią masę oraz wymiary owoców. Istotne znaczenie ma także grubość ścian oraz masa części niejadalnych, to znaczy łożyska i nasion.

Biorąc powyższe pod uwagę podjęto badania nad mieszańcami międzygatunkowymi *Capsicum frutescens* L. × *Capsicum annuum* L. Przedmiotem niniejszego opracowania były genotypy pokolenia F₅ wymienionych mieszańców, a celem badań było określenie poziomu cech, zakresu ich zmienności oraz wzajemnej zależności.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były dojrzałe fizjologicznie owoce 50 genotypów pokolenia F₅ międzygatunkowych mieszańców *Capsicum frutescens* L. × *Capsicum annuum* L., wybranych z populacji 400 roślin mieszańcowych uprawianych w namiotach foliowych. Kryterium wyboru było zróżnicowanie wielkości i kształtu owoców. Każdy z wybranych pojedynków był reprezentowany przez 3 losowo wybrane owoce poddane pomiarom masy, długości, szerokości oraz grubości ścian, masy łożyska i masy nasion. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie określając zakres poziomu cech, wartość współczynników zmienności oraz współczynników korelacji między badanymi cechami owoców. Ustalenia powyższe przeprowadzono dla całości populacji jak też oddzielnie dla dwóch utworzonych grup genotypów. Kryterium podziału na dwie, równe liczebnie grupy, była średnia masa owocu wynosząca 40 g.

WYNIKI I DYSKUSJA

Zasadniczym celem tworzenia mieszańców międzygatunkowych jest powiększanie zmienności rekombinacyjnej. Scharakteryzowane dotychczas populacje typu soft flesh *Capsicum frutescens* L. (Nowaczyk i Nowaczyk, 2004) wykazywały pewne różnice fenotypowe i technologiczne. Były one jednak zdecydowanie mniejsze niż obserwowane w prezentowanych tu badaniach, w których jako obiekty wykorzystano genotypy mieszańcowe. Analiza danych zawartych w tabeli 1 wskazuje na bardzo duże zróżnicowanie ocenionej populacji roślin. Różnica między wartościami skrajnymi sięgały dla masy owocu oraz masy łożyska dziesięciokrotności wartości minimalnej. Dla wymiarów owoców były to różnice około pięciokrotne. Najmniejsze różnice między wartościami skrajnymi stwierdzono dla masy nasion i grubości ścian. Poziom wartości cech, jak też zakres zmienności był znacznie większy niż obserwowany przez Sreelathakmuary i Rajamony (2003) dla uprawnych form *C. frutescens* L.

Tabela 1

Zakres zmienności cech
The range of traits variation

Cecha owocu Trait of fruit	Min	Max	Średnia Mean
Masa — Weight (g)	13,6	141,0	44,2
Długość — Length (mm)	34	193	101
Szerokość — Width (mm)	23	130	44
Masa łożyska — Placenta weight (g)	0,60	6,30	1,89
Masa nasion — Seed weight (g)	1,11	3,81	2,32
Grubość ścian — Wall thickness (mm)	2,42	7,31	4,38

Jak podano w metodzie badań kryterium podziału materiału badawczego na dwie grupy była średnia masa owocu. Jako wartość graniczną przyjęto masę 40 g. Dzieliła ona oceniane genotypy na dwie części o takiej samej liczbie pojedynków. Jednocześnie ten poziom omawianej cechy wydaje się być blisko wartości optymalnej dla owoców typu soft flesh w kontekście ich zbioru i transportu.

Wartości współczynników zmienności (tab. 2) wskazują na duże zróżnicowanie genetyczne ocenionej populacji. Wskazuje zatem na możliwości selekcji materiałów, które mogą mieć znaczenie praktyczne. Zgodnie z oczekiwaniem wyższy poziom współczynników zmienności stwierdzono dla grupy genotypów o średniej masie powyżej 40 g z uwagi na brak ograniczenia wartości maksymalnej. Wyjątek stanowiła długość owoców. Większe zróżnicowanie zaobserwowano w grupie genotypów o ograniczonej do 40 g średniej masie owoców.

Tabela 2

Współczynniki zmienności cech (%) w grupach genotypów
Variation coefficients (%) in groups of genotypes

Cecha owocu Trait of fruit	Średnia masa owocu Mean fruit weight		
	< 40 g	> 40 g	< 40 g + > 40 g
Masa — Weight (g)	25	50	64
Długość — Length (mm)	53	30	43
Szerokość — Width (mm)	31	42	42
Masa łożyska — Placenta weight (g)	32	60	69
Masa nasion — Seed weight (g)	22	29	30
Grubość ścian — Wall thickness (mm)	19	19	21

Wszystkie cechy będące przedmiotem badań wykazywały dodatnią, istotną statystycznie korelację ze średnią masą owocu (tab. 3). Było to o tyle interesujące, że analiza przeprowadzona w dwóch grupach wyodrębnionych na podstawie masy owocu tylko w jednym przypadku odpowiadała ocenie całej populacji.

Jako interesującą należy uznać wysoce ujemną współzależność między długością owoców a grubością ścian w grupie genotypów o małej masie owoców. Zgodnie z oczekiwaniem stwierdzono pozytywne korelacje między masą łożyska z masą nasion, dla całości badanej populacji. Pewnym zaskoczeniem było natomiast stwierdzenie dodatniej współzależności między grubością ścian i masą nasion. Wyniki najnowszych badań nad materiałami należącymi do pięciu gatunków z rodzaju *Capsicum* (Deepu i in., 2004)

potwierdzają funkcjonowanie takiej zależności. Należy jednak dodać, że cytowani autorzy określili korelację między grubością ścian a liczbą nasion z owocu.

Tabela 3

Macierze korelacji cech owoców dla grup genotypów
Correlation matrix of fruit traits in groups of genotypes

Cecha Trait	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅
< 40 g					
X ₂	0,312				
X ₃	0,486 ^x	-0,177			
X ₄	0,141	0,096	0,078		
X ₅	-0,237	-0,472 ^x	0,068	0,275	
X ₆	0,079	-0,611^{xx}	0,005	0,164	0,213
> 40 g					
X ₂	0,154				
X ₃	0,430 ^x	-0,489 ^x			
X ₄	0,806^{xx}	0,213	0,339		
X ₅	0,420 ^x	0,137	0,346	0,530^{xx}	
X ₆	0,437 ^x	-0,281	0,168	0,407 ^x	0,421 ^x
< 40 g + > 40 g					
X ₂	0,295 ^x				
X ₃	0,534^{xx}	-0,169			
X ₄	0,837^{xx}	0,225	0,467^{xx}		
X ₅	0,520^{xx}	-0,081	0,401^{xx}	0,605^{xx}	
X ₆	0,515^{xx}	-0,248	0,260	0,483^{xx}	0,485^{xx}

X₁ — Masa owocu; Fruit weight
X₂ — Długość; Length
X₃ — Szerokość; Width
X₄ — Masa łożyska; Placenta weight
X₅ — Masa nasion; Seed weight
X₆ — Grubość ścian; Wall thickness

WNIOSKI

1. Zróżnicowanie genetyczne badanych materiałów, wyselekcjonowanych z mieszańców międzygatunkowych *Capsicum frutescens* L. × *Capsicum annuum* L., daje możliwość wyboru form o różnej przydatności technologicznej.
2. Zróżnicowanie wzajemnych zależności badanych cech między grupami genotypów wskazuje na celowość oddzielnego określenia współczynników korelacji dla każdej z nich.

LITERATURA

- Deepu M., Doijode S. D., Mathavi Reddy K. 2004. Correlation and path coefficient analysis in five species of *Capsicum*. *Capsicum and Eggplant Newsletter* 23: 57 — 60.
- Lippert L. F., Bergh B. O., Smith P. G. 1965. Gene list of the pepper. *J. Heredity* 56: 30 — 34.
- Nowaczyk L., Nowaczyk P. 2004. Soft-flesh fruits of *Capsicum frutescens* L. as a raw material for processing. *Ann. UMCS. Ser. E*, 53, 4: 1823 — 1828.
- Nowaczyk P. Nowaczyk L. 2004. Genetic variation in *Capsicum frutescens* L. as a result of an SSD method modification. In: Genetic variation for plant breeding. Vollmann J., Grausgruber H. & Ruckebauer P.

(eds.). Eucarpia & BOKU — University of Natural Resources and Applied Life Science, Vienna: 445 — 458.

Sreelathakumary I., Rajamony L. 2003. Variability, heritability and genetic advance bird pepper (*Capsicum frutescens* L.). Capsicum and Eggplant Newsletter 22: 51 — 54.

LUBOSŁAWA NOWACZYK

PAWEŁ NOWACZYK

Akademia Techniczno-Rolnicza w Bydgoszczy

Zakres zmienności i współzależność cech technologicznych u trzech wielkoowocowych odmian papryki rocznej (*Capsicum annuum* L.)

The range of variation and correlation among technological traits in three large-fruited cultivars of pepper (*Capsicum annuum* L.)

Istotne znaczenie dla przemysłu przetwórczego mają poziom i wyrównanie cech technologicznych surowca. Materiałem badawczym były owoce trzech wielkoowocowych odmian papryki (*Capsicum annuum* L.) pochodzące z upraw pod folią. Oceniono średni poziom oraz zakres zmienności masy owoców, masy i wydajności biologicznej, masy i udziału przegród oraz liczby komór. Średnia masa owocu wahała się od 291 g dla odmiany Luba i 221 g dla odmiany Mino do 167 g dla odmiany Sono. Wydajność biologiczna oznaczająca udział części jadalnych w masie owocu osiągnęła najwyższy poziom (88,2%) u odmiany Mino. Największym udziałem masy przegród, sięgającym 2,6% masy owocu charakteryzowała się odmiana Sono. Badane odmiany różniły się pod względem wielkości współczynników zmienności cech. Najbardziej wyrównane owoce obserwowano u odmiany Mino. Stwierdzono ponadto istotne dodatnie współzależności między średnią masą a biologiczną masą owoców oraz między masą przegród a liczbą komór, natomiast ujemną korelację między udziałem przegród a masą biologiczną.

Słowa kluczowe: korelacje, masa biologiczna, masa przegród, wydajność biologiczna, zmienność

The level and uniformity of technological traits of the raw have a great significance for fruit processing. In the study, the fruits of three large-fruited cultivars of pepper (*Capsicum annuum* L.) were characterized. A level and range of variation of fruit weight, biological weight and performance as well as weight of cross-walls, their share in fruit weight and a number of chambers, were examined. The mean fruit weight ranged from 291 g in cv. Luba and 221 g in cv. Mino to 167 g in cv. Sono. Biological performance, i.e. the proportion of edible parts in the fruit weight, reached the highest level (88.2%) in cv. Mino. The greatest share of cross-walls, reaching 2.6% of fruit weight, was observed with cv. Sono. The investigated cultivars differed in the coefficients of variation for fruit traits. The highest level of fruit uniformity was characteristic of cv. Mino. In addition, significant positive relations between the mean and biological weight of fruit as well as between the cross-walls weight and the number of chambers were found. The correlation between the biological weight of fruit and the share of cross-walls was negative.

Key words: biological performance, biological weight, correlation, cross-walls weight, variation

WSTĘP

Owoce papryki rocznej (*Capsicum annuum* L.) stanowią ważny surowiec dla przemysłu przetwórczego. O jego jakości decydują cechy morfologiczne i technologiczne owoców. Ich poziom wpływa na wydajność procesów technologicznych związanych z konserwowaniem jak też na walory estetyczne produktu. W pracach hodowlanych należy zwracać szczególną uwagę na te materiały, które wyróżniają się pod względem cech jakościowych oraz wyrównania owoców.

Wśród cech technologicznych, decydujących o wydajności surowca ma udział jadalnych części owoców w ich ogólnej masie. Wyższy poziom wydajności biologicznej oznacza także mniejsze nakłady związane z utylizacją resztek poprodukcyjnych. Ważną cechą jakościową jest także udział przegród w owocach. Są one zbudowane z tkanek o luźnym układzie komórek nadających im strukturę niekorzystnie wpływającą na wygląd a także smak. W trakcie przygotowania surowca do konserwowania powinny być usunięte.

Niniejsza praca zawiera pierwsze wyniki badań nad oceną jakościową surowca dla przemysłu przetwórczego w kontekście wymienionych wyżej cech oraz zakresu zmienności u ustalonych odmian papryki rocznej a także wzajemnej relacji między nimi.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były dojrzałe fizjologicznie owoce trzech odmian papryki rocznej (*Capsicum annuum* L.): czerwonoowocowe — Luba i Mino oraz żółtoowocowa Sono. Pochodziły one z upraw w nieogrzewanych namiotach foliowych. Trzydzieści losowo wybranych owoców każdej z odmian poddano ocenie zakresu i zmienności masy, masy biologicznej, wydajności biologicznej, masy i udziału przegród wewnętrznych oraz liczby komórek. Analizę cech przeprowadzono w trzech seriach po 10 dojrzałych owoców pochodzących z drugiego zbioru, modyfikując w kierunku większej dokładności oceny zalecenia zawarte w Descriptors for Capsicum (1995). Masa biologiczna oznacza masę jadalnej części owocu. Wydajność biologiczna rozumiana jest jako udział masy biologicznej w masie ogólnej owocu. Ustalono także współczynniki korelacji wymienionych wyżej cech. Uzyskane wyniki poddano analizie ustalając wartości różnic istotnych przy pomocy testu Tukeya przy $P = 95\%$. Dla oznaczenia różnic istotnych statystycznie wykorzystano odmienne litery.

WYNIKI I DYSKUSJA

Ocenione w badaniach cechy fizjologiczne owoców decydują o jakości surowca dla przemysłu przetwórczego. Większość z nich nie była do tej pory przedmiotem tego typu obserwacji. Wyboru odmian jako materiału badawczego dokonano opierając się o opinie podkreślające ich przydatność dla przetwórstwa (Kmieciak i Lisewska, 1994) jak też możliwości uprawy w odkrytym gruncie (Buczowska, 2004) pozwalającej na niskokosztową produkcję surowca dla przemysłu. Skorzystano także z wyników badań nad cechami jakościowymi form wyjściowych mieszańców (Nowaczyk i Nowaczyk, 2001), szczególnie w zakresie wydajności biologicznej.

Jak zaznaczono we wstępie, badania niniejsze rozpoczynają cykl eksperymentów dotyczących cech jakościowych owoców papryki jako surowca dla przetwórstwa. W pierwszym etapie tych badań wykorzystano zarejestrowane i uprawiane odmiany wielkoowocowe. Tego typu odmiany są obiektem szczególnego zainteresowania przemysłu. Średnia masa owoców ocenianych genotypów różniła je istotnie między sobą (tab. 1). Owocami o największej masie wyróżniła się odmiana Luba. Także ona charakteryzowała się najwyższym poziomem masy biologicznej, to jest masy jadalnej części owocu. Ponadto stwierdzono, zarówno u niej, jak i u odmiany Mino niższą wartość współczynnika zmienności niż u odmiany Sono. Wynikająca z stąd sugestia wskazuje na wyższy poziom morfologicznego wyrównania surowca.

Tabela 1

Zakres średni poziom i współczynnik cech owoców
The range, mean level and variation coefficients for fruit traits

Cecha Trait	Odmiana Cultivars		
	Luba	Mino	Sono
Masa owocu (g)	240–330	180–268	119–214
Fruit weight (g)	291 a 10,7%	221 b 10,6%	167 c 16,5%
Masa biologiczna (g)	203–286	160–246	101–182
Biological weight (g)	250 a 11,1%	195 b 12,2%	140 c 16,1%
Wydajność biologiczna (%)	84,4–86,7	83,9–91,8	79,6–89,2
Biological performance (%)	85,5 a b 0,9%	88,2 b 2,6%	84,0 a 3,6%
Masa przegród (g)	2,07–6,09	1,40–4,81	2,59–5,58
Cross-wall weight (g)	4,01 b 33,1%	3,35 a 28,9%	3,61 a b 27,3%
Udział przegród (%)	0,72–2,19	0,77–4,97	1,48–3,61
Cross-wall share (%)	1,60 a 28,1%	2,02 a 56,4%	2,60 b 26,7%
Liczba komór	2,0–4,0	2,0–4,0	3,0–4,0
Chambers number	3,3 a 20,4%	3,0 a 15,7%	3,5 a 15,0%

Zmięśnięte działki kielicha oraz łożysko z nasionami stanowią niejadalną część owoców. Ich udział decyduje o wydajności biologicznej. W badaniach przeprowadzonych przez Cebulę (1989), oceniających kilkanaście odmian mieszańcowych, stwierdzono iż części jadalne stanowiły około 85% masy owoców. Wyniki niniejszego eksperymentu wyróżniły odmianę Mino. Niejadalne, balastowe części stanowiły tylko około 12% masy owoców.

Kształt, barwa i struktura przegród w każdym przypadku obniżają walory estetyczne surowca jak też gotowego produktu, będącego efektem pasteryzacji. Dla zachowania atrakcyjnego wyglądu przetworów przegrody te powinny być usunięte na etapie przygotowania surowca. Przyczynia się to do pewnego obniżenia masy owoców. Wymaga ponadto dodatkowych nakładów pracy. Problem zatem powiększa się wraz ze wzrostem udziału przegród i ich liczby w owocach. Tworzą się one jako niepełne, zredukowane

ściany dzielące poszczególne komory owoców. Liczba komór decyduje, więc o wielkości nakładów pracy związanych z usuwaniem przegród między nimi. Brak danych literaturowych z tego zakresu badań jakości odmian i surowca nie pozwala na odniesienie uzyskanych wyników do rezultatów innych eksperymentów. Porównując zaś oceniane genotypy należy wyróżnić odmianę Luba. Mimo że bezwzględna masa przegród była wysoka, to jej udział w masie owocu był niższy niż u pozostałych odmian. Stwierdzono ponadto bardzo dużą zmienność poziomu omawianych cech. W głównej mierze wynikało to z różnic wielkości przegród w poszczególnych owocach. Należy tu wspomnieć o pewnych kłopotach natury metodycznej. Oddzielanie przegród od owocu wiązało się także z niewielkimi ubytkami samej owocni. Jednak sposób wykonania czynności był identyczny dla każdego owocu wszystkich odmian.

Dysponując w miarę dużą liczbą obserwacji dokonano obliczeń współczynników korelacji badanych cech. Celem tych działań była próba ustalenia zależności między nimi. U każdej z odmian, podobnie jak dla całości wyników wszystkich genotypów, stwierdzono bardzo istotną współzależność masy owocu i masy biologicznej (tab. 2)

Tabela 2

Macierz korelacji cech technologicznych owoców
Correlation matrix for fruit technological traits

Cecha Trait	X ₁	X ₂	X ₃	X ₄	X ₅
Luba					
X ₂	0,996^{xx}				
X ₃	0,454	0,526			
X ₄	0,441	0,420	0,055		
X ₅	0,162	0,141	-0,090	0,953^{xx}	
X ₆	-0,154	-0,162	-0,066	0,702 ^x	0,818^{xx}
Mino					
X ₂	0,980^{xx}				
X ₃	0,419	0,590			
X ₄	0,264	0,403	0,763 ^x		
X ₅	-0,339	-0,279	0,084	0,404	
X ₆	0,543	0,635 ^x	0,531	0,528	0,244
Sono					
X ₂	0,978^{xx}				
X ₃	-0,282	-0,075			
X ₄	0,190	0,109	-0,362		
X ₅	-0,338	-0,420	-0,279	0,847^{xx}	
X ₆	-0,076	-0,140	-0,259	0,532	0,587
Wszystkie odmiany — All cultivars					
X ₂	0,994^{xx}				
X ₃	0,184	0,289			
X ₄	0,292	0,285	-0,009		
X ₅	-0,491	-0,498^{xx}	-0,182	0,443 ^x	
X ₆	-0,108	-0,125	-0,207	0,590^{xx}	0,382 ^x

X₁ — Masa owocu; Fruit weightX₃ — Wydajność biologiczna; Biological performanceX₅ — Udział przegród; Share of cross-wallsX₂ — Masa biologiczna; Biological weightX₄ — Masa przegród; Cross-walls weightX₆ — Liczba komór; Chambers number

Wynik taki wydaje się być oczywisty i potwierdza rezultaty innych badań (Nowaczyk i Nowaczyk, 2004) nad mieszańcami F₁. Pewnym zaskoczeniem była natomiast niska wartość współczynnika korelacji między masą biologiczną i wydajnością biologiczną. Brak istotnego związku tych cech należy tłumaczyć zróżnicowanym udziałem niejadalnych, balastowych części owoców.

Jako interesujące należy wskazać funkcjonowanie ujemnej korelacji między masą biologiczną a udziałem masy przegród. Z praktycznego punktu widzenia prowadzić to może do stwierdzenia, że wraz ze wzrostem masy owocu zmniejsza się udział przegród a tym samym straty związane z usuwaniem tych części owoców z surowca przygotowywanego do konserwowania.

Zgodnie z oczekiwaniem stwierdzono istotny, pozytywny związek między masą przegród a liczbą komórek w owocach. Jest to o tyle oczywiste, że przegrody są elementem wyróżniającym komory. Wskazania praktyczne dla hodowli, które stąd wynikają można sformułować w ten sposób, iż korzystne z omawianego punktu widzenia jest tworzenie odmian o jak najmniejszej liczbie komórek.

WNIOSKI

1. Ocenione w badaniach odmiany różniły się pod względem masy owocu oraz masy biologicznej, co skutkowało zróżnicowaniem wydajności biologicznej. Odmiana Mino charakteryzowała się najwyższym poziomem wydajności biologicznej.
2. Duży zakres zmienności masy i udziału przegród wskazuje na małą stabilność genetyczną w zakresie omawianych cech.

LITERATURA

- Buczowska H. 2004. Wpływ zagęszczenia roślin na wzrost i plonowanie papryki słodkiej odmiany 'Mino'. *Folia Univ. Agric. Stetin.* 239 (95): 27 — 32.
- Cebula S. 1989. Comparison of sweet pepper cultivars in the relation to vegetative growth, quantity and quality of yield in greenhouse conditions. *Folia Hort.* 1/2: 3 — 15.
- IPGRI. 1995. Descriptors for Capsicum (*Capsicum* spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Roma, Taipei, Costa Rica: 1 — 49.
- Kmiecik W., Lisewska Z. 1994. Evaluation of eight sweet pepper cultivars for field growing in the Kraków region from the aspect of requirements of the conning industry. *Folia Hort., Ann. Vi / 2*: 35 — 43.
- Nowaczyk P., Nowaczyk L. 2001. The quality features and the fertility of pepper (*Capsicum annuum* L.) initial forms. In: Abak K., Buyukalaca S & Dasgan Y (eds), *Genetics and Breeding of Capsicum and Eggplant*, Gurgul Offset, Adana, Turkey: 53 — 56.
- Nowaczyk L., Nowaczyk P. 2004. Współzależność wydajności biologicznej owoców i płodności u mieszańców F₁ papryki rocznej (*Capsicum annuum* L.). *Folia Univ. Agric. Stetin.* 239: 271 — 274.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Tadeusz Drzazga Paweł Krajewski	Analiza zależności plonu od wybranych cech użytkowych na podstawie doświadczeń hodowlanych z pszenicą ozimą Dependence of yield on some agronomic traits in wheat breeding experiments	5
Wiesław Mądry Mike Talbot Krzysztof Ukalski Tadeusz Drzazga Marzena Iwańska	Podstawy teoretyczne znaczenia efektów genotypowych i interakcyjnych w hodowli roślin na przykładzie pszenicy ozimej Theoretical basis of importance of genotypic and interaction effects in plant breeding on an example of winter wheat	13
Ryszard Weber Dariusz Zalewski	Wpływ interakcji genotypowo-środowiskowej na plonowanie pszenicy ozimej The effect of genotype-environment interaction on yielding of winter wheat	33
Tadeusz Śmiałowski Zygmunt Nita Edward Witkowski	Ocena współzależności cech pszenicy ozimej na podstawie analizy ścieżek Estimation of the interrelationships between different traits of winter wheat using the path analysis	43
Paweł Jankowski Andrzej Zieliński Wiesław Mądry	Analiza interakcji genotyp-środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplot typu GGE. Część I. Metodyka Analysis of genotype-environment interaction for winter wheat using graphical GGE biplot method. Part I. The method	51
Paweł Jankowski Andrzej Zieliński Wiesław Mądry	Analiza interakcji genotyp-środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplot typu GGE. Część II. Grupy środowisk i stabilność genotypów Analysis of genotype-environment interaction for winter wheat using graphical GGE biplot method. Part II. Groups of environments and stability of genotypes	61
Zbigniew Segit Krystyna Szwed-Urbaś	Ocena cech jakościowych ziarna wybranych linii pszenicy twardej The estimation of qualitative traits of some durum wheat lines	75
Edward Gacek Marcin Behnke	Wdrażanie postępu biologicznego do praktyki rolniczej w warunkach gospodarki rynkowej Practical application of the biological progress in agriculture in conditions of the market economy	83
Marzena Lisowska	Współzależności pomiędzy cechami plonotwórczymi wybranych form jęczmienia jarego (<i>Hordeum vulgare</i> L.) Correlations between yield related characters of some forms of spring barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.)	91
Jadwiga Nadziak Zdzisław R. Biliński	Zmienność cech u odmian jęczmienia ozimego zgromadzonych w Banku Genów Variability of traits in winter barley cultivars collected in the Gene Bank	99

Wojciech Rybiński Elżbieta Adamska	Charakterystyka mutantów nieoplewionych jęczmienia jarego (<i>Hordeum vulgare</i> L.) pod względem zmienności wybranych cech ilościowych Characteristics of hull-less spring barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.) mutants with respect to variability of some quantitative traits	111
Ivana Ježíšková Jan Bednář Hana Nevimová Vlasta Wegscheiderová	Using SSR markers for genetic diversity testing in barley genotypes with different sensitivity against Fusarium Head Blight Zastosowanie markerów SSR do testowania genetycznego zróżnicowania genotypów jęczmienia o różnej wrażliwości na fuzariozę kłosa	119
Tomasz Warzecha Halina Góral	Zdolność kombinacyjna linii cms oraz rodów i odmian pszenżyta pod względem podatności na zgorzel siewek wywołaną <i>Fusarium culmorum</i> Combining ability of cms lines, strains and cultivars of triticale for susceptibility to seedling blight caused by <i>Fusarium culmorum</i>	127
Tomáš Vyhnaněk Jan Bednář Władysław Kadłubiec	Polymorphism of grain storage proteins in triticale varieties registred in the Czech Republic Polimorfizm białek zapasowych ziarna w odmianach pszenżyta wpisanych do rejestru w Republice Czech	133
Helena Kubicka Jerzy Puchalski Maciej Niedzielski Wiesław Łuczak Anna Martyniszyn	Gromadzenie i ocena zasobów genowych żyta Collecting and evaluation of genetic resources of rye	141
Henryk Bujak Anna Dopierała Paweł Dopierała Kamila Nowosad	Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej plonu odmian żyta ozimego Analysis of genotype-environment interaction for the yield of rye cultivars	151
Tadeusz Śmiałowski Stanisław Węgrzyn	Analiza zmienności i współzależności cech użytkowych owsa (<i>Avena sativa</i> L.) The analysis of the variability and relationships of useful traits of the oat (<i>Avena sativa</i> L.)	161
Rafał Kuriata Artur Topolski	Wartość hodowlana linii wsobnych kukurydzy z hodowli w Kobierzycach Breeding value of maize inbred lines originating from the breeding in Kobierzyce	167
Rafał Kuriata	Analiza dialleliczna cech ilościowych mieszańców F ₁ kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) Diallel analysis of quantitative traits of single crosses in maize (<i>Zea mays</i> L.)	175
Władysław Kadłubiec Rafał Kuriata Cecylia Karwowska Zbigniew Kurczych	Ocena zdolności kombinacyjnej linii wsobnych kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) Estimation of combining ability of inbred lines of maize (<i>Zea mays</i> L.)	185
Władysław Kadłubiec Sylwia Lewandowska Rafał Kuriata	Ocena podobieństwa linii wsobnych kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) The estimation of similarity of inbred lines of maize (<i>Zea mays</i> L.)	191
Władysław Kadłubiec Rafał Kuriata Cecylia Karwowska Zbigniew Kurczych	Ocena wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy Estimation of breeding values of inbred lines of maize	197

Henryk Bujak Stanisław Jedyński Jan Karczmarek	Ocena linii wsobnych kukurydzy na podstawie specyficznego, obcego i ogólnego indeksu selekcji Evaluation of inbred lines of maize on the basis of specific, foreign and general selection indices	203
Henryk Bujak Stanisław Jedyński Jan Karczmarek Cecylia Karwowska Zbigniew Kurczych Józef Adamczyk	Wielocechowa analiza wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy (<i>Zea mays</i> L.) Evaluation of breeding value of inbred lines of maize on the basis of multitrait analysis	211
Henryk Bujak Stanisław Jedyński Jan Karczmarek	Zastosowanie indeksu restrykcyjnego do oceny materiałów wyjściowych kukurydzy The use of restricted selection index in the evaluation of maize germplasm	217
Henryk Bujak Andrzej Kotecki Marcin Kozak Władysław Malarz	Zmienność cech użytkowych rzepaku ozimego Variability of agronomic characters in winter oil-seed rape	223
Tadeusz Łuczkiwicz Stanisław Mejza Hanna Kiełczewska Iwona Mejza	Some remarks on the analysis of variance for diallel cross experiments Wykorzystanie analizy wariancji do oceny wyników doświadczeń z zastosowaniem krzyżowania diallelicznego	231
Halina Góral Michał Jasieński Tadeusz Zajac	Zdolność kombinacyjna odmian lnu oleistego pod względem cech plonotwórczych Combining abilities of several varieties of linseed with respect to yield components	237
Renata Galek Honorata Kalińska Ewa Sawicka-Sienkiewicz	Analiza wybranych cech morfologicznych i struktury plonu w kolekcji łubinu wąskolistnego (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) Analysis of the lupin (<i>Lupinus angustifolius</i> L.) collection in respect of some morphological and yield structure characters	243
Ewa Sawicka-Sienkiewicz Renata Galek Dariusz Zalewski Jolanta Augiewicz	Porównanie mieszańców międzygatunkowych <i>Lupinus albus</i> (<i>sensu lato</i>) × <i>Lupinus mutabilis</i> pod względem wybranych cech ilościowych Comparison of interspecific hybrids <i>Lupinus albus</i> (<i>sensu lato</i>) × <i>Lupinus mutabilis</i> in respect of some quantitative characters	253
Renata Galek Dariusz Zalewski Jolanta Augiewicz Ewa Sawicka-Sienkiewicz	Ocena porównawcza cech ilościowych mieszańców wewnątrzgatunkowych <i>Lupinus mutabilis</i> Sweet pokolenia F ₃ i F ₄ oraz ich form rodzicielskich Comparative evaluation of intraspecific hybrids of <i>Lupinus mutabilis</i> in the F ₃ and F ₄ generations with regard to some quantitative characters	261
Paweł Krajewski Jan Bocianowski Magdalena Gawłowska Zygmunt Kaczmarek Tomasz Pniewski Wojciech Święcicki Bogdan Wolko	Identyfikacja i charakterystyka ekspresji genów determinujących cechy związane z plonowaniem w kombinacjach krzyżówkowych grochu Identification and characterization of expression of genes determining traits connected with yield in cross combinations of pea	271
Jolanta Ziemińska	Charakterystyka cech plonotwórczych mutantu karłowego fasoli zwyczajnej (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) na tle odmiany wyjściowej Bor Characterization of yielding traits in the dwarf mutant of common bean (<i>Phaseolus vulgaris</i> L.) in relation to the ancestor Bor cultivar	279

Wojciech Rybiński Jan Bocianowski	Zmienność cech ilościowych roślin lędzwanu siewnego (<i>Lathyrus sativus</i> L.) pokolenia M ₁ uzyskanego działaniem chemomutagenów Variability of quantitative traits in grasspea (<i>Lathyrus sativus</i> L.) M ₁ progeny obtained by seed treatment with chemomutagens	285
Wojciech Rybiński Jan Bocianowski	Zmienność cech morfologicznych i struktury plonu nasion mutantów lędzwanu siewnego (<i>Lathyrus sativus</i> L.) Variability of morphological traits and yield structure in grasspea mutants (<i>Lathyrus sativus</i> L.)	291
Joanna Wolińska Jan Woliński Małgorzata Wyrzykowska	Zmienność i współzależność niektórych cech plonotwórczych gryki Variation and correlations for some yield related characters of buckwheat	299
Leszek Domański Ewa Zimnoch-Guzowska Maria Domańska Henryka Jakuczun	Efekt heterozji diploidalnego rodu ziemniaka DG.97-943 typu „cold-chipping” tworzącego gamety 2n The effect of heterosis of diploid potato clone DG.97-943 of cold chipping type and producing 2n gametes	307
Paweł Nowaczyk Lubosława Nowaczyk	Zakres zmienności i współzależność cech owoców typu soft flesh mieszańców międzygatunkowych <i>Capsicum frutescens</i> L. × <i>Capsicum annuum</i> L. The range of variation and correlation of the soft flesh fruit traits in interspecific hybrids <i>Capsicum frutescens</i> L. × <i>Capsicum annuum</i> L.	315
Lubosława Nowaczyk Paweł Nowaczyk	Zakres zmienności i współzależność cech technologicznych u trzech wielkoowocowych odmian papryki rocznej (<i>Capsicum annuum</i> L.) The range of variation and correlation among technological traits in three large-fruited cultivars of pepper (<i>Capsicum annuum</i> L.)	321