



Pola doświadczalne w Radzikowie
Fot. Gabriela Wodzyńska-Łapińska

BIULETYN
INSTYTUTU HODOWLI
I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
Nr 264/2012



Pola doświadczalne w Radzikowie. Fot. Gabriela Wodzyńska-Łapińska

RADZIKÓW 2012
INSTYTUT HODOWLI I AKLIMATYZACJI ROŚLIN
PAŃSTWOWY INSTYTUT BADAWCZY — RADZIKÓW
05-870 BŁONIE pod WARSZAWĄ

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

KOMITET REDAKCYJNY:
EDITORIAL COMMITTEE:

PROF. DR HAB. HENRYK J. CZEMBOR — Przewodniczący — Editor-in Chief
(genetyka i hodowla roślin, fitopatologia)

PROF. DR HAB. DANUTA BOROS (analiza i wartość użytkowa produktów roślinnych)

PROF. DR HAB. WIESŁAW MĄDRY (doświadczalnictwo i biometria — metody statystyczne
w genetyce, hodowli roślin i ocenie odmian)

DR WOJCIECH NOWACKI (systemy produkcji roślinnej, odmianoznawstwo, agrotechnika,
towaroznawstwo, ekonomika produkcji)

PROF. DR HAB. STANISŁAWA ROZTROPOWICZ-SZKUBEL (agronomia, fizjologia rozwoju,
agrotechnika odmian)

PROF. DR HAB. BARBARA ZAGDAŃSKA (fizjologia, biochemia i biologia molekularna roślin)

MGR GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA (Sekretarz Redakcji — Editorial Secretary)

Redaktor Statystyczny — PROF. DR HAB. WIESŁAW MĄDRY

CZASOPISMO UKAZUJE SIĘ OD 1951 ROKU

Redaktor techniczny i skład komputerowy
GABRIELA WODZYŃSKA-ŁAPIŃSKA

Druk: PWR Sp. z o.o



KUDOWA ZDRÓJ 14–16. 06. 2011

KATEDRA GENETYKI, HODOWLI ROŚLIN I NASIENNICTWA
UNIwersytetu PRZYRODNICZEGO WE WROCŁAWIU
KOMITET FIZJOLOGII, GENETYKI I HODOWLI ROŚLIN POLSKIEJ AKADEMII NAUK

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
prof. dr hab. WIESŁAW MĄDRY
prof. dr hab. PAWEŁ KRAJEWSKI
dr hab. prof. nadzw. UP HENRYK BUJAK

KOMITET ORGANIZACYJNY SYMPOZJUM

dr hab. prof. nadzw. UP HENRYK BUJAK
dr inż. RAFAŁ KURIATA
dr inż. KAMILA NOWOSAD
dr inż. SYLWIA LEWANDOWSKA

MARIA SURMA
TADEUSZ ADAMSKI
KAROLINA KRYSTKOWIAK
ANETTA KUCZYŃSKA
KRZYSZTOF MIKOŁAJCZAK
PIOTR OGRODOWICZ

Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk, Poznań

Markery funkcjonalne dla cech ilościowych

Functional markers for quantitative traits

Badania dotyczące molekularnych podstaw zmienności cech ilościowych są obecnie szeroko podejmowane, zarówno dla roślin, jak i zwierząt czy człowieka. Celem tych badań jest m.in. rozwój systemów markerów funkcjonalnych DNA (FM). Do opracowania markerów FM niezbędne jest więc funkcjonalne scharakteryzowanie wybranych genów i znajomość sekwencji ich alleli, identyfikacja polimorficznych motywów funkcjonalnych w obrębie tych genów i potwierdzenie związku między polimorfizmem sekwencji DNA a zmiennością cechy ilościowej. W pracy przedstawiono przykłady genów kandydujących do opracowania markerów funkcjonalnych: geny półkarłowatości *Dwarf8* u kukurydzy i *denso* u jęczmienia oraz geny *Glu1* kodujące wysokocząsteczkowe podjednostki białek gluteninowych u pszenicy. Przedyskutowano przewagę markerów funkcjonalnych nad markerami sprzężonymi z *loci* dla cech ilościowych.

Słowa kluczowe: geny kandydujące, markery molekularne, polimorfizm, QTL

Molecular bases of quantitative trait variation in plant, animal and human populations are currently extensively studied. The aim of those studies is, among others, development of functional markers (FM). Development of FM requires allele sequences of functionally characterized genes, identification of polymorphic, functional motifs within genes and confirmation of association between DNA sequence polymorphism and variation of quantitative traits. In the paper examples of candidate genes for FM development are presented: semidwarf genes *Dwarf8* in maize and *denso* in barley, and genes *Glu1* encoding high molecular weight subunits of glutenin in wheat. The advantage of functional markers over markers linked to quantitative trait *loci* is discussed.

Key words: candidate genes, functional markers, polymorphism, QTL

WSTĘP

Badania dotyczące molekularnych podstaw zmienności cech ilościowych są obecnie szeroko podejmowane, zarówno dla roślin, jak i zwierząt czy człowieka. Lokalizują się w obszarze tzw. genomiki ilościowej. Obejmują analizę cech fenotypowych w odniesieniu do fragmentów sekwencji genomowych poznanych eksperymentalnie i zlokalizowanych na

mapach genomów (Jansen, 1997; Jansen i Nap, 2001). Celem tych badań, oprócz poznawczego, jest rozwój systemów markerów molekularnych, które pozwoliłyby identyfikować obecność w roślinach alleli genów determinujących interesujące cechy ilościowe. Opracowanie takich markerów i zastosowanie ich w hodowli umożliwiłoby prowadzenie selekcji we wczesnych pokoleniach i we wczesnym stadium rozwoju roślin (siewki). Przyniosłoby to nieocenione korzyści dla hodowców, tak w zakresie zwiększenia efektywności selekcji, jak i ograniczenia ilości materiałów hodowlanych tylko do tych, które odpowiadają celom stawianym w programach hodowlanych. W pracy przedstawiono koncepcję rozwoju tzw. markerów funkcjonalnych — nieanonimowych markerów molekularnych, opartych na znajomości struktury i funkcji genów wpływających na zmienność cech ilościowych.

MARKERY GENETYCZNE

Markery genetyczne w pierwotnym założeniu używane były w mapowaniu genetycznym do określenia kolejności ułożenia genów wzdłuż chromosomów. Pierwszą mapę genetyczną opracował w 1913 Alfred Sturtevant dla muszki owocowej, która obejmowała jedynie 6 cech. Dziesięć lat później, w 1923 r., Karl Sax znalazł zależność między kolorem nasion fasoli a ich wielkością. Od tych pionierskich badań markery genetyczne ewoluowały od markerów morfologicznych poprzez izoenzymatyczne do markerów DNA.

Markery morfologiczne są łatwe do obserwacji, najczęściej wizualnej, a więc są tanie. Ich wadą jest ograniczona liczba, stąd trudno na ich podstawie skonstruować na tyle gęstą mapę genetyczną, aby mogła posłużyć do lokalizacji *loci* dla cech ilościowych (QTL). Ponadto mogą przejawiać efekty plejotropowe w odniesieniu do innych markerów morfologicznych lub innych cech ilościowych. Markery izoenzymatyczne mają podobne zalety i wady, przy czym ich stosowanie w hodowli wymaga posiadania specjalistycznego wyposażenia laboratoryjnego. Wad tych dwóch grup markerów, a szczególnie ograniczenia wynikające z dostępnej liczby, nie wykazują markery oparte na DNA. Liczba markerów molekularnych jest praktycznie nieograniczona, mogą więc gęsto pokrywać genom i w związku z tym są stosowane m.in. do lokalizacji *loci* dla cech ilościowych.

Markery DNA są wyprowadzane z regionu DNA, który wykazuje polimorfizm w obrębie osobników badanej populacji. Można je podzielić na dwie grupy: markery losowe (Random DNA Markers, RDM) oraz markery opracowane na podstawie polimorfizmu wewnątrzgenowego (Gene Targeted Markers, GTM) (Andersen i Lübberstedt, 2003; Lübberstedt i in., 2005). Markery losowe są wyprowadzane z małego regionu DNA, który wykazuje polimorfizm sekwencji. Nie są *a priori* przypisane do żadnej cechy fenotypowej (są „fenotypowo neutralne”), mogą być generowane dla każdego gatunku w dowolnej liczbie. Należą do tej grupy m.in. markery typu RFLP, RAPD, ALFP czy SSR, które często są stosowane do oceny odległości genetycznej między osobnikami w obrębie gatunku, do tworzenia wysyconych map genetycznych oraz do lokalizacji QTL. W wyniku badań związanych z lokalizacją QTL określone są miejsca w genomie, w których znajdują się (z pewnym prawdopodobieństwem) geny odpowiedzialne za zmienność obserwowanej cechy

oraz oceniane są sprzężenia między markerami RDM a QTL-ami dla określonych cech ilościowych (Tanksley, 1993). Takie markery mogą być wykorzystane w hodowli, jednakże należy wziąć pod uwagę, że w różnych populacjach tego samego gatunku zlokalizowane mogą być różne QTL, ponieważ mogą segregować różne allele. Ponadto doświadczenia wykorzystujące różne próby tej samej populacji mogą prowadzić do wykrycia innych QTL, badania prowadzone z zastosowaniem różnych systemów markerowych mogą lokalizować QTL w innych rejonach genomu, liczba i lokalizacja wykrytych QTL może być różna w różnych warunkach środowiska a sprzężenia markercecha mogą być przerwane w wyniku rekombinacji (Tinker i in., 1996). Dodatkowo w tym samym regionie genomu mogą być zlokalizowane QTL-e dla różnych cech ilościowych (Hayes i in., 1993). Z powyższych względów markery typu RDM mają ograniczone zastosowanie w selekcji cech ilościowych. Niedoskonałości systemu RDM-QTL można byłoby przezwyciężyć, gdyby markery molekularne oparte były na polimorfizmie wewnątrz genu/genów warunkujących daną cechę ilościową. Koncepcja ta może być zrealizowana, gdy znana będzie struktura i funkcja genów wpływających na zmienność obserwowanej cechy.

MARKERY FUNKCJONALNE

Jak wspomniano wyżej, markery GTM oparte są na polimorfizmie wewnątrzgenowym. Podobnie jak markery typu RDM mogą być opracowywane bez względu na to, czy mają związek z jakąkolwiek cechą fenotypową. Markery funkcjonalne (FM) zaliczyć można do grupy markerów GTM. Termin „markery funkcjonalne” został zaproponowany i jednoznacznie zdefiniowany przez Andersena i Lübberstedta w 2003 roku dla markerów DNA opracowanych na podstawie sekwencji motywów polimorficznych genów odpowiedzialnych za obserwowaną zmienność fenotypową cechy (Andersen i Lübberstedt, 2003). Markery FM różnią się więc od GTM tym, że nie są neutralne fenotypowo, są związane ze zmiennością konkretnej cechy ilościowej, dlatego nazywane są „nieanonimowymi” markerami DNA. Markery FM odnoszą się do rejonu genomu (genów) scharakteryzowanego pod względem sekwencji i funkcji. Do opracowania markerów FM niezbędne jest więc funkcjonalne scharakteryzowanie wybranych genów i znajomość sekwencji ich alleli, a następnie identyfikacja polimorficznych motywów funkcjonalnych w obrębie tych genów, wpływających na obserwowane cechy fenotypowe, i potwierdzenie związku między polimorfizmem DNA a zmiennością cech.

Opracowanie markerów funkcjonalnych jest możliwe tylko dla tych genów, które są zsekwencjonowane, i których funkcja jest znana. Jak wiadomo genów spełniających te warunki w przypadku roślin uprawnych jest, jak dotąd, niewiele. Znacznie korzystniejsza jest sytuacja dla roślin modelowych, np. rzodkiewnika czy ryżu, u których funkcjonalnie scharakteryzowanych sekwencji jest relatywnie dużo (http://www.arabidopsis.org/portals/genAnnotation/genome_snapshot.jsp). Dzięki osiągnięciom z zakresu genomiki strukturalnej i funkcjonalnej w odniesieniu do roślin modelowych można korzystając z homologii sekwencji przewidywać przypuszczalną funkcję podobnych genów u innych gatunków. Jest to jedna z dróg umożliwiająca szukanie genów-kandydatów (CG) dla

opracowania FM. Inną drogą jest wykorzystanie zjawiska syntenii między genomami roślin — badania wykazały bowiem, że u gatunków spokrewnionych położenie genów i ich struktura są podobne (Dunford i in., 1995; Smilde i in., 2001; Andersen i Lübberstedt, 2003; Jia i in., 2009).

Oprócz określenia funkcji i sekwencji genów istotnym elementem w opracowywaniu markerów FM są badania asocjacyjne. Badania te powinny obejmować dużą liczbę osobników/linii o różnym podłożu genetycznym, bardzo dokładnie opisanych pod względem interesujących cech ilościowych i zanalizowanych pod względem molekularnym, aby można było różnym wariantom allelicznym genu przypisać określone wartości obserwowanej cechy. Dopiero potwierdzenie na szerokim tle genetycznym związku między polimorfizmem sekwencji motywów funkcjonalnych a zmiennością cechy uprawnia do stwierdzenia, że opracowany marker jest markerem funkcjonalnym dla danej cechy ilościowej, który może być stosowany w każdej populacji danego gatunku. Należy mieć nadzieję, że dynamicznie rozwijające się programy sekwencjonowania genomów oraz analizy funkcjonalnej genów (Sitnicka i in., 2009) dostarczą w niedługim czasie danych umożliwiających opracowywanie markerów funkcjonalnych dla coraz większej liczby cech ilościowych i gatunków roślin uprawnych.

PRZYKŁADY GENÓW-KANDYDATÓW

Największa grupa genów kandydujących do opracowania markerów funkcjonalnych to geny odporności na choroby (NBS-LRR — nucleotide binding site-leucine rich repeat), które występują u wielu gatunków roślin (Bagge i in., 2007). U pszenicy genami o znanej sekwencji i funkcji są m.in. geny *Glu1* kodujące wysokocząsteczkowe podjednostki białek gluteninowych (HMW) — A2*, Bx7/Bx17, By8, By9, By16, Bx6, Dx5 determinujące cechy reologiczne ciasta oraz właściwości wypiekowe (Anderson i in., 1989; Ahmad, 2000; Schwarz i in., 2004; Lei i in., 2006), a także geny *Pina* i *Pinb* kodujące puroindoliny a i b, które wpływają na twardość ziarna, a pośrednio także na właściwości wypiekowe (Gautier i in., 1994). U zbóż jako CG wymieniane są także geny wrażliwości na giberelinę — *Dwarf8* (oznaczany także jako *d8*) u kukurydzy, *denso* u jęczmienia oraz (przypuszczalnie) ich ortologi u innych gatunków (Peng i in., 1999; Andersen i Lübberstedt, 2003).

Gen *Dwarf8* jest jednym z dominujących genów karłowatości u kukurydzy (Górny, 2005). Został on funkcjonalnie scharakteryzowany — koduje modulator odpowiedzi na giberelinę. Badania z zakresu mutagenезы oraz lokalizacji *loci* dla cech ilościowych wskazują, że gen ten może być związany ze zmiennością dwóch cech — wysokości roślin i terminu kwitnienia (Koester i in., 1993; Peng i in., 1999; Thornsberry i in., 2001). Ortologami tego genu u innych gatunków zbóż są: *Rth1* u pszenicy, *SLR1* u ryżu i *sln1* u jęczmienia — tzw. geny „zielonej rewolucji”, których wprowadzenie do odmian uprawnych spowodowało obniżenie wysokości roślin i znaczący wzrost plonu. Badania przeprowadzone przez Penga i in. (1999) wykazały, że białko kodowane przez *d8* wykazuje 88% podobieństwo do białka kodowanego przez geny *Rht-B1a* i *Rht-D1a* u pszenicy. Gen *Dwarf8* wpływa nie tylko na wysokość roślin. Badania asocjacyjne przeprowadzone przez

Thornsberry'ego i in. (2001) wykazały, że gen ten determinuje także termin kwitnienia. Obserwacje terminu kwitnienia u 92 linii wsobnych kukurydzy o różnym pochodzeniu oraz analiza polimorfizmu sekwencji genu u tych linii pozwoliła znaleźć 9 motywów polimorficznych, zlokalizowanych w różnych, zarówno kodujących jak i niekodujących, regionach genu. Polimorfizm okazał się być wynikiem mutacji typu insercje i delecje o różnej liczbie par zasad. Badania asocjacyjne pozwoliły na określenie związku między indywidualnymi motywami funkcjonalnym w obrębie genu *Dwarf8* a terminem kwitnienia. Związek ten okazał się wysoce istotny, np. jedna z mutacji — delecja obejmująca 6 par zasad powodowała 7–11 dniowe różnice między liniami. Tak więc znając sekwencje motywów funkcjonalnych można opracować markery molekularne dla każdego motywu polimorficznego, które w tym przypadku są bialleliczne. Markery te byłyby markerami typu FM i mogłyby być stosowane w hodowli kukurydzy do selekcji linii o pożądanej wczesności.

Gen *Dwarf8* jest przykładem genu o efektach plejotropowych, tj. wpływającym na więcej niż jedną cechę fenotypową. Plejotropia ta została stwierdzona na poziomie fenotypowym oraz potwierdzona na poziomie molekularnym. Badania Thornsberry'ego i in. (2001) uważane są za pionierskie — zapoczątkowały nowy nurt w poszukiwaniach molekularnych podstaw zmienności cech ilościowych.

Genem o podobnej funkcji jest gen półkarłowatości *denso* (=sdw1) u jęczmienia. Źródłem genu był spontaniczny mutant odm. Abed Denso, znaleziony w Danii w stacji hodowli Abed w 1946 r. (Haahr i von Wettstein, 1976). Fenotypowym efektem genu jest obniżenie wysokości roślin o 10–20 cm (m.in. Jia i in., 2009). Ponadto recesywny allel *denso* powoduje rozłożysty, a dominujący wzniosły typ wzrostu roślin w stadium młodocianym. *Denso* jest jednym z najważniejszych genów w hodowli jęczmienia – poprawia odporność na wyleganie i zwiększa plon. Jest wykorzystywany w hodowli europejskich odmian jęczmienia browarnego (European Brewery Convention, 1989). Źródłem *sdw1*, allelicznego do *denso*, była norweska odm. Jotun. Gen ten jest wykorzystywany w hodowli amerykańskich odmian jęczmienia paszowego (Mickelson i Rasmusson, 1994). *Denso* został zlokalizowany na długim ramieniu chromosomu 3H (Laurie i in., 1993). W tym samym regionie genomu jęczmienia zlokalizowano, oprócz wysokości roślin, także QTL-e dla kilku innych cech ilościowych, takich jak wczesność, plon ziarna, masa 1000 ziaren, specyficzna powierzchnia liścia oraz biomasy kłosa i liści (Thomas i in., 1991; Yin i in., 1999). Zespół Jia i in. (2009) przeprowadził analizę porównawczą genu *denso* z genem półkarłowatości *sd1* (*Os20ox2*) u ryżu, kodującym oksydazę kwasu giberelinowego (GA)-20. Autorzy wyszli z założenia, że w wyniku syntenii jęczmień-ryż gen *sdw1/denso* jęczmienia powinien mieć taką samą strukturę jak *sd1* ryżu. Materiałem badawczym była populacja linii DH Baudin × AC Metcalfe (Baudin — półkarłowa odmiana z genem *denso*). Używając starterów opartych o konserwatywne rejony genu *Os20ox2* ryżu wyizolowano z genomu jęczmienia fragment genu *Hv20ox2* o długości 2 413 pz, kodującego enzym oksydazę 20 biorącą udział w biosyntezie kwasu giberelinowego. Stwierdzono, że *Hv20ox2* jęczmienia ma podobną strukturę do genu *Os20ox2* (trzy egzony i dwa introny). Opierając się na wynikach prac nad ryżem autorzy przewidują, że gen *Hv20ox2*, będący ortologiem genu *sd1* u ryżu, może kontrolować etap

biosyntezy giberelin od GA₅₃ do GA₄₄. Autorzy wykazali, że *denso* jest allelem genu *Hv20ox2*, który w populacji Baudin × AC Metcalfe kolokalizował z wysokością roślin. Stwierdzono również, że różnica między odmianą półkarłową Baudin a Metcalfe w sekwencji wyizolowanego fragmentu genu dotyczy substytucji pojedynczego nukleotydu. Tak więc można stwierdzić, że w przypadku genu *denso* u jęczmienia poznana jest jego struktura i funkcja (choć badania te nie są jeszcze zakończone) oraz znany jest jego związek ze zmiennością cech ilościowych. Jest zatem uzasadnione, aby gen ten kandydował do opracowania markera FM dla wysokości roślin, a przypuszczalnie także dla innych cech ilościowych u jęczmienia. Należy bowiem zauważyć, że *denso* — podobnie jak gen *Dwarf8* u kukurydzy — wykazuje efekty pleiotropowe w odniesieniu do kilku innych cech ilościowych związanych z plonowaniem, jak dotąd stwierdzone jednak tylko na poziomie fenotypowym.

U pszenicy genami o znanej strukturze i funkcji są m.in. geny *Glu1* kodujące wysokocząsteczkowe (HMW) podjednostki białek gluteninowych. Znana jest sekwencja genów kodujących podjednostki A2*, Bx7/Bx17, By8, By9, By16, Bx6, Dx5 (De Bustos i in. 2000, <http://wheat.pw.usda.gov/GG2/index.shtml>). Znana jest funkcja biologiczna tych genów — kodują białka zapasowe oraz znany jest związek między wariantowością tych genów a zmiennością cech ilościowych określających wartość wypiekową (cechy reologiczne ciasta, parametry wypiekowe) (Weegels i in., 1996; Ivanov i in., 1998; Rodriguez-Quirjano i in., 2001). Geny kodujące wysokocząsteczkowe białka gluteninowe znajdują się na długich ramionach 1 grupy homeologicznej chromosomów pszenicy zwyczajnej: *locus Glu-A1* na 1AL, *locus Glu-B1* na 1BL oraz *locus Glu-D1* na 1DL. Wszystkie *loci* mają charakter ściśle sprzężonych kompleksów (częstotliwość rekombinacji ok. 0,1%) — składających się z genu typu *x* kodującego większą podjednostkę białkową oraz *y* kodującego mniejszą podjednostkę białkową. Na podstawie sekwencji genów opracowane zostały tzw. markery allelospecyficzne, pozwalające identyfikować poszczególne geny (choć równie dobrze można je identyfikować na podstawie produktów ich ekspresji, tzn. określając skład jakościowy podjednostek HMW w danej odmianie) (Bahraei i in., 2004; Butow i in., 2004; Lei i in., 2006). Podjednostki HMW białek gluteninowych wchodzą w skład glutenu — stanowią około 10% jego zawartości. *In planta* występują w postaci polimerów złożonych z podjednostek (łańcuchów) połączonych wiązaniami dwusiarczkowymi i wodorowymi. Białka te posiadają specyficzne sekwencje w regionie N-końca (od 81 do 104 reszt aminokwasowych) i C-końca (42 reszty aminokwasowe) oraz centralny region domen powtarzalnych (od 627 do 827 reszt aminokwasowych). Końce N- i C- zawierają najczęściej wszystkie reszty cysteinowe — odpowiedzialne za tworzenie i utrzymanie struktury glutenu. Liczba reszt cysteinowych ma bezpośredni związek z właściwościami tworzenia połączeń w sieci glutenu. Końce C- i -N mają budowę alfa-helikalną, natomiast domeny powtarzalne mają nietypową lewoskrętną strukturę. Główne właściwości beta-helisy białkowej to elastyczność i zdolność do deformacji bez rozrywania wiązań. Dzięki takiej budowie białka HMW nadają glutenowi spoistość, rozciągliwość i sprężystość, a więc pośrednio odpowiadają za wartość wypiekową. Wpływ glutenin wysokocząsteczkowych na wartość technologiczną mąki potwierdziły m. in. badania porównawcze pszenicy

i żyta (Kipp i in., 1996) — gluteniny żytnie (sekaliny) posiadają tylko podjednostki y, frakcja sekalin zawiera tylko 30% frakcji glutenin pszenicznych. Trzykrotnie mniejsza zawartość cysteiny determinuje niższą zdolność do tworzenia sieci glutenowej.

Pszeniczne podjednostki HMW różnią się wielkością i liczbą reszt cysteinowych, stąd też właściwości wypiekowe mąki i uzyskanego z niej ciasta (wodochłonność, stałość, rozluźnienie, elastyczność) zależą od składu jakościowego HMW (Ahmad, 2000; Bronneke i in., 2000; Horvat i in., 2002). Liczne badania wykazały, że polimorfizm sekwencji genów kodujących HMW jest powiązany ze zmiennością cech ilościowych określających właściwości wypiekowe. Związek ten nie jest jednak jednoznaczny, gdyż także inne rejony genomu pszenicy wpływają na cechy wypiekowe (Perretant i in., 2000; Law i in., 2005), a ponadto stwierdzono na poziomie fenotypowym efekty epistatyczne tych genów (m.in. Salamanowicz i in., 2008). Większość QTL-i związanych z cechami reologicznymi zlokalizowana została w rejonach występowania genów HMW (Perretant i in., 2000; Appels i in., 2001; Gross i in., 2004).

Z omówionych przykładów wynika, że genem spełniającym wszystkie wymagania stawiane genom-kandydatom jest *Dwarf8* u kukurydzy. Geny *Glul* u pszenicy mają wiele alleli i nie wszystkie warianty alleliczne tych genów zostały dotychczas zsekwenjonowane. Ponadto cechy ilościowe, na których zmienność mają wpływ, nie są bezpośrednio przypisane do rośliny, lecz wynikają z procesów związanych z użytkowaniem ziarna dla celów spożywczych. W związku z tym związek polimorfizmu sekwencji alleli *Glul* ze zmiennością tych cech nie jest zawsze jednoznaczny. W przypadku genu *denso* prace badawcze są mniej zaawansowane, dotyczy to głównie braku badań asocjacyjnych, które pozwoliłyby zidentyfikować polimorficzne motywy tego genu oraz przypisać ten polimorfizm zmienności obserwowanej cechy/cech ilościowych.

ZALETY I WADY MF

Do niewątpliwych zalet FM zaliczyć należy fakt, że nie ma niebezpieczeństwa przerwania sprzężenia między markerem a genem (jak w przypadku RDM). Ponadto możliwa jest identyfikacja alleli genów w różnych populacjach bez konieczności mapowania. W hodowli markery funkcjonalne mogą być stosowane do wyboru komponentów rodzicielskich, do selekcji linii hodowlanych lub mieszańców, a także do identyfikacji odmian opartej na obecności specyficznych alleli w *loci* determinujących cechy morfologiczne użyte do identyfikacji odmian. Wadą markerów FM są efekty plejotropowe. Należy także podkreślić niedogodność stosowania FM z uwagi na fakt, że cecha ilościowa może być warunkowana kilkoma genami, np. u jęczmienia i kukurydzy oprócz omówionych wyżej genów determinujących wysokość roślin występują także inne geny wpływające na tę cechę (u kukurydzy *dwarf1*, *dwarf3* i *Dwarf9*, u jęczmienia *sdw2*, *sdw3*). Dlatego też można się spodziewać, że stosowanie markerów dla cech ilościowych opracowanych na podstawie polimorfizmu wewnątrzgenowego niektórych tylko genów może być nie w pełni efektywne.

Markery funkcjonalne są jedną z dróg umożliwiających wstępną selekcję roślin na wczesnym etapie hodowli — wstępną ze względu na wspomniane wyżej efekty

plejotropowe oraz na fakt, że FM nie tłumaczą całej obserwowanej zmienności genetycznej. Autorzy wyrażają nadzieję, że rozwój technik molekularnych z jednej strony a technik precyzyjnego fenotypowania z drugiej, pozwoli w przyszłości odkryć geny w większości mapowanych obecnie *loci* dla cech ilościowych, a tym samym określić pożądany „ideotyp molekularny” roślin danego gatunku o pożądanych cechach użytkowych.

LITERATURA

- Ahmad M. 2000. Molecular marker-assisted selection of HMW glutenin alleles related to wheat bread quality by PCR-generated DNA markers *Theor. Appl. Genet.* 101: 892 — 896.
- Andersen J. R., Lübberstedt T. 2003. Functional markers in plants. *Trends in Plant Science* 8: 554 — 560.
- Anderson O. D., Greene F. C., Yip R. E., Halford N. G., Shewry P. R., Malpica-Romero J. M. 1989. Nucleotide sequences of the two high-molecular-weight glutenin genes from the D-genome of a hexaploid bread wheat, *Triticum aestivum* L. cv. Cheyenne. *Nucleic Acids Res.* 17: 461 — 462.
- Appels R., Gras P. W., Clarke B. C., Anderssen R. S., Wesley I. J., Bakes F. 2001. Molecular and genetic studies on processing traits of wheat flour. *Euphytica* 119: 49 — 54.
- Bagge M., Xia X., Lübberstedt T. 2007. Functional markers in wheat. *Current Opinion in Plant Biology* 10: 211 — 216.
- Bahraei S., Saidi A., Alizadeh D. 2004. High molecular weight glutenin subunits of current bread wheats grown in Iran. *Euphytica* 137: 173 — 179.
- Bronneke V., Zimmermann G., Killermann B. 2000. Effect of high molecular weight glutenins and D-zone gliadins on bread-making quality in German wheat varieties. *Cereal Res. Commun.* 28: 187 — 194.
- Butow B. J., Gale K. R., Ikea J., Juhász A., Bedö Z., Tamás L., Gianibelli M. C. 2004. Dissemination of the highly expressed Bx7 glutenin subunit (*Glu-B1* alleles) in wheat as revealed by novel PCR markers and HPLC. *Theor. Appl. Genet.* 109: 1525 — 1535.
- De Bustos A., Rubio P., Jouve N. 2000. Molecular characterisation of the inactive allele of the gene *Glu-A1* and the development of a set of AS-PCR markers for HMW glutenins of wheat. *Theor. Appl. Genet.* 100: 1085 — 1094.
- Dunford R. P., Kurata N., Laurie D. A., Money T. A., Minobe Y., Moore G. 1995. Conservation of fine-scale DNA marker order in the genomes of rice and the *Triticeae*. *Nucleic Acids Res.* 23: 2724 — 2728.
- European Brewery Convention 1989. In: Pierce J. B. (ed.) *Advances in Malting Barley 1989*. European Brewery Convention, The Netherlands.
- Gautier M. F., Aleman M. E., Guirao A., Marion D., Joudrier P. 1994. *Triticum aestivum* puroindolines, two basic cysteine rich seed proteins: cDNA sequence analysis and developmental gene expression. *Plant Mol. Biol.* 25: 43 — 47.
- Górny A. G. 2005. Genetyka kukurydzy uprawnej, *Zea mays*, L. W: A. G. Górny (red): *Zarys genetyki zbóż*, t. 2. Pszenica, kukurydza, owies: 125 — 310.
- Gross C., Bervas E., Charmet G. 2004. Genetic analysis of grain protein content, grain hardness and dough rheology in a hard × hard bread wheat progeny. *J. Cereal Sci.* 40: 93 — 100.
- Haahr V., von Wettstein D. 1976. Studies of an induced, high-yielding dwarf-mutant of spring barley. *Barley Genetics III. Proceedings of the Third International Barley Genetics Symposium, Garching 1975*. Verlag Karl Thieme, Munich: 215 — 218.
- Hayes P. M., Blake T., Chen T. H. H., Tragoonrun S., Chen F., Pan A., Liu B. 1993. Quantitative trait loci on barley (*Hordeum vulgare* L.) chromosome 7 associated with components of winterhardiness. *Genome* 36: 66 — 71.
- Horvat D., Jurcovic Z., Sudar R., Pavlinic D., Simic G. 2002. The relative amounts of HMW glutenin subunits of OS wheat cultivars in relation to bread-making quality. *Cereal Res. Commun.* 30: 415 — 422.
- Ivanov P., Todorov I., Stoeva I., Ivanova I. 1998. Biochemical and technological characteristics of *Triticum aestivum* lines from two crosses between high and low breadmaking quality cultivars. *Cereal Res. Commun.* 26 (4): 455 — 461.

- Jansen R. C. 1997. Mapping QTLs in experimental and breeding populations. In: Advances in Biometrical Genetics (P. Krajewski, Z. Kaczmarek ed.), Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu: 27 — 34.
- Jansen R., Nap J. P. 2001. Genetical genomics: the added value from segregation. Trends in Genetics 17: 338 — 391.
- Jia Q., Zhang J., Wescott S., Zhang X-Q., Bellgard M., Lance R., Li Ch. 2009. GA-20 oxidase as a candidate for the semidwarf gene *sdw1/denso* in barley. Func. Integr. Genomics 9: 255 — 262.
- Kipp B., Berlitz H.D., Seilmeier W., Wieser H. 1996. Comparative Studies of High M r Subunits of Rye and Wheat. I. Isolation and Biochemical Characterisation and Effects on Gluten Extensibility. J. Cereal Sci. 23: 227 — 234.
- Koester R., Sisco P., Stuber C. 1993. Identification of quantitative trait loci controlling days to flowering and plant height in two near-isogenic lines of maize. Crop Sci. 33: 1209 — 1216.
- Laurie D. A., Pratchett N., Romero C., Simpson E., Snape J. W. 1993. Assignment of the *denso* dwarfing gene to the long arm of chromosome 3H of barley by use of RFLP markers. Plant Breeding 111: 198 — 203.
- Law C. N., Bhandari D. G., Salmon S. E., Greenwell P. W., Foot I. M., Cauvain S. P., Sayers E. J., Worland A. J. 2005. Novel genes on chromosome 3A influencing breadmaking quality in wheat, including a new gene for loaf volume, *Lvl 1*. J. Cereal Sci. 41: 317 — 326.
- Lei Z. S., Gale K. R., He Z. H., Gianibelli C., Larroque O., Xia X. C., Butow B. J., Ma W. 2006. Y-type gene specific markers for enhanced discrimination of high-molecular weight glutenin alleles at the *Glu-B1* locus in hexaploid wheat. J. Cereal Sci. 43:94 — 101.
- Lübberstedt T., Zein I., Andersen J.R., Wenzel G., Krützfeldt B., Eder J., Ouzunova M., Chun S. 2005. Development and application of functional markers in maize. Euphytica 146: 101 — 108.
- Mickelson H. R., Rasmusson D. C. 1994. Genes for short stature in barley. Crop Sci. 34: 1180 — 1183.
- Peng J., Richards D.E., Hartley N. M., Murphy G.P., Devos K.M., Flintham J.E., Beales J., Fish L. J., Worland A. J., Pelica F., Sudhakar D., Christou P., Snape J. W., Gale M. D., Harberd N. P. 1999. "Green revolution" genes encode mutant gibberellin response modulators. Nature 400: 256 — 261.
- Perretant M. R., Cadalen T., Charmet G., Sourdille P., Nicolas P., Boeuf C., Tixier M.H., Branlard G., Bernard S. 2000. QTL analysis of bread-making quality in wheat using a doubled haploid population. Theor. Appl. Genet.: 100: 1167 — 1175.
- Rodriguez-Quijano, M., Nieto-Taladriz M. T., Gomez M., Vazquez J. F., Carrillo J. M. 2001. Quality influence comparison of some x- and y-type HMW-glutenin subunits coded by *Glu-D1* locus. In: Z. Bedo & L. Lang (eds.). Wheat in a Global Environment. Kluwer Academic Publishers, The Netherlands: 189 — 194.
- Salmanowicz B. P., Surma M., Adamski T., Rębarz M. 2008. Effects of amounts of HMW glutenin subunits determined by capillary electrophoresis on technological properties in wheat doubled haploids. J. Sci. Food Agric. 88: 1716 — 1725.
- Sax K. 1923. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. Genetics 8: 552 — 560.
- Schwarz G., Felsenstein F.G., Wenzel G. 2004. Development and validation of a PCR-based marker assay for negative selection of the HMW glutenin allele *Glu-B1-Id* (Bx-6) in wheat. Theor. Appl. Genet. 109: 1064 — 1069.
- Sitnicka D., Figurska K., Orzechowski S. 2009. Analiza funkcjonalna genów. Postępy Biologii Komórki 36: 503 — 516.
- Smilde W. D., Haluskova J., Sasaki T., Graner A. 2001. New evidence for the synteny of rice chromosome 1 and barley chromosome 3H from rice expressed sequence tags. Genome 44: 361 — 367.
- Sturtevant A.H. 1913. The linear arrangement of six sex-linked factors in *Drosophila*, as shown by their mode of association. J. Exp. Zool. 14: 43 — 59.
- Tanksley S. D. 1993. Mapping polygenes. Annu. Rev. Genet. 27: 205 — 233.
- Thomas W. T. B., Powell W., Swanson J. S. 1991. The effects of major genes on quantitatively varying characters in barley. 4. *GPert* and *denso* loci and quality characters. Heredity 66: 381 — 389.
- Thornsberry J. M., Goodman M. M., Doebley J., Kresovich S., Nielsen D., Buckler E. S. 2001. *Dwarf8* polymorphism associate with variation in flowering time. Nat. Genet. 28: 286 — 289.
- Tinker N. A., Mather D. E., Rossmagel B. G., Kasha K. J., Kleinhofs A., Hayes P. M., Falk D. E., Ferguson T., Shugar L. P., Legge W. G., Irvine R. B., Choo T. M., Briggs K. G., Ullrich S. E., Franckowiak J. D., Blake

- T. K., Graf R. J., Dofing S. M., Saghai Maroof M. A., Scoles G. J., Hoffman D., Dahleen L. S., Kilian A., Chen F., Biyashev R.M., Kudrna D., Steffenson A. 1996. Regions of the genome that affect agronomic performance in two-row barley. *Crop Sci.* 36: 1053 — 1062.
- Weegels P. L., Hamer R. J., Schofield J. D. 1996. Critical Review: Functional properties of wheat glutenin. *J. Cereal Sci.* 23:1 — 18.
- Yin X., Stam P., Johan Dourleijn C., Krop M. J. 1999. AFLP mapping of quantitative trait loci for yield-determining physiological characters in spring barley. *Theor. Appl. Genet.* 99: 244 — 253.
- Strongy internetowe:
http://www.arabidopsis.org/portals/genAnnotation/genome_snapshot.jsp.
<http://wheat.pw.usda.gov/GG2/index.shtml>.

BOGNA ZAWIEJA¹**WIESŁAW PILARCZYK**^{1,2}**BOGNA KOWALCZYK**²¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy, Poznań² Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych, Słupia Wielka

Metoda COYU i metoda Bennetta. Empiryczne porównanie decyzji dotyczących wyrównania odmian roślin uprawnych

The COYU method and Bennett method. The empirical comparison of decisions concerning uniformity of crop plants cultivars

Każda nowa odmiana roślin uprawnych, zanim zostanie zarejestrowana, musi zostać oceniona m.in. pod względem jej wyrównania. Decyzje dotyczące wyrównania nowych odmian (odmian „kandydatów”) podejmowane są dla wszystkich badanych cech, zarówno ilościowych jak i cech jakościowych. W przypadku cech jakościowych, w próbie o ustalonej wielkości, obserwuje się liczbę roślin nietypowych i jeśli frakcja takich roślin przekracza pewną wartość progową, odmianę uznaje się za nie spełniającą warunku wyrównania. W przypadku cech ilościowych procedura jest bardziej złożona. Porównuje się odchylenia standardowe odmiany-kandydata ze średnim odchyleniem standardowym odmian zarejestrowanych (wysianych w tym samym doświadczeniu). Oficjalnie zalecaną metodą, w krajach stowarzyszonych w organizacji UPOV, jest tzw. procedura COYU. Metoda ta jest skomplikowana obliczeniowo. Dużo prostszą metodą jest badanie jednorodności współczynników zmienności, wtedy można zastosować na przykład test Bennetta. Nowa metoda może zostać wprowadzona do metodyki badań tylko wtedy, gdy wyniki uzyskane za pomocą nowej metody są zbliżone do wyników starej metody. Dlatego w niniejszym opracowaniu, dokonano zestawienia wszystkich otrzymanych wyników porównania, pod względem zgodności, metody COYU i metody Bennetta. Metody te, w ogólności, okazały się zgodne (w niektórych przykładach metoda COYU była bardziej restrykcyjna w innych Bennetta, jednakże różnice te, z reguły, nie były istotne statystycznie).

Słowa kluczowe: badania OWT, metoda Bennetta, metoda COYU, rzepak ozimy, symulacja, wyrównanie odmian

Before registration, each new variety of crop plants, has to be tested in terms of its uniformity. The decisions concerning uniformity of new varieties („candidates”) are taken for all tested characteristics, both quantitative and qualitative. In the case of qualitative characteristics, in the sample of fixed size, the number of non-typical plants is observed and if the fraction of such plants exceeds some threshold, this variety is considered as not fulfilling the condition of uniformity. In the case of quantitative characteristics the procedure is more complicated. The standard deviation of the candidate variety and average of standard deviations of registered varieties (sown in the same trial) is compared. The officially recommended method, in countries associated in UPOV organization, is so called the COYU procedure.

This method is computationally complicated. Study of the homogeneity of variation coefficients is a much easier method, then the Bennett's method can be used. A new method can be introduced to research methodology only when results obtained with new method are similar to the results of the previous one. Therefore, in this study, all the obtained results of comparison of both methods are summarized. These methods, in general, are consistent (in some of examples the COYU method was more restrictive, while in others it was the Bennett's method, but these differences, usually, were not statistically significant).

Key words: Bennett's method, COYU methods, OWT researches, simulation, uniformity of varieties, winter oil rape

WPROWADZENIE

Każda nowa odmiana roślin uprawnych musi przejść cykl badań zwanych badaniami OWT (odrębności, wyrównania i trwałości). Odrębność oznacza, że nowa odmiana odróżnia się, co najmniej jedną cechą, od wszystkich innych znanych odmian. Odmiana jest uznawana za wyrównaną wtedy, gdy stopień jej wyrównania nie jest gorszy, pod względem wszystkich badanych cech, niż wyrównanie innych znanych odmian. Trwałość oznacza zachowanie tych własności w kolejnych pokoleniach i rozmnożeniach. Decyzje dotyczące OWT odmian podejmowane są zazwyczaj po dwóch lub trzech latach badań.

Niniejsze opracowanie dotyczy jednego z aspektów badań OWT, czyli badania wyrównania odmian. W krajach zrzeszonych w międzynarodowej organizacji koordynującej badania związane z rejestracją nowych odmian roślin, UPOV, oficjalnie zalecaną metodą badania wyrównania odmian roślin obcopylnych jest metoda COYU (Kristensen, Roberts, 2009), polegająca na porównywaniu poprawionych (przy użyciu metody średniej ruchomej) odchyłeń standardowych. Jest to metoda stosowana do analizy wyników serii doświadczeń. W pracach Zawieja i Pilarczyk (2005, 2007), Zawieja i inni (2009, 2010) oraz Pilarczyk i Zawieja (2006) zaproponowano alternatywny sposób badania wyrównania odmian, w którym porównuje się współczynniki zmienności (metoda Bennetta, 1976) odmian znanych i jednej nowej. Ten sposób jest prostszy od metody COYU. Dlatego, mając na uwadze ewentualne zastąpienie starej metody, porównywano wyniki uzyskane za pomocą obu metod. Według zasad obowiązujących w UPOV, nowa metoda może zostać wprowadzona, jeśli decyzje dotyczące odmian są w dużym stopniu zgodne z decyzjami podjętymi przy użyciu metod dotychczasowych. Ponieważ w badaniach OWT podaje się także informację w ilu pojedynczych latach (z dwóch lub trzech lat badań) odmiana była wyrównana, dlatego porównywano także wyniki nowej metody po jej zastosowaniu do analizy pojedynczych doświadczeń (jeden rok badań) z tradycyjnie stosowaną metodą UNIF. Metody porównywano stosując obie metody do wyników doświadczeń z żytem ozimym oraz rzepakiem. Okazało się, że decyzje podejmowane na podstawie obu metod są podobne.

DANE DOŚWIADCZALNE

Dane doświadczalne pochodzą z wieloletnich doświadczeń OWT przeprowadzonych w Stacji Doświadczalnej Oceny Odmian w Słupi Wielkiej. Dotyczą one odmian żyta ozimego (lata 1999–2001) oraz rzepaku (lata 2006–2008). Doświadczenia przeprowadzono w

układzie bloków losowanych kompletnych w trzech replikacjach (żyto) albo w dwóch replikacjach (rzepak). W badaniach uwzględniono osiem cech mierzalnych żyta oraz dwanaście cech rzepaku. Badane cechy u odmian żyta to: 9 — roślina: wysokość, 10 — roślina: długość pomiędzy najwyższym kolankiem a kłosem, 15 — kłos: długość, 12 — liść: długość blaszki liścia podflagowego, 13 — liść: szerokość blaszki liścia podflagowego, 24 — kłos: liczba kłosków, 25 — kłos: długość osadki. Badane cechy u odmian rzepaku: 02 — liścień: długość, 03 — liścień: szerokość, 16 — roślina: wysokość, 17 — roślina: całkowita długość, 08 — liść: długość, 09 — liść: szerokość, 06 — liść: liczba płatków, X1 — liść: długość ogonka, 13 — kwiat: długość płatka, 14 — kwiat: szerokość płatka, 18 — łuszczyzna: długość, 19 — łuszczyzna: długość dziobka, 20 — łuszczyzna: długość szypułki, X2 — łuszczyzna: szerokość. Z każdego poletka wybierano losowo po 20 roślin na których wykonywano pomiary. W doświadczeniu z żytem, liczba badanych odmian wynosiła odpowiednio 73, 83, 75, w kolejnych latach badań, zaś w doświadczeniu z rzepakiem — 221, 230 i 314. W badaniach dotyczących pojedynczych doświadczeń (lat) uwzględniono w obliczeniach wszystkie nowe i znane odmiany. Natomiast w serii doświadczeń (przez lata) uwzględniono tylko te odmiany, które występowały we wszystkich latach badań. Takich odmian było odpowiednio 12 nowych i 19 znanych dla żyta oraz 6 nowych i 83 znane dla rzepaku. Różnice w liczbie wysiewanych każdego roku odmian wynikają ze specyfiki doświadczeń OWT, które odbywają się w sposób ciągły. Każdego roku niektóre odmiany kończą swój cykl badań i nie są już wysiewane, zaś inne są dopiero wprowadzane do doświadczeń.

W serii doświadczeń z rzepakiem, nowych odmian, badanych w ciągu rozpatrywanych trzech lat, było tylko 6. Z tego powodu, w celu wykonania porównań na obszerniejszym materiale doświadczalnym, wygenerowano wyniki dla nowych — sztucznych odmian wykorzystując wyniki dla znanych odmian. Metoda generowania danych polegała na wyznaczeniu ze zbioru średnich oraz odchylen standardowych (obliczonych dla wszystkich badanych znanych odmian - oddzielnie w każdym roku badań), wartości minimalnej i maksymalnej. Następnie wygenerowano wartości średnie nowych odmian zaczynając od najmniejszej wykorzystując następujący wzór $\bar{x}_i = x_{\min} + (i - 1)d$, ($i=0,1,2,3,\dots$). Każdą z tych wartości średnich połączono z każdym wygenerowanym, według wzoru $s_j = s_{\min} + (j - 1)s$ ($j=0,1,2,3,\dots$) odchyleniem standardowym, liczby i, j zwiększano aż do momentu osiągnięcia wartości maksymalnych obliczonych ze zbioru danych. $x_{\min}$ — określa tu najmniejszą wartość średnią odmianową dla rozważanej cechy, a $s_{\min}$ — najmniejszą wartość odchylenia standardowego. Wartości d oraz s wybrano tak, aby otrzymać „rozsądną” liczbę nowych odmian.

METODY

W krajach zrzeszonych w UPOV powszechnie stosuje się następujące metody testowania wyrównania odmian:

A. Wyniki pojedynczego doświadczenia analizuje się oddzielnie dla każdej cechy metodą UNIF (Weatherup, 1992). W metodzie tej odchylenie standardowe nowej

odmiany porównywane jest ze średnim odchyleniem standardowym odmian używanych do porównań (wysiewanych w tym samym doświadczeniu) i tak:

- a) Przy założeniu, że odchylenia standardowe znanych odmian są równe, wartość progową, dla odchylenia standardowego nowej odmiany oblicza się następująco

$$C_1 = \sqrt{1.6\bar{s}^2} \quad (1)$$

gdzie

$$\bar{s}^2 = \sum_{i=1}^w s_i^2 / w, \quad (2)$$

zaś s_i^2 jest wariancją z próby obliczoną dla i -tej odmiany, w jest liczbą uwzględnionych w badaniu znanych odmian. Gdy odchylenie standardowe nowej odmiany nie przekracza wartości progowej C_1 wtedy uznaje się ją za wyrównaną.

- b) Przy założeniu, że odchylenia standardowe znanych odmian są różne, wartość progową dla odchylenia standardowego nowej odmiany oblicza się wg wzoru

$$C_2 = \bar{s} + s_w t_{0.02;w-1}^{tab} \quad (3)$$

gdzie

$$s_w = \sqrt{\sum_{i=1}^w (s_i - \bar{s})^2 / (w-1)},$$

$t_{0.02;w-1}^{tab}$ jest wartością krytyczną rozkładu t -Studenta na poziomie istotności $\alpha = 0.02$ z $w-1$ stopniami swobody. Średnie odchylenie standardowe $\bar{s}$ oblicza się wykorzystując wzór (2). Gdy odchylenie standardowe nowej odmiany nie przekracza wartości progowej (3) wtedy uznaje się ją za wyrównaną.

B. Analizę wyników serii doświadczeń wykonuje się obliczając wartość progową, oddzielnie dla każdej cechy mierzalnej, przy wykorzystaniu następującego wzoru (Talbot, 2000)

$$UC = \bar{s}_d + t_{p;w-1}^{tab} \sqrt{s^2 \left(\frac{1}{l} + \frac{1}{lw} \right)} \quad (4)$$

UC jest wartością progową dla rozważanej cechy, $\bar{s}_d$ jest średnią „poprawionych” odchylen standardowych obliczoną dla wszystkich znanych odmian, s^2 jest wariancją z próby dla poprawionych odchylen standardowych (znanych odmian) po usunięciu efektu lat, l oznacza liczbę lat badań (zwykle 3 lub 2), w jest liczbą znanych odmian a t_p oznacza wartość krytyczną jednostronnego testu t -Studenta na poziomie istotności p i stopniami swobody związanymi z s^2 (zobacz Talbot [2000]). Zwykle przyjmuje się $p = 0.001$ lub 0.002 . Jeśli, dla wszystkich rozważanych cech, odchylenia standardowe nowej odmiany są mniejsze od odpowiednich wartości UC , wtedy odmianę uznaje się za wyrównaną.

C. Nowa metoda polega na zastosowaniu testu Bennetta zarówno do wyników pojedynczego doświadczenia jak i dla serii doświadczeń.

Niech $\{x_{ij}\}$ ($i = 1, \dots, v; j = 1, \dots, n_i$) oznacza $n = \sum n_i$ niezależnych obserwacji (dla jednej cechy) pochodzących z v populacji o rozkładzie normalnym (odmian) $N(\mu_i, \sigma_i^2)$. Współczynnik zmienności i -tej odmiany definiuje się tradycyjnie jako

$$\zeta_i = \sigma_i / \mu_i \text{ gdzie } \mu_i > 0 \quad (5)$$

Zbiór odmian uznaje się za wyrównany jeśli wszystkie współczynniki zmienności nie różnią się istotnie od siebie. Hipoteza zerowa przyjmuje postać

$$H_0 : \quad \zeta_1 = \dots = \zeta_v (= \zeta) \quad (6)$$

Natomiast hipoteza alternatywna orzeka, że przynajmniej jeden współczynnik zmienności różni się od pozostałych.

$$\text{Niech } \psi_i = \zeta_i^2 / (1 + \zeta_i^2), \text{ oraz } y_i = \frac{(n_i - 1)z_i^2}{1 + \frac{(n_i - 1)}{n} z_i^2} \text{ (Iglewicz i in., 1970; Forkman, 2006)} \quad (7)$$

Tutaj $z_i = s_i / \bar{x}_i$ jest empirycznym współczynnikiem zmienności i -tej odmiany, s_i^2 jest wariancją i -tej odmiany i $\bar{x}_i$ oznacza wartość średnią i -tej odmiany. Iglewicz i in. (1968 i 1970) pokazał, że zmienna McKay's (1932) y_i / ψ_i ma przybliżony rozkład χ^2 z $(n_i - 1)$ stopniami swobody oraz, że zmienna y_i ma rozkład Gamma (Pitman, 1939). Należy tutaj zauważyć, iż ta aproksymacja zakłada, że ujemne wartości z_i ($\bar{x}_i < 0$) mogą wystąpić z nieistotnymi prawdopodobieństwami (stąd pojawiło się założenie $\mu_i > 0$ we wzorze (5) oraz, że $z_i < 1/3$). Przy powyższych założeniach hipoteza (6) jest równoważna następującej

$$H_0 : \quad \psi_1 = \dots = \psi_v (= \psi)$$

dla v niezależnych zmiennych $y_1, \dots, y_v$ o rozkładzie Gamma. Statystyka testowa przyjmuje tutaj postać

$$2Z = (n - v) \log \left(\frac{\sum_i y_i}{n - v} \right) - \sum_i (n_i - 1) \log \left(\frac{y_i}{n_i - 1} \right) \quad (8)$$

i ma ona przybliżony rozkład χ^2 z $(v - 1)$ z stopniami swobody.

Ponieważ w UPOV odchylenie standardowe nowej odmiany porównuje się z średnim odchyleniem standardowym dziesięciu odmian, których średnie są najbliższe średniej nowej odmiany, dlatego stosując metodę Bennetta także porównujemy współczynniki zmienności dziesięciu znanych i jednej nowej odmiany.

WYNIKI

W pierwszym doświadczeniu z żytem ozimym (Zawieja i Pilarczyk, 2005) porównano decyzje o wyrównaniu (i o braku wyrównania) odmian podjęte przy zastosowaniu metody UNIF i metody Bennetta, oddzielnie dla każdego roku badań. W obydwu przypadkach

testowanie wykonano na poziomie istotności $\alpha = 0,05$. Porównano łączną liczbę decyzji o wyrównaniu (o braku wyrównania) odmian ze względu na wszystkie rozważane cechy. Stąd liczba decyzji jest większa od liczby badanych odmian. Więcej pozytywnych decyzji o wyrównaniu występowało przy stosowaniu metody Bennetta niż przy stosowaniu metody UNIF. I tak na przykład, na podstawie wyników doświadczenia z roku 1999, przy stosowaniu metody Bennetta podjęto 283 pozytywnych decyzji (czyli występowanie wyrównania), natomiast po zastosowaniu metody UNIF pozytywnych decyzji było 273, na łączną liczbę 287 decyzji. Podobnie, w roku 2000 takich decyzji było odpowiednio 354 i 351 wśród ich łącznej liczby 371, a w roku 2001, 343 i 313 na ich łączną liczbę 343. Uzyskane wyniki porównano stosując dokładny test Fishera (Kendall i Buckland, 1986) na poziomie istotności 0,05. Nie stwierdzono istotnych różnic między decyzjami w dwóch z rozpatrywanych trzech lat badań.

W tym samym doświadczeniu porównywano także decyzje o wyrównaniu odmian uzyskane na podstawie wyników trzyletnich badań (Pilarczyk i Zawieja, 2006). Metodę COYU oraz metodę Bennetta zastosowano do wyników serii doświadczeń. Odpowiednie średnie odmianowe oraz odchylenia standardowe obliczono łącząc wszystkie obserwacje z trzech lat. Testowanie, w obydwu przypadkach, wykonano na poziomie $\alpha = 0,002$. Stosując metodę Bennetta za wyrównane uznano 11 a stosując metodę COYU 9 odmian (spośród 12 badanych). Porównywanie wyników obu metod przy pomocy dokładnego testu Fishera ($\alpha = 0,05$), zastosowanego do tablicy kontyngencji 2×2 , nie wykazało różnic pomiędzy metodami.

W doświadczeniu z żytem badano także zależność występowania różnic pomiędzy wynikami powyższych metod od wielkości korelacji pomiędzy wartościami średnimi dla odmian i odpowiednimi wariancjami w próbie (Zawieja, Pilarczyk, 2007). Okazało się, że gdy korelacja była mniejsza od 0,3, wtedy nie było istotnych różnic między decyzjami. Im silniejsza była korelacja, tym większe były różnice między decyzjami odnośnie wyrównania odmian. Do testowania różnic między decyzjami zastosowano tam test McNemara na poziomie istotności $\alpha = 0,05$.

W serii doświadczeń z odmianami rzepaku (Zawieja i in., 2009) metoda Bennetta okazała się trochę mniej tolerancyjna niż metoda COYU (metoda COYU wykazała wyrównanie wszystkich sześciu nowych odmian, zaś metoda Bennetta pięciu z nich $\alpha = 0,05$ i $0,01$). Wyniki obu metod nie różniły się istotnie (test McNemara na poziomie istotności $\alpha = 0,05$).

Kolejne porównanie wykonano dla danych mieszanych: rzeczywistych — dla znanych odmian oraz symulowanych — dla nowych odmian (Zawieja i in., 2010). Wyrównanie odmian sprawdzano tutaj dla wyników dwuletnich serii doświadczeń ($\alpha = 0,002$ i $\alpha = 0,02$). W większości badanych serii otrzymano pełną zgodność obu metod. W pozostałych seriach także uzyskano statystyczną zgodność, jednakże metoda COYU okazała się, w większości przykładów, nieco bardziej tolerancyjna. Stosując COYU i Bennetta (na poziomie istotności 0,002) stwierdzono wyrównanie wszystkich 187 odmian w latach 2006–2007 podobnie było w latach 2007–2008 wyrównane były wszystkie 272 odmiany, w 2008–2008 metoda COYU pozwoliła uznać za wyrównane 235 odmian zaś metoda Bennetta 219 z 238

odmian. Do porównania zgodności decyzji zastosowano test “odds ratio” OR (Rudas, 1998; Uebersax, 2006) na poziomie istotności 0,01. Dokładny opis tego testu można znaleźć m.in. w pracy Zawieja i. in. (2010). W teście tym wartość statystyki OR obliczamy z tablicy kontyngencji 2×2 , dzieląc iloczyn zgodnych decyzji przez iloczyn niezgodnych decyzji. Duże wartości OR oznaczają zgodność pomiędzy metodami. Chcąc bardziej precyzyjnie określić zgodność wykorzystuje się fakt, że statystyka $Z_0 = \ln(OR) / \sigma_{\ln(OR)}$ ma asymptotyczny rozkład normalny, gdzie $\sigma_{\ln(OR)}^2 = 1/n_{11} + 1/n_{12} + 1/n_{21} + 1/n_{22}$ (n_{ij} — liczebności w poszczególnych klasach).

DYSKUSJA I WNIOSKI

W pracach Zawieji i Pilarczyka (2005) oraz Pilarczyka i Zawieji (2006) pokazano, że decyzje dotyczące wyrównania odmian żyta ozimego, uzyskane metodami COYU i UNIF nie różnią się istotnie od wyników otrzymanych metodą Bennetta. Można także zauważyć, że metoda Bennetta była nieco bardziej tolerancyjna. Z kolei pracy Zawieja i in. (2009) pokazano, że dla danych dotyczących rzepaku ozimego obie metody nadal dają podobne wyniki (nie różnią się istotnie) jednakże bardziej tolerancyjna była metoda COYU. Należy jednak zauważyć, że we wszystkich doświadczeniach wieloletnich decyzje dotyczyły niewielkiej liczby odmian. W celu porównania decyzji o wyrównaniu w oparciu o obszerniejszy zbiór odmian, w opracowaniu Zawieji i innych (2010) użyto danych symulacyjnych wygenerowanych na podstawie danych rzeczywistych. Decyzje dotyczyły wtedy kilkuset odmian. Okazało się, że w większości przypadków metody nie różniły się istotnie a nawet, w kilku przypadkach, uzyskano pełną zgodność. Stosując metodę Bennetta zazwyczaj odrzuca się nieco więcej odmian niż stosując metodę COYU. Pogłębiona analiza przypadków niezgodnych decyzji, odnośnie wyrównania, pozwoliła zauważyć, że metoda Bennetta odrzuca skrajne odmiany (czyli odmiany o małych wartościach średnich i jednocześnie dużych odchyleniach standardowych). Dla niektórych z takich odmian metoda COYU okazała się bardziej tolerancyjna.

LITERATURA

- Bennett B. M. 1976. On an approximate test for homogeneity of coefficients of variation. In: Contributions to applied statistics (ed. W.I. Ziegler). Birkhäuser Verlag: 169 — 171.
- Forkman J. 2006. Statistical inference for the coefficient of variation in normally distributed data. Research Report 2006: 2, Centre of Biostochastics Swedish University of Agricultural Sciences.
- Iglewicz B. and Meyers R. H. 1970. Comparison of approximations of the percentage points of the sample coefficient of variation. Technometrics 12: 166 — 169.
- Iglewicz B., Meyers R. H., Howe R. B. 1968. On the percentage points of the sample coefficient of variation. Biometrika 56: 580 — 581.
- Kendall M. G., Buckland W. R. 1986. Słownik terminów statystycznych. PWE, Warszawa.
- Kristensen K., Roberts A. 2009. Potential approaches to improving COYU. UPOV Geneva. TWC/27/15: 1 — 8.
- McKay A. T. 1932. Distribution of the coefficient of variation and the extender distribution. J.R. Statist. Sec. 95: 695 — 698.

- McNemar Q. 1947. Note on the sampling error of the difference between correlated proportions or percentages. *Psychometrika* 12: 153 — 157.
- Pilarczyk W., Zawieja B. 2006. The comparison of decisions on uniformity of rye varieties based on COYU approach and Bennett's test. *Colloquium Biometricum* 36: 225 — 233.
- Rudas T. 1998. *Odds Ratios in the Analysis of Contingency Tables*. Thousand Oaks, CA: Sage Publ.
- Tabolt M. 2000. The Combined-Over-Years Distinctness and Uniformity criteria. UPOV, TWC/18/10, Geneva.
- Uebersax J. 2006. Odds Ratio and Yule's Q. <http://www.john-uebersax.com/stat/odds.htm>.
- Weatherup S. T. C. 1992. Distinctness, uniformity and stability trial (DUST) analysis system. User manual. Department of Agriculture for Northern Ireland biometrics division. Belfast BT9 5PX.
- Zawieja B., Pilarczyk W. 2005. The comparison of traditional UPOV uniformity criterion and new approach based on Bennett's test for coefficients of variation. *Colloquium Biometricum* 35: 155 — 163.
- Zawieja B., Pilarczyk W. 2007. Further comparison of decisions concerning uniformity of rye varieties based on COYU approach and on Bennett's test. *Colloquium Biometricum* 37: 71 — 76.
- Zawieja B., Pilarczyk W., Kowalczyk B. 2009. The comparison of uniformity decisions based on COYU and Bennett's method — oilseed rape data. *Colloquium Biometricum* 39: 170 — 176.
- Zawieja B., Pilarczyk W., Kowalczyk B. 2010. Comparison of uniformity decisions based on COYU and Bennett's methods — simulated data. *Colloquium Biometricum* 40: 53 — 61.

KATARZYNA AMBROŹY**IWONA MEJZA**Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Modelowanie danych z doświadczeń trójczynnиковych zakładanych w układach zależnych o różnych strukturach blokowych*

Modeling data from three-factor experiments with split units set up in designs with different block structures

W badaniach rolniczych, w szczególności w doświadczeniach polowych, stosuje się wiele układów eksperymentalnych o różnej strukturze blokowej. Wybór każdego układu przy zakładaniu doświadczenia jest ważny przede wszystkim z punktu widzenia praktyki, ale także pociąga za sobą konsekwencje statystyczne. W doświadczeniach wieloczynnikowych, w sytuacji gdy różny jest stopień zainteresowania czynnikami, wykorzystuje się znane z literatury układy o jednostkach rozszczepionych, takie jak układ split-plot, układ split-block lub różne kombinacje tych układów. Zastosowane w poszczególnych układach wielostopniowe schematy randomizacyjne prowadzą do różnych tzw. liniowych modeli randomizacyjnych. W pracy zwrócimy uwagę na wielowarstwowe modele obserwacji dla doświadczeń trójczynnиковych zakładanych w tzw. układach mieszanych, będących różnymi kombinacjami układów split-plot i split-block. Odmienne podział zmienności całkowitej na poszczególne efekty w tych układach generuje liczbę błędów w analizie wariancji. Pociąga to za sobą różną precyzję estymacji porównań między poszczególnymi i interakcyjnymi efektami obiektów. Znajomość tego faktu pozwala na świadome modelowanie danych i optymalną przy danej strukturze materiału doświadczalnego analizę statystyczną. Empiryczna względna efektywność tych układów zilustrowana zostanie na przykładzie symulowanych danych z doświadczenia z pszenicą ozimą.

Słowa kluczowe: Mieszany model liniowy, Układy o jednostkach rozszczepionych, Względna efektywność

In agricultural research, particularly in field experiments, many experimental designs with different block structures can be used. Selecting a design when setting up the experiment is important primarily from the standpoint of practice, but it also entails statistical consequences. In many-factor experiments where there is a different degree of interest in the factors, the literature describes experimental designs with split units, such as split-plot design, split-block design or various combinations of these arrangements. Multi-stage randomization schemes used in the designs lead to different so-called randomization linear models. In this paper we consider the multistratum models of observations for

* Praca została częściowo wykonana w ramach projektu badawczego nr rej.: N N310 111640 finansowanego przez NCN

three-factor experiments set up in so-called mixed designs, which are different combinations of split-plot and split-block layouts. The different division of the total variability between the individual effects generates a number of errors in the analysis of variance in these designs. This entails a different precision of estimation of comparisons among the particular and interaction effects of the treatments. Knowing this fact enables the conscious modeling of data and an optimal statistical analysis using the experimental material structure given. The empirical relative efficiency of these designs will be illustrated on the example of simulated data from experiments with winter wheat.

Key words: Designs with split units, Mixed linear model, Relative efficiency

WSTĘP

W badaniach rolniczych doświadczalnictwo, obejmujące planowanie i analizę danych uzyskanych z doświadczeń z trzema czynnikami, pełni niezwykle ważną rolę. Takie doświadczenia mogą być zakładane w różnych układach doświadczalnych. W pracy zwrócimy uwagę na tak zwane układy mieszane, będące kombinacją dwóch układów split-plot lub split-plot i split-block (np. Gomez i Gomez, 1984; Federer i King, 2007).

Metodyka planowania i analizy doświadczeń zakładanych w rozważanych układach, zarówno kompletnych jak i niekompletnych (przy modelu mieszanym), została przedstawiona między innymi w następujących pracach: dla układu split-split-plot (SSP) w Mejza (1997 a, 1997 b) oraz dla układów split-block-plot (SBP) i split-plot $\times$ split-block (SPSB) w Ambroży i Mejza (2006).

W pracach Ambroży i Mejza (2006, 2008 a, 2009) dokonano także porównania skuteczności układów mieszanych SBP i SPSB w kontekście estymacji efektów głównych czynników i efektów interakcyjnych.

Celem niniejszej pracy jest porównanie względnej efektywności powyższych dwóch układów doświadczalnych pod względem estymacji z układem SSP (zob. też Ambroży i Mejza, 2008 b).

Planując doświadczenia trójczynnikowe w jednym z trzech rozważanych układów należy wziąć pod uwagę przede wszystkim problem badawczy, dostępny materiał doświadczalny oraz względy techniczne. Pomijając jednak aspekt techniczny, można zastanowić się kiedy zyskuje się, a kiedy traci w estymacji funkcji parametrów obiektowych stosując układ SBP, SPSB, względnie SSP z tą samą liczbą jednostek eksperymentalnych (poletek małych). Empiryczna względna efektywność tych układów zilustrowana zostanie na przykładzie symulowanych danych z doświadczenia z pszenicą ozimą.

UKŁADY DOŚWIADCZALNE TRÓJCZYNNIKOWE

Rozważmy doświadczenie trójczynnikowe, w którym czynnik A występuje na s poziomach $A_1, A_2, \dots, A_s$, czynnik B na t poziomach $B_1, B_2, \dots, B_t$ i czynnik C na w poziomach $C_1, C_2, \dots, C_w$. Zatem $v = stw$ oznacza liczbę wszystkich kombinacji obiektowych.

Układ SBP. W tym układzie zakładamy, że materiał doświadczalny jest podzielony na b bloków, przy czym każdy blok tworzy układ wierszowo - kolumnowy z s wierszami i t kolumnami. Wiersze i kolumny, zwane również pasami prostopadłymi, formują poletka,

które dalej nazywamy poletkami dużymi. Następnie każde duże poletko jest rozszczerzone na w poletek małych. Poziomy czynnik A są w sposób losowy rozmieszczone w wierszach w obrębie każdego bloku, poziomy czynnik B w kolumnach każdego bloku, a poziomy czynnik C na poletkach małych wewnątrz poletek dużych.

Układ SPSB. W tym układzie każdy blok tworzy również układ wierszowo - kolumnowy z s wierszami i t kolumnami pierwszego rzędu (kolumny I). W tym wypadku jednak każda kolumna I jest rozszczerzona na w kolumn drugiego rzędu (kolumny II). Poziomy czynnik A rozmieszczamy w sposób losowy w wierszach oraz poziomy czynnik B w kolumnach I rzędu wewnątrz każdego bloku, a poziomy czynnik C w kolumnach II rzędu (w obrębie kolumn I rzędu w każdym bloku).

Układ SSP. Z kolei w tym układzie zakładamy, że każdy blok jest podzielony na s jednostek (poletek) I rzędu (zwanymi też podblokami). Podbloki dzielimy na t poletek dużych (II rzędu), a te następnie na w poletek małych (III rzędu). W obrębie każdego bloku na poletkach I rzędu rozmieszczamy w sposób losowy poziomy czynnik A , następnie wewnątrz nich na poletkach II rzędu poziomy czynnik B , a poziomy czynnik C na poletkach małych III rzędu wewnątrz poletek II rzędu.

MODELE OBSERWACJI

W wyniku zastosowanych schematów losowego rozmieszczenia poziomów czynników w rozważanych układach i przyjętych pewnych standardowych założeń koniecznych w analizie wariancji uzyskujemy trzy mieszane modele liniowe obserwacji postaci:

$$\mathbf{y} = \Delta' \boldsymbol{\tau} + \sum_{f=1}^m \mathbf{D}'_f \boldsymbol{\xi}_f + \mathbf{e}, \quad E(\mathbf{y}) = \Delta' \boldsymbol{\tau}, \quad \text{Cov}(\mathbf{y}) = \sum_{f=1}^m \mathbf{D}'_f \mathbf{V}_f \mathbf{D}_f + \sigma_e^2 \mathbf{I}_n, \quad (1)$$

gdzie $m = 5$ dla układu SBP, $m = 6$ dla układu SPSB oraz $m = 4$ dla układu SSP oraz $\mathbf{y}$ jest $(n \times 1)$ -wymiarowym wektorem obserwacji uporządkowanych leksykograficznie, przy czym $n = bstw$, Δ' jest $(n \times v)$ -wymiarową macierzą układu dla v kombinacji obiektowych, $\boldsymbol{\tau} = [\tau_1, \tau_2, \dots, \tau_v]'$ jest wektorem stałych parametrów obiektowych, $\mathbf{D}'_f$ są odpowiednimi macierzami układów, a $\boldsymbol{\xi}_f$ oznaczają wektory odpowiednich efektów losowych dla poszczególnych układów, $\mathbf{e}$ jest $(n \times 1)$ -wymiarowym wektorem efektów błędów technicznych, $\mathbf{V}_f$ ($f = 1, 2, \dots, m$) są macierzami kowariancji wektorów losowych $\boldsymbol{\xi}_f$.

Macierz kowariancji we wzorze (1) można zapisać jako:

$$\text{Cov}(\mathbf{y}) = \sum_{f=0}^m \gamma_f \mathbf{P}_f, \quad \text{przy czym } \gamma_0 = \sigma_e^2 \quad \text{oraz } \mathbf{P}_0 = \mathbf{I}_n, \quad (2)$$

gdzie γ_f ($f = 0, 1, 2, \dots, m$) oznaczają funkcje komponentów wariacyjnych, a macierze $\{\mathbf{P}_f\}$ są rodziną znanych parami ortogonalnych operatorów sumujących się do macierzy jednostkowej. Macierze te, w zależności od układu, są następującej postaci:

Układ SBP

$$\begin{aligned} \mathbf{P}_0 &= n^{-1} \mathbf{J}_n, & \mathbf{P}_1 &= (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1 - n^{-1} \mathbf{J}_n, \\ \mathbf{P}_2 &= (tw)^{-1} \mathbf{D}'_2 \mathbf{D}_2 - (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1, & \mathbf{P}_3 &= (sw)^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3 - (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1, \\ \mathbf{P}_4 &= w^{-1} \mathbf{D}'_4 \mathbf{D}_4 + (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1 - (tw)^{-1} \mathbf{D}'_2 \mathbf{D}_2 - (sw)^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3, \\ \mathbf{P}_5 &= \mathbf{I}_n - w^{-1} \mathbf{D}'_4 \mathbf{D}_4. \end{aligned}$$

Układ SPSB

$$\begin{aligned} \mathbf{P}_0 &= n^{-1} \mathbf{J}_n, & \mathbf{P}_1 &= (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1 - n^{-1} \mathbf{J}_n, \\ \mathbf{P}_2 &= (tw)^{-1} \mathbf{D}'_2 \mathbf{D}_2 - (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1, & \mathbf{P}_3 &= (sw)^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3 - (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1, \\ \mathbf{P}_4 &= s^{-1} \mathbf{D}'_4 \mathbf{D}_4 - (sw)^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3, \\ \mathbf{P}_5 &= w^{-1} \mathbf{D}'_5 \mathbf{D}_5 - (sw)^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3 - (tw)^{-1} \mathbf{D}'_2 \mathbf{D}_2 + (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1, \\ \mathbf{P}_6 &= \mathbf{I}_n - s^{-1} \mathbf{D}'_4 \mathbf{D}_4 - w^{-1} \mathbf{D}'_5 \mathbf{D}_5 + (sw)^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3. \end{aligned}$$

Układ SSP

$$\begin{aligned} \mathbf{P}_0 &= n^{-1} \mathbf{J}_n, & \mathbf{P}_1 &= (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1 - n^{-1} \mathbf{J}_n, \\ \mathbf{P}_2 &= (tw)^{-1} \mathbf{D}'_2 \mathbf{D}_2 - (stw)^{-1} \mathbf{D}'_1 \mathbf{D}_1, & \mathbf{P}_3 &= w^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3 - (tw)^{-1} \mathbf{D}'_2 \mathbf{D}_2, \\ \mathbf{P}_4 &= \mathbf{I}_n - w^{-1} \mathbf{D}'_3 \mathbf{D}_3. \end{aligned}$$

Równość (2) oznacza, że rozważane w pracy układy mają ortogonalną strukturę blokową, stąd możliwe jest zastosowanie metody analiz wielowarstwowych zaproponowanych przez Nelder (1965 a, 1965 b).

Układ SBP. W tym układzie wyodrębniamy 6 warstw (podprzestrzeni ortogonalnych). Są to: warstwa zerowa (związana z średnią eksperymentu), warstwa (1) — między blokami, warstwa (2) — między wierszami, warstwa (3) — między kolumnami, warstwa (4) — między poletkami dużymi, warstwa (5) — między poletkami małymi wewnątrz poletek dużych.

Układ SPSB. W tym układzie wyodrębniamy 7 warstw (podprzestrzeni ortogonalnych). Są to warstwa zerowa (związana z średnią eksperymentu), warstwa (1) — między blokami, warstwa (2) — między wierszami, warstwa (3) — między kolumnami I rzędu, warstwa (4) — między kolumnami II rzędu, warstwa (5) — między poletkami dużymi, warstwa (6) — między poletkami małymi wewnątrz dużych.

Układ SSP. Z kolei w tym układzie wyodrębniamy 5 warstw (podprzestrzeni ortogonalnych). Są to warstwa zerowa (związana z średnią eksperymentu), warstwa (1) — między blokami, warstwa (2) — między podblokami, warstwa (3) — między poletkami dużymi wewnątrz podbloków oraz warstwa (4) — między poletkami małymi wewnątrz poletek dużych.

EMPIRYCZNA WZGLĘDNA EFEKTYWNOŚĆ UKŁADÓW

Do zbadania skuteczności rozważanych układów w kontekście estymacji porównań obiektowych (kombinacji obiektowych) wykorzystana została ‘względna efektywność’ (WE), angielska nazwa ‘relative efficiency’ (RE), zdefiniowana przez Yatesa (1935) jako porównanie precyzji estymacji.

Definicja 1. Niech Γ_1 i Γ_2 oznaczają dowolne układy doświadczalne, wówczas względna efektywność tych układów (Γ_1 względem Γ_2) jest określona wzorem:

$$WE(\Gamma_1 / \Gamma_2) = \frac{\text{Var } \Gamma_2}{\text{Var } \Gamma_1}, \quad (3)$$

gdzie $\text{Var } \Gamma_1$ i $\text{Var } \Gamma_2$ oznaczają wariancje tego samego kontrastu w obu układach.

Wariancje kontrastu zależą od funkcji komponentów wariancyjnych, które na ogół są nieznane. Stąd w praktyce do porównania skuteczności układów, liczona jest zwykle ocena efektywności, nazywana też ‘empiryczną względną efektywnością’ (EWE), (Hering i Wang, 1998; Wang i Hering, 2005; Shieh i Jan, 2004).

Definicja 2. Empiryczna względna efektywność układu Γ_1 względem Γ_2 (z tą samą liczbą jednostek eksperymentalnych) dla każdego h — tego kontrastu $(\mathbf{c}'_h \boldsymbol{\tau})_f$ w f — tej warstwie jest następująca:

$$EWE_h(\Gamma_1 / \Gamma_2) = \frac{\hat{\text{Var}}^{\Gamma_2}[(\mathbf{c}'_h \boldsymbol{\tau})_f]}{\hat{\text{Var}}^{\Gamma_1}[(\mathbf{c}'_h \boldsymbol{\tau})_{f'}]} = \frac{\hat{\gamma}_f^{\Gamma_2}}{\hat{\gamma}_{f'}^{\Gamma_1}} = \frac{\text{MSE}_{f'}^{\Gamma_2}}{\text{MSE}_{f'}^{\Gamma_1}}, \quad (4)$$

gdzie $\hat{\gamma}_f$ oraz $\hat{\gamma}_{f'}$ oznaczają oceny funkcji komponentów wariancyjnych, $f = 1, 2, \dots, m$; $f' = 1, 2, \dots, m'$ w odpowiednio układach Γ_1 i Γ_2 ,

$h \in K = K_A \cup K_B \cup K_C \cup K_{A \times B} \cup K_{A \times C} \cup K_{B \times C} \cup K_{A \times B \times C}$, $K = \{h: h = 1, 2, \dots, v-1\}$

oraz K_A , K_B , K_C , $K_{A \times B}$, $K_{A \times C}$, $K_{B \times C}$ oraz $K_{A \times B \times C}$ oznaczają zbiory wskaźników kontrastów bazowych związanych odpowiednio z obiektami czynników A , B , C i różnego typu interakcjami.

MATERIAŁ I METODY

W celu zilustrowania teorii opisanej w pracy rozważmy pewne doświadczenie trójczynnikowe, w którym badano reakcję pięciu odmian pszenicy ozimej na zastosowanie antywylegacza przy różnym stopniu nawożenia azotem. Nawożenie przyjęto jako czynnik A : A_1 — 90 kg·ha⁻¹ i A_2 — 150 kg·ha⁻¹, odmiany jako czynnik B : B_1 — Grana, B_2 — Dana, B_3 — Eka Nowa, B_4 — Kaukaz, B_5 — Mironowskaja 808, zaś antywylegacz jako czynnik C : C_1 — 0 kg·ha⁻¹ (brak preparatu), C_2 — 2 kg·ha⁻¹. Cechą obserwowaną był plon ziarna (w q·ha⁻¹). W oryginalnej pracy (Mucha, 1975) do analizy przyjęto tradycyjny model obserwacji dla układu SPSB, w którym efekty blokowe są stałe. W obecnej pracy zastosowano randomizacyjne podejście do tego zagadnienia, a ponadto, dla zilustrowania

metodyki porównywania skuteczności układów omawianych w pracy, analizę statystyczną na symulowanych danych z tego doświadczenia (Ambroży i Mejza, 2006, tab. 8.17) wykonano trzykrotnie zgodnie z modelami układów SBP, SPSB i SSP. Dane uzyskano, stosując generator liczb losowych rozkładu normalnego, w którym wielkości parametrów przyjęto z pracy Muchy (1975).

Poniżej podano jeden ze sposobów przeprowadzenia analizy wyników doświadczenia trójczynnika założonego w rozważanych układach za pomocą programu *STATISTICA* (wersja 8). Sposób ten został wybrany z tego względu, że umożliwia w pełni wykorzystanie informacji jaką niosą prezentowane w pracy modele mieszane obserwacji, w których efekty kombinacji obiektowych są stałe, a pozostałe efekty związane z blokami i jednostkami eksperymentalnymi różnego rzędu są losowe.

Krok 1. Dane należy wpisać do arkusza. Zajmują one pięć kolumn (każda po 60 przypadków). Ważna jest kolejność leksykograficzna czynników (**predyktorów jakościowych**) zapisanych w kolumnach. Nie ma ona znaczenia dla przeprowadzenia analizy wariancji, ale nie jest obojętna w wypadku definiowania kontrastów związanych z interakcjami wyższego rzędu. W prezentowanym przykładzie przyjęto kolejność: bloki — czynnik *A* — czynnik *B* — czynnik *C*, czyli bloki — Nawożenie — Odmiany — Antywylegacz i jako ostatnia kolumna — Plon.

Krok 2. Z menu **Statystyka** wybiera się kolejno opcje:

Zaawansowane modele liniowe — Ogólne modele liniowe

W oknie, które się otworzy, w polu: **Rodzaj analizy:** należy zaznaczyć **ANOVA dla układów czynnikowych**, obok w polu **Sposób definiowania analizy:** wybiera się opcję **Szybkie definiowanie** i akceptuje się wybór klikając przycisk **OK**.

Krok 3. Będąc w oknie **GLM — ANOVA dla układów czynnikowych** należy zadeklarować zmienne, klikając przycisk: **Zmienne**. Następnie w oknie **Wybierz zmienne**, w obrębie pola: **Lista zmiennych zależnych:** należy wskazać kolumnę: **Plon**, a w polu: **Predyktory jakościowe (czynniki)** należy zaznaczyć pozostałe kolumny: **Bloki, Nawożenie, Odmiany, Antywylegacz**.

Dalej w tym samym oknie wybiera się przyciski **Opcje** i **Czynniki losowe**, następnie w kolejnym oknie **Efekty losowe (Model mieszany)** należy zaznaczyć **Bloki** i zaakceptować, klikając przycisk **OK**. W tym samym oknie zmieni się automatycznie typ sumy kwadratów na **Typ III (ortogonalne)**.

Krok 4. W dalszym ciągu będąc w oknie **GLM — ANOVA dla układów czynnikowych** naciska się klawisz **Edytor składni** i w oknie **GLM — Edytor składni** należy w polu: **Składnia analizy** zmienić składnię odejmując w wierszu odpowiednie efekty losowe modelu (czyli nie będą wymienione w analizie wariancji jako oddzielne źródła zmienności).

Dla układu SBP uzyskuje się:

DESIGN = Bloki | "Nawożenie" | Odmiany | "Antywylegacz" — Bloki * "Nawożenie" * Odmiany * "Antywylegacz" — Bloki * "Nawożenie" * "Antywylegacz" — Bloki * Odmiany * "Antywylegacz" — Bloki * "Antywylegacz";

Dla układu SPSB uzyskuje się:

DESIGN = Bloki | "Nawożenie" | Odmiany | "Antywylegacz" — Bloki * "Nawożenie" * Odmiany * "Antywylegacz" — Bloki * "Nawożenie" * "Antywylegacz";

Dla układu SSP uzyskuje się:

DESIGN = Bloki | "Nawożenie" | Odmiany | "Antywylegacz" — Bloki * "Nawożenie" * Odmiany * "Antywylegacz" — Bloki * "Nawożenie" * "Antywylegacz" — Bloki * Odmiany * "Antywylegacz" — Bloki * "Antywylegacz";

Szczegóły postępowania i dalsza analiza statystyczna są zamieszczone w pracy Ambroży i Mejza (2006).

WYNIKI

Zmodyfikowane po obliczeniach uzyskane tabele 1–3 przedstawiają analizy wyników doświadczenia zgodnie z modelami układów, odpowiednio SBP, SPSB oraz SSP. Przyjęte w tabelach oznaczenia czynników są następujące:

A — Nawożenie azotowe / Nitrogen fertilization; *B* — Odmiany pszenicy ozimej / Cultivars of winter wheat; *C* — Antywylegacz / Chemical growth regulator.

Tabela 1

ANOVA dla układu kompletnego SBP
ANOVA for the complete SBP design

Źródło (<i>f</i>) Source (<i>f</i>)	Efekt Effect	DF	SS	MS	F	p
Bloki (1) / Blocks (1)	Losowy/Random	2	165,9523	82,9762		
<i>A</i>	Stały/Fixed	1	302,8507	302,8507	102,45	0,0096
Błąd (2) / Error (2)	Losowy/Random	2	5,9123	MSE ₂ = 2,9562		
<i>B</i>	Stały/Fixed	4	493,6123	123,4031	47,09	0,0000
Błąd (3) / Error (3)	Losowy/Random	8	20,9627	MSE ₃ = 2,6203		
<i>A</i> × <i>B</i>	Stały/Fixed	4	28,7510	7,1878	3,13	0,0794
Błąd (4) / Error (4)	Losowy/Random	8	18,3660	MSE ₄ = 2,2958		
<i>C</i>	Stały/Fixed	1	216,6000	216,6000	197,87	0,0000
<i>A</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	1	2,0907	2,0907	1,91	0,1822
<i>B</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	4	58,1717	14,5429	13,29	0,0000
<i>A</i> × <i>B</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	4	13,6743	3,4186	3,12	0,0378
Błąd (5) / Error (5)	Losowy/Random	20	21,8933	MSE ₅ = 1,0947		

Tabela 2

ANOVA dla układu kompletnego SPSB
ANOVA for the complete SPSB design

Źródło (<i>f</i>) Source (<i>f</i>)	Efekt Effect	DF	SS	MS	F	p
Bloki (1) / Blocks (1)	Losowy/Random	2	165,9523	82,9762		
<i>A</i>	Stały/Fixed	1	302,8507	302,8507	102,45	0,0096
Błąd (2) / Error (2)	Losowy/Random	2	5,9123	MSE ₂ = 2,9562		
<i>B</i>	Stały/Fixed	4	493,6123	123,4031	47,09	0,0000
Błąd (3) / Error (3)	Losowy/Random	8	20,9627	MSE ₃ = 2,6203		
<i>C</i>	Stały/Fixed	1	216,6000	216,6000	174,10	0,0000
<i>B</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	4	58,1717	14,5429	11,69	0,0000
Błąd (4) / Error (4)	Losowy/Random	10	12,0186	MSE ₄ = 1,2019		
<i>A</i> × <i>B</i>	Stały/Fixed	4	28,7510	7,1878	3,13	0,0794
Błąd (5) / Error (5)	Losowy/Random	8	18,3660	MSE ₅ = 2,2958		
<i>A</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	1	2,0907	2,0907	2,12	0,1763
<i>A</i> × <i>B</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	4	13,6743	3,4186	3,46	0,0506
Błąd (6) / Error (6)	Losowy/Random	10	9,8750	MSE ₆ = 0,9875		

Tabela 3

ANOVA dla układu kompletnego SSP
ANOVA for the complete SSP design

Źródło (<i>f</i>) Source (<i>f</i>)	Efekt Effect	DF	SS	MS	F	p
Bloki (1) / Blocks (1)	Losowy/Random	2	165,9523	82,9762		
<i>A</i>	Stały/Fixed	1	302,8507	302,8507	102,45	0,0096
Błąd (2) / Error (2)	Losowy/Random	2	5,9123	MSE ₂ = 2,9562		
<i>B</i>	Stały/Fixed	4	493,6123	123,4031	50,20	0,0000
<i>A</i> × <i>B</i>	Stały/Fixed	4	28,7510	7,1878	2,92	0,0545
Błąd (3) / Error (3)	Losowy/Random	16	18,3660	MSE ₃ = 2,4581		
<i>C</i>	Stały/Fixed	1	216,6000	216,6000	197,87	0,0000
<i>A</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	1	2,0907	2,0907	1,91	0,1822
<i>B</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	4	58,1717	14,5429	13,29	0,0000
<i>A</i> × <i>B</i> × <i>C</i>	Stały/Fixed	4	13,6743	3,4186	3,12	0,0378
Błąd (4) / Error (4)	Losowy/Random	20	21,8933	MSE ₄ = 1,0947		

WNIOSKI

W rozdziale tym określono empiryczną względną efektywność rozważanych w pracy układów kompletnych z tą samą liczbą jednostek eksperymentalnych równą $n = 60$. Uzyskano, że (patrz wzór (4) oraz tabele 1–3):

1. Dla estymacji kontrastów między efektami głównymi czynnika *A* (Nawożenie) porównywane trzy układy są jednakowo skuteczne, czyli precyzja estymacji tych kontrastów jest jednakowa w rozważanych układach.
2. Dla estymacji kontrastów między efektami głównymi czynnika *B* (Odmiany) bardziej skuteczny jest układ SSP w stosunku do dwóch pozostałych układów, czyli SBP i SPSB.

3. Układ SSP jest mniej efektywny w stosunku do dwóch pozostałych rozważanych układów, które są jednakowo skuteczne jeśli chodzi o estymację kontrastów interakcyjnych typu $A \times B$.
4. Dla estymacji kontrastów między efektami głównymi czynnika C (Antywylegacz) oraz między efektami interakcyjnymi typu $A \times C$, $B \times C$ oraz $A \times B \times C$ układ SSP jest tak samo skuteczny jak układ SBP.
5. Dla estymacji kontrastów między efektami głównymi czynnika C oraz między efektami interakcyjnymi typu $B \times C$ bardziej skuteczny okazuje się być układ SSP w stosunku do układu SPSB.
6. Dla estymacji kontrastów między efektami interakcyjnymi typu $A \times C$ i $A \times B \times C$ bardziej skuteczny jest układ SPSB w stosunku do układu SSP.

LITERATURA

- Ambroży K., Mejza I. 2006. Doświadczenia trójczynnikiowe z krzyżową i zagnieżdżoną strukturą poziomów czynników. Wyd. Polskie Towarzystwo Biometryczne i Prodrak, Poznań.
- Ambroży K., Mejza I. 2008 a. The relative efficiency of split-plot $\times$ split-block designs and split-block-plot designs. *Biometrical Letters*, Vol.45, No. 1: 29 — 44.
- Ambroży K., Mejza I. 2008 b. Mixed designs in agriculture. XVIIIth Summer School of Biometrics. Pavel Fl'ak (Ed.), VUZV, Nitra, Slovakia: 27 — 35.
- Ambroży K., Mejza I. 2009. Analiza danych z krzyżową i zagnieżdżoną strukturą poziomów czynników na przykładzie doświadczenia z łubinem. *Biul. IHAR* 251: 269 — 281.
- Federer W. T., King F. 2007. Variations on split plot and split block experiment designs. Wiley, New Jersey.
- Gomez K.A., Gomez A. A. 1984. Statistical procedures for agricultural research. Wiley, New York.
- Hering F., Wang M. 1998. Efficiency comparison of split-block design versus split-plot design. *Biometrical Letters* 35: 27 — 35.
- Mejza I. 1997 a. Doświadczenia trójczynnikiowe w niekompletnych układach o poletkach podwójnie rozszczepionych. *Colloq. Biom.* 27: 127 — 138.
- Mejza I. 1997 b. Incomplete split-split-plot designs. 51st Session of the International Statistical Institute ISI'97, Istanbul. Contributed Papers, Book 1: 221 — 222.
- Mucha S. 1975. Reakcja odmian pszenicy jarej i ozimej na Antywylegacz. *Wiadomości Odmianoznawcze*, Rok II, Zeszyt 2/3, COBORU, Słupia Wielka.
- Nelder J. A. 1965 a. The analysis of randomized experiments with orthogonal block structure. 1. Block structure and the null analysis of variance. *Proc. of the Royal Society of London A* 283: 147 — 162.
- Nelder J. A. 1965 b. The analysis of randomized experiments with orthogonal block structure. 2. Treatment structure and general analysis of variance. *Proc. of the Royal Society of London A* 283: 163 — 178.
- Shieh G., Jan S. L. 2004. The effectiveness of randomized complete block design. *Statistica Neerlandica* Vol. 58, nr. 1: 111 — 124.
- Wang M., Herring F. 2005. Efficiency of split-block designs versus split-plot designs for hypothesis testing. *Journal of Statistical Planning and Inference*, 132: 163 — 182.
- Yates F. 1935. Complex experiments (with discussion). *J. Roy. Statist. Soc. Suppl.* 2: 181 — 247.

ANETA KRAJEK
KRYSTYNA SZWED-URBAŚ
ZBIGNIEW SEGIT

Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin
Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Ocena zmienności i współzależności cech ilościowych w kolekcji jarej pszenicy twardej pochodzenia afgańskiego

The estimation of variability and correlation of quantitative traits in spring durum wheat collection of Afghan origin

W latach 2007–2010 przeprowadzono badania z 73 genotypami jarej pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.) pozyskanymi z National Germplasm Resources Laboratory USDA, ARS, Beltsville. Były to populacje miejscowe pochodzące z Afganistanu, głównie z prowincji Helmand, Herat, Kabul i Kandahar. Wszystkie genotypy poddano szczegółowej ocenie w czteroletnim cyklu doświadczeń polowych przeprowadzonych w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach koło Nałęczowa. Analizowano następujące cechy: liczba dni od wschodów do kłoszenia, długość okresu wegetacji, wysokość roślin, długość osadki kłosowej, liczba kłosków w kłosie, zbitość kłosa, liczba ziaren w kłosie i kłosku, masa ziaren z kłosa, masa 1000 ziaren oraz zawartość białka ogólnego w ziarnie. Uzyskane wyniki wskazują na duże zróżnicowanie badanego materiału pod względem wszystkich analizowanych cech, przy czym najwyższe współczynniki zmienności stwierdzono dla liczby ($CV=15,7\%$) i masy ziaren z kłosa ($CV=23,8\%$) oraz masy 1000 ziaren ($CV=15,0\%$). W odniesieniu do liczby ziaren w kłosie i kłosku można sądzić o znacznej interakcji genotypowo-środowiskowej, o czym świadczą nieistotne współczynniki korelacji pomiędzy wszystkimi latami badań. Masa ziaren z kłosa zależała głównie od liczby ziaren w kłosie ($r_{xy}=0,810$) i kłosku ($r_{xy}=0,824$) oraz MTZ ($r_{xy}=0,772$). Korelacje wymienionej cechy z zawartością białka w ziarnie były natomiast nieistotne ($r_{xy}=-0,172$). W analizowanej populacji genotypów można wskazać na szereg form o wysokiej i mało zmiennej w latach masie ziaren z kłosa oraz wysokiej zawartości białka w ziarnie. Mogą one być interesującym materiałem wyjściowym w praktycznej hodowli pszenicy twardej w Polsce.

Słowa kluczowe: cechy ilościowe, pszenica twarda, zasoby genowe

A study on 73 spring durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes obtained from National Germplasm Resources Laboratory USDA, ARS, Beltsville was carried out in 2007–2010. They were local populations originating from Afghanistan, mainly from Helmand, Herat, Kabul, Kandahar provinces. All genotypes were assessed in detail during the four year cycle of field experiment conducted at the Experimental Field Station of the University of Life Sciences in Czesławice near Nałęczów. The following traits were analyzed: number of days from emergence to heading, vegetation

period, plant height, spike rachis length, number of spikelets per spike, spike density, number of grains per spike and spikelet, weight of grains per spike, 1000 grain weight and total protein content in the grain. The obtained results indicate a large differentiation of tested materials regarding all analyzed traits, although the number of grains per spike, weight of grains per spike and 1000 grain weight were characterized by highest values of variability coefficients ($CV = 15.7\%$; $CV = 23.8\%$; $CV = 15.0\%$). The number of grains per spike and spikelet indicate considerable genotype-environmental interaction, which was proved by insignificant values of correlation coefficients between years. The weight of grains per spike depended mainly on number of grains per spike ($r_{xy} = 0.810$) and spikelet ($r_{xy} = 0.824$) and 1000 grain weight ($r_{xy} = 0.772$). The correlation coefficient of above mentioned trait with protein content in grain was insignificant ($r_{xy} = -0.172$). However, in analyzed population a lot of genotypes had high and stable in years weight of grains per spike and high protein content in the grain. They can be an interesting initial material in a practical breeding of durum wheat in Poland.

Key words: genetic resources, quantitative traits, *Triticum durum*

WSTĘP

Prace badawcze nad pszenicą twardą prowadzone w Instytucie Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin UP w Lublinie dotyczą między innymi oceny materiałów kolekcyjnych. Mają one na celu systematyczne gromadzenie oraz charakterystykę odmian, rodów hodowlanych oraz populacji miejscowych pszenicy twardej pochodzących ze wszystkich rejonów uprawy tego gatunku zboża na świecie. Pozyskiwane corocznie nowe źródła genetyczne poszerzają zakres zmienności wewnątrzgatunkowej oraz stanowią wartościowy materiał wyjściowy dla krajowego programu hodowli pszenicy (Szwed-Urbaś, 2004; Szwed-Urbaś i Segit, 2007, 2010). Badania są koordynowane przez Krajowe Centrum Roślinnych Zasobów Genowych IHAR i finansowane przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Celem niniejszej pracy była ocena zmienności i współzależności cech ilościowych w kolekcji jarej pszenicy twardej pochodzenia afgańskiego.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły 73 genotypy jarej pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.), które pozyskano z National Germplasm Resources Laboratory USDA, ARS, Beltsville. Były to populacje miejscowe pochodzące z Afganistanu, głównie z prowincji Helmand, Herat, Kabul i Kandahar.

Wszystkie genotypy były oceniane w czteroletnim cyklu doświadczeń polowych przeprowadzonych w latach 2007–2010 w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach koło Nałęczowa na glebie lessowej o podłożu brunatnym. Wiosną ziarniaki badanych form wysiewano ręcznie na 5- rzędkowych poletkach o powierzchni 2 m², przy rozstawie między rzędami 20 cm. Na każde poletko wysiano po 630 ziarniaków.

W okresie wegetacji odnotowano terminy wschodów, kłoszenia i dojrzałości pełnej roślin i na tej podstawie określono liczbę dni od wschodów do kłoszenia oraz długość okresu od wschodów do pełnej dojrzałości. Dokonano również pomiaru wysokości roślin w 3 losowo wybranych miejscach na każdym poletku. Corocznie w okresie dojrzałości

pełnej z każdego poletka wybrano losowo po 50 kłosów. Na podstawie pomiaru 10 kłosów określono długość osadki kłosowej, liczbę kłosków w kłosie oraz obliczono zbitość kłosa. Natomiast liczbę i masę ziaren z kłosa, płodność kłoska oraz masę 1000 ziaren obliczono na podstawie łącznego omłotu 50 kłosów. Oznaczono również zawartość białka ogólnego w ziarnie za pomocą aparatu Kjel-Tec w Centralnym Laboratorium Aparaturowym Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, stosując przy przeliczeniu azotu na białko współczynnik 6,25.

Na podstawie wyników uzyskanych z 4 lat badań obliczono średnie wartości analizowanych cech w poszczególnych latach oraz średnie wieloletnie, które posłużyły do opracowania rozkładów zmienności dla wybranych cech użytkowych. Określono również współczynniki zmienności (CV%) i współczynniki korelacji (r_{xy}) pomiędzy latami badań oraz pomiędzy wszystkimi analizowanymi cechami.

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 przedstawiono średnie, zakres zmienności oraz współczynniki zmienności (CV%) dla analizowanych cech ilościowych jarej pszenicy twardej.

Tabela 1

Średnie, zakres zmienności i współczynniki zmienności (CV) dla badanych cech ilościowych *T. durum* (lata 2007–2010)
Means, variability range and variability coefficients (CV) for tested quantitative traits of *T. durum* (years 2007–2010)

Cecha Trait	Rok Year	Min — Max	Średnia Mean	CV (%)
1	2	3	4	5
Liczba dni: wschody — kłoszenie Number of days: emergence — heading	2007	43–65	51,5	7,9
	2008	43–73	54,8	14,0
	2009	48–70	59,0	11,4
	2010	46–72	56,6	11,4
	ogółem — total	46,0–65,0	55,5	8,1
Liczba dni: wschody — dojrzałość pełna Number of days: emergence — full maturity	2007	97–108	101,6	2,4
	2008	89–111	102,6	6,1
	2009	103–119	110,4	5,3
	2010	97–105	99,0	3,0
	ogółem — total	96,5–109,8	103,4	3,4
Wysokość roślin (cm) Plant height (cm)	2007	86,3–142,3	108,0	10,1
	2008	77,0–133,7	102,1	11,1
	2009	76,7–133,7	107,0	12,1
	2010	90,0–159,7	119,3	12,3
	ogółem — total	90,7–130,3	109,1	7,7
Długość osadki kłosowej (cm) Spike rachis length (cm)	2007	5,1–10,4	7,1	15,7
	2008	4,8–10,5	6,9	17,3
	2009	4,4–10,4	7,4	17,7
	2010	4,0–9,8	6,4	18,8
	ogółem — total	4,9–9,0	7,0	13,6

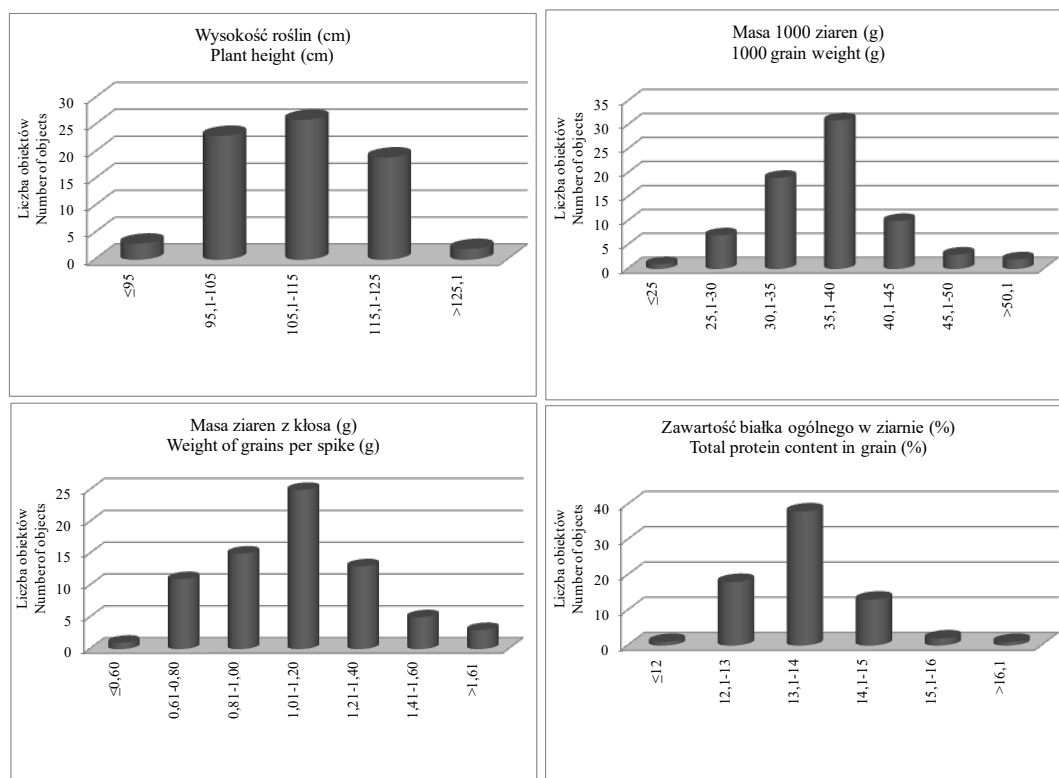
c.d. Tabela 1

1	2	3	4	5
Liczba kłosków w kłosie Number of spikelets per spike	2007	11,1–17,9	14,4	9,5
	2008	10,4–18,1	13,5	11,3
	2009	12,1–22,0	16,3	11,0
	2010	12,0–22,7	15,4	11,5
	ogółem — total	12,4–18,3	14,9	7,6
Zbitość kłosa (D) Spike density (D)	2007	10,3–29,0	19,2	16,5
	2008	11,2–32,2	18,5	19,3
	2009	13,3–33,7	21,3	18,6
	2010	13,4–40,8	23,3	19,8
	ogółem — total	13,5–30,3	20,6	14,6
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	2007	16,5–40,4	28,0	18,9
	2008	10,4–49,3	30,4	28,8
	2009	2,8–56,8	29,9	27,9
	2010	10,1–52,8	29,7	24,8
	ogółem — total	19,7–40,4	29,5	15,7
Płodność kłoska Spikelet fertility	2007	1,3–2,8	1,9	15,1
	2008	0,8–4,1	2,3	31,6
	2009	0,2–2,6	1,8	21,1
	2010	0,7–3,0	1,9	21,1
	ogółem — total	1,4–2,7	2,0	12,7
Masa ziaren z kłosa (g) Weight of grains per spike (g)	2007	0,43–1,73	1,10	29,3
	2008	0,38–1,81	1,06	33,7
	2009	0,14–1,96	1,08	34,6
	2010	0,14–2,30	1,10	15,4
	ogółem	0,51–1,72	1,09	23,8
Masa 1000 ziaren (g) 1000 grain weight (g)	2007	20,8–63,3	39,0	21,9
	2008	20,8–54,1	35,5	18,4
	2009	19,9–59,7	36,1	20,1
	2010	13,6–65,3	35,8	29,6
	ogółem — total	24,7–53,4	36,6	15,0
Zawartość białka ogólnego w ziarnie (%) Total protein content in grain (%)	2007	11,6–18,3	14,3	8,5
	2008	10,8–15,6	13,3	8,5
	2009	10,3–18,0	13,1	10,1
	2010	11,1–18,8	13,6	10,9
	ogółem — total	11,8–16,1	13,6	5,9

Otrzymane wyniki wskazują na duże zróżnicowanie badanych genotypów w odniesieniu do wszystkich cech, zarówno w poszczególnych latach badań, jak również w obrębie całej populacji. Największe zróżnicowanie stwierdzono dla liczby i masy ziaren z kłosa oraz masy 1000 ziaren, o czym świadczą wysokie wartości współczynników zmienności (dla liczby ziaren w kłosie CV = 15,7%, przy wahaniach zależnie od lat od 18,9 do 28,8%; dla masy ziaren z kłosa CV = 23,8%, wahania od 29,3 do 45,4% oraz dla MTZ CV = 15,0%, przy wahaniach w latach od 18,4 do 29,6%). Najmniejszą zmiennością charakteryzowała się długość całego okresu wegetacji roślin (CV = 3,4%, przy wahaniach zależnie od roku badań od 2,4 do 6,1%). Podobne wyniki dla materiałów kolekcyjnych jarej pszenicy twardej uzyskali m. in.: Szwed-Urbaś (2004), Szwed-Urbaś i Segit (2007, 2010), przy czym autorzy wskazują również na dużą zmienność wysokości roślin w analizowanym przez nich materiale kolekcyjnym (CV od 14,2 do 16,0%). W niniejszej pracy współczynnik zmienności dla wyżej wymienionej cechy wynosił zaledwie 7,7%, a

w zależności od lat badań jego wartość kształtowała się na poziomie 10,1–12,3%. Średnia wysokość roślin dla afgańskiej populacji jarej pszenicy twardej wynosiła 109,1 cm i większość obiektów przewyższała pod względem tej cechy średnią wartość dla całej populacji, co związane było z ich wrażliwością na wyleganie.

Warto odnotować, że 26 obiektów miało wysokość nie przekraczającą 105 cm, z czego 3 charakteryzowały się wartościami omawianej cechy do 95 cm (tab. 1, rys. 1). Mogą one być wykorzystane jako genetyczne źródło odporności na wyleganie, gdyż jak podają Wojaś i Węgrzyn (2001) wysokość roślin odgrywa bardzo istotną rolę w kształtowaniu się odporności na wyleganie.



Rys. 1. Rozkład wartości ważniejszych cech ilościowych w analizowanym materiale *Triticum durum*
Fig. 1. The distribution of values of more important quantitative traits in the analyzed material of *Triticum durum*

Analizowana populacja charakteryzowała się dość niską średnią masą ziaren z kłosa (1,09 g) oraz niską średnią masą 1000 ziaren (36,6 g), chociaż w poszczególnych latach badań odnotowano genotypy o wartościach tych cech odpowiednio powyżej 2,0 g i 50,0 g. Analizując rozkłady omawianych cech można stwierdzić, że większość obiektów charakteryzowała się wyższymi niż średnia dla populacji wartościami w/w cech, z czego 8

genotypów miało masę ziaren z kłosa powyżej 1,4 g, zaś 5 miało MTZ powyżej 45 g. Średnia zawartość białka w ziarnie wynosiła od 11,8 do 16,1%; przy czym dla 16 obiektów wartość omawianej cechy przekraczała 14% (tab. 1, rys. 1). Wysokimi wartościami masy ziaren z kłosa, jak również masy 1000 ziaren i zawartości białka w ziarnie charakteryzowały się także linie pszenicy twardej oceniane przez autorów w poprzednich latach (Szwed-Urbaś i Segit, 1996; Segit i Szwed-Urbaś, 2008, 2009).

Tabela 2

Współczynniki korelacji między latami dla analizowanych cech ilościowych
Correlation coefficients between years for analyzed quantitative traits

Cecha Trait	Lata badań Years of research	Współczynnik korelacji między latami Correlation coefficients between years
Liczba dni: wschody — kłoszenie Number of days: emergence — heading	2007–2008	0,560**
	2008–2009	0,573**
	2009–2010	0,208
Liczba dni: wschody — dojrzałość pełna Number of days: emergence — full maturity	2007–2008	0,501**
	2008–2009	0,877**
	2009–2010	0,177
Wysokość roślin (cm) Plant height (cm)	2007–2008	0,721**
	2008–2009	0,566**
	2009–2010	0,035
Długość osadki kłosowej (cm) Spike rachis length (cm)	2007–2008	0,860**
	2008–2009	0,852**
	2009–2010	0,103
Liczba kłosek w kłosie Number of spikelets per spike	2007–2008	0,737**
	2008–2009	0,625**
	2009–2010	-0,079
Zbitość kłosa (D) Spike density (D)	2007–2008	0,852**
	2008–2009	0,935**
	2009–2010	0,161
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	2007–2008	0,147
	2008–2009	0,138
	2009–2010	0,041
Płodność kłoska Spikelet fertility	2007–2008	-0,013
	2008–2009	-0,019
	2009–2010	0,070
Masa ziaren z kłosa (g) Weight of grains per spike (g)	2007–2008	0,618**
	2008–2009	0,558**
	2009–2010	-0,086
Masa 100 ziaren (g) 1000 grain weight (g)	2007–2008	0,459**
	2008–2009	0,547**
	2009–2010	0,006
Zawartość białka ogólnego w ziarnie (%) Total protein content in grain (%)	2007–2008	0,493**
	2008–2009	0,451**
	2009–2010	-0,047

* r_{xy} Istotny przy $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0,05$

** r_{xy} Istotny przy $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0,01$

Analizując przedstawione w tabeli 2 współczynniki korelacji między latami dla wybranych cech ilościowych można stwierdzić, że mimo dużej zmienności w latach badań wartość takich cech, jak: masa ziaren z kłosa, masa 1000 ziaren oraz zawartość białka w ziarnie, zależała głównie od genotypu, o czym świadczą stosunkowo wysokie i istotne

współczynniki korelacji między latami 2007–2008 oraz 2008–2009 (odpowiednio: 0,618 i 0,558 dla masy ziaren z kłosa, 0,459 i 0,547 dla MTZ oraz 0,493 i 0,451 dla zawartości białka w ziarnie). Statystycznie nieistotne współczynniki korelacji pomiędzy wartościami wymienionych cech otrzymano jedynie dla lat 2009–2010. Dotyczy to również większości pozostałych cech biometrycznych. W odniesieniu natomiast do liczby ziaren w kłosie i kłosku można sądzić o znacznej interakcji genotypowo-środowiskowej, o czym świadczą nieistotne współczynniki korelacji pomiędzy wszystkimi latami badań (tab. 2). Na istotną interakcję genotypowo-środowiskową pomiędzy wymienionymi cechami wskazują również badania Szwed-Urbaś i Segita (2010).

Tabela 3

Współczynniki korelacji dla badanych cech ilościowych
Correlation coefficients of the tested quantitative traits

Cecha Trait	Liczba dni: wschody — kłoszenie Number of days: emergence — heading	Liczba dni: wschody — dojrzałość pełna Number of days: emergence — full maturity	Wysokość roślin Plant height (cm)	Długość osadki kłosowej Spike rachis length (cm)	Liczba kłosek w kłosie Number of spikelets per spike	Zbiorność kłosa Spike density	Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	Płodność kłoska Spikelet fertility	Masa ziaren z kłosa Weight of grains per spike (g)	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight (g)
Liczba dni: wschody — dojrzałość pełna Number of days: emergence — full maturity	0,802**									
Wysokość roślin (cm) Plant height	0,411**	0,537**								
Długość osadki kłosowej (cm) Spike rachis length	-0,207	-0,079	0,018							
Liczba kłosek w kłosie Number of spikelets per spike	0,392**	0,381**	0,228	0,132						
Zbiorność kłosa Spike density	0,347**	0,228	0,023	-0,813**	0,417**					
Liczba ziaren w kłosie Number of grains per spike	0,007	-0,018	0,233*	0,034	0,634**	0,278*				
Płodność kłoska Spikelet fertility	-0,248*	-0,275*	0,131	-0,064	0,155	0,102	0,855**			
Masa ziaren z kłosa (g) Weight of grains per spike	-0,101	-0,087	0,305**	-0,058	0,310**	0,142	0,810**	0,824**		
Masa 1000 ziaren (g) 1000 grain weight	-0,156	-0,084	0,235*	-0,145	-0,170	-0,049	0,299*	0,496**	0,772**	
Zawartość białka ogólnego w ziarnie (%) Total protein content in grain	-0,001	0,072	0,160	-0,228	-0,144	0,081	-0,256*	-0,207	-0,172	-0,016

* r_{xy} Istotny przy $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0,05$

** r_{xy} Istotny przy $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0,01$

Współczynniki korelacji liniowej dla badanych cech ilościowych jarej pszenicy twardej wskazują w większości przypadków na niską współzależność analizowanych cech (tab. 3). Na uwagę zasługuje wysoka i istotna korelacja masy ziaren z kłosa z liczbą ziaren w kłosie ($r_{xy} = 0,810$) i kłosku ($r_{xy} = 0,824$) oraz z masą 1000 ziaren ($r_{xy} = 0,772$). Wyniki wcześniejszych badań Szwed-Urbaś (1997) oraz Szwed-Urbaś i Segita (2004) wskazują również na wysoką współzależność w/w cech. Brak natomiast istotnej współzależności pomiędzy masą ziaren z kłosa a zawartością białka w ziarnie oraz MTZ, podobnie jak w badaniach Szwed-Urbaś i in. (1996, 1997) oraz Szwed-Urbaś i Segita (2007, 2010), wskazuje na możliwość hodowli plennych odmian o dobrej jakości ziarna.

WNIOSKI

1. Badane populacje miejscowe jarej pszenicy twardej pochodzenia afgańskiego są zróżnicowane pod względem analizowanych cech ilościowych, przy czym najwyższym współczynnikiem zmienności charakteryzowały się: liczba i masa ziaren z kłosa oraz masa 1000 ziaren.
2. W analizowanej populacji genotypów można wskazać na szereg form o wysokiej i mało zmiennej w latach masie ziaren z kłosa oraz wysokiej zawartości białka w ziarnie, co przy braku istotnych współzależności pomiędzy tymi cechami oraz masą 1000 ziaren stwarza możliwość wyboru form dobrze plonujących o dobrej jakości ziarna, które mogą być interesującym materiałem wyjściowym w praktycznej hodowli pszenicy twardej w Polsce.
3. Wartość ważniejszych cech plonotwórczych zależała nie tylko od genotypu, ale również od lat badań. Dotyczy to zwłaszcza płodności kłosa i kłoska, czego wyrazem są nieistotne współczynniki korelacji między latami badań.

LITERATURA

- Segit Z., Szwed-Urbaś K. 2008. Zróżnicowanie genetyczne cech użytkowych pszenicy twardej. Biul. IHAR 250: 117 — 124.
- Segit Z., Szwed-Urbaś K. 2009. Ocena struktury plonu i wartości technologicznej ziarna 6 linii pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). Annales UMCS, Sec. E 64, 3: 120 — 128.
- Szwed-Urbaś K. 1997. Wyniki oceny materiałów kolekcyjnych *Triticum durum* Desf. w 1996 r. Biul. IHAR 203: 115 — 127.
- Szwed-Urbaś K. 2004. Zróżnicowanie cech ilościowych w kolekcji *Triticum durum* Desf. w zależności od pochodzenia materiału i lat badań. Zesz. Prob. Post. Nauk Rol. 497: 597 — 603.
- 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.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 1996. Wartość ważniejszych elementów plonowania *Triticum durum* z uwzględnieniem interakcji genotypowo-środowiskowej. Biul. IHAR 200: 291 — 297.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2004. Charakterystyka wybranych cech ilościowych u mieszańców pszenicy twardej. Annales UMCS, Sec. E 59, 1: 101 — 113.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2007. Ocena zmienności i współzależności cech użytkowych w kolekcji pszenicy twardej. Zesz. Prob. Post. Nauk Rol. 517: 731 — 739.

- Szwed-Urbaś K., Segit Z. 2010. Charakterystyka egipskich populacji miejscowych *Triticum durum* Desf. Zesz. Prob. Post. Nauk Rol. 555: 427 — 436.
- Wojas T., Węgrzyn S. 2001. Źródła genetyczne cech użytkowych pszenicy ozimej (*Triticum aestivum* L.) w kolekcji roboczej Instytutu Hodowli i Aklimatyzacji Roślin. Biul. IHAR 218/219: 39 — 48.

WANDA KOCIUBA¹**ZBIGNIEW SEGIT**¹**WŁADYSŁAW KADŁUBIEC**²**RAFAŁ KURIATA**²¹ Instytut Genetyki Hodowli i Biotechnologii Roślin UP w Lublinie² Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa UP we Wrocławiu

Ocena zdolności kombinacyjnej wybranych odmian i linii pszenicy twardej *T. durum* Desf.

Estimation of combining ability of chosen *T. durum* Desf. cultivars and lines

Materiał do badań stanowiły mieszańce F₂ uzyskane ze skrzyżowania 6 form matecznych (AC Melita, Solga, Wagtail, LGR 900/3a, LGR 1359/8, ICDW 21666) z 4 formami ojcowskimi (Immer, Atlas, ICDW 21545, Heines Deutscher Hartweizen). Oszacowano ogólną i swoistą zdolność kombinacyjną. Stwierdzono przewagę addytywnego działania genów w dziedziczeniu większości analizowanych cech. Na podstawie oszacowanych efektów GCA należy wyróżnić odmiany Wagtail, i Immer oraz linię LGR 900/3a, które korzystnie oddziałują na wiele cech. Wieloma dodatnimi efektami swoistej zdolności kombinacyjnej charakteryzują się mieszańce AC Melita × ICDW 21545 i Wagtail × Heines Deutscher Hartweizen.

Słowa kluczowe: pszenica twarda, mieszańce, zdolność kombinacyjna

Material for the study consisted of second generation hybrids (F₂) derived from crosses of six maternal forms (AC Melita, Solga, Wagtail, LGR 900/3a, LGR 1359/8, ICDW 21666) with four paternal forms (Immer, Atlas, ICDW 21545, Heines Deutscher Hartweizen). General and specific combining ability was estimated in research. Predominance of additive genes effect in heredity of the most of analyzed traits was found. On the basis of estimated GCA effects, the following varieties: Wagtail, Immer, and LGR 900/3a line should be distinguished as having positive effects on many tested traits. The hybrids AC Melita × ICDW 21545 and Wagtail × Heines Deutscher Hartweizen are characterized by many positive effects of specific combining ability.

Key words: combining ability, durum wheat, hybrids

WSTĘP

W hodowli nowych plennych odmian konieczna jest znajomość sposobu dziedziczenia cech. Niezbędna jest również znajomość materiału wyjściowego, gdyż umożliwia i ułatwia odpowiedni dobór komponentów do krzyżowań. Ocena zdolności kombinacyjnej określająca zdolność odmiany do tworzenia wartościowego potomstwa pozwala na prowadzenie skutecznej selekcji korzystnych rekombinacji we wczesnych pokoleniach.

Przyczynia się również do przyspieszenia prac hodowlanych jak podaje wiele autorów (Borghi i Perenzin, 1994; Mou i Kronstad, 1994; Lonc i Zalewski, 1995; Sharma i in., 1995; Zalewski, 2000).

Celem niniejszych badań była ocena ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej wybranych odmian i linii pszenicy twardej.

MATERIAŁ I METODYKA BADAŃ

Materiał badawczy stanowiły mieszańce F_2 jarej pszenicy twardej uzyskane w wyniku krzyżowania 6 form matecznych (Solga, Wagtail, LGR 900/3a, LGR 1359/8, ICDW 21666, AC Melita) z 4 formami ojcowskimi (Atlas, Immer, ICDW 21545, Heines Deutscher Hartweizen). Wyboru odmian i linii do krzyżowania dokonano w oparciu o wcześniejsze obserwacje i pomiary. Wybrane obiekty charakteryzowały się wysokością roślin poniżej 95 cm, masą ziaren z kłosa powyżej 2,5g oraz barwą ziarniaków od żółtej do bursztynowej. Doświadczenie założono w układzie losowanych bloków w dwóch powtórzeniach w rozstawie 20×10 cm w Gospodarstwie Doświadczalnym UP w Czesławicach k/Nałęczowa. Z każdego poletka pobrano po 30 roślin i wykonano pomiary biometryczne niektórych cech użytkowych (wykaz w tabeli 1).

Otrzymane wyniki opracowano statystycznie wykonując analizę wariancji dla form rodzicielskich i ich mieszańców. Następnie oszacowano efekty ogólnej (GCA) i swoistej (SCA) zdolności kombinacyjnej. Istotność efektów testowano testem t-studenta.

Analizę wariancji wykonano dla modelu stałego.

$$y_{ijk} = m + \rho_k + \alpha_i + \beta_j + (\alpha\beta)_{ij} + e_{ijk}$$

gdzie:

y_{ijk} — średnia arytmetyczna obserwacji cechy ilościowej potomstwa kombinacji

krzyżowania i -tej formy matecznej oraz j -tej formy ojcowskiej w k -tym bloku

m — średnia ogólna

ρ_k — efekt k -tego bloku

α_i — efekt GCA i -tej formy matecznej

β_j — efekt GCA j -tej formy ojcowskiej

$(\alpha\beta)_{ij}$ — efekt SCA i -tej formy matecznej krzyżowanej z j -tą formą ojcowską

e_{ijk} — błąd eksperymentalny.

WYNIKI I DYSKUSJA

Na podstawie analizy wariancji (tab. 1) stwierdzono istotne zróżnicowanie form matecznych pod względem wszystkich analizowanych cech. Dla form ojcowskich nie stwierdzono istotnego zróżnicowania tylko w przypadku masy ziaren z kłosa i rośliny. Wysokie istotne średnie kwadraty odchyłeń dla form rodzicielskich oraz ich wartości wskazują na przewagę addytywnego działania genów w dziedziczeniu ocenianych cech.

Istotny wpływ efektów addytywnego działania genów na kształtowanie się cech struktury plonu pszenicy stwierdzają również Kadłubiec i in. (1989), Lonc i Zalewski (1996), Dere i Yildirim (2006), Nawracała i in. (2008). Prace Zalewskiego (2000, 2001) wskazują na istotny wpływ nieaddytywnego działania genów w dziedziczeniu wysokości roślin, długości i zbitości kłosa. Szwed-Urbaś i in. (2000) w badaniach nad mieszaniami pszenicy twardej stwierdzili nieaddytywne działanie genów w kształtowaniu się liczby i masy ziaren z kłosa.

Tabela 1

Średnie kwadraty odchyłeń w analizie wariancji
The mean square in analysis variance

Źródło zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Średnie kwadraty Mean squares									
		długość osadki spike rachis length	liczba kłosków w kłosie number of spikelets per spike	zbitość kłosa spike density	liczba ziaren z kłosa number of grain per spike	masa ziaren z kłosa grain weight per spike	plodność kłosa spikelet fertility	wysokość rośliny plant height	liczba ziaren z rośliny number of grain per plant	masa 1000 ziaren 1000 grain weight	masa ziaren z rośliny weight of grain per plant
Formy mateczne Maternal forms	5	0,69**	3,58**	11,07**	48,06*	0,24**	0,23**	445,07**	534,91**	41,73**	0,65**
Formy ojcowskie Paternal forms	3	1,93**	3,15**	17,22**	31,88*	0,00	0,13**	602,85**	146,88**	41,88**	0,09
Mieszance Hybrids	15	0,04*	0,05	0,80*	3,18*	0,01*	0,01*	67,55**	161,31**	2,34**	0,37**
Błąd Error	23	0,02	0,04	0,36	2,68	0,00	0,01	3,93	29,26	0,74	0,05

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

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

Obliczone efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej dla matek i ojców wskazują na istotny, a jednocześnie różny wpływ na potomstwo (tab. 2). Istotne efekty GCA dla wszystkich obiektów uzyskano tylko w przypadku wysokości roślin i liczby kłosków w kłosie. Cztery formy — ICDW 21666, LGR 1359/8, AC Melita, Heines Deutscher Hartweizen — będą przekazywały cechę długiego źdźbła. Pozostałe formy mogą być dobrymi komponentami do krzyżowań celem skrócenia źdźbła. Na szczególne podkreślenie zasługują linia LGR 900/3a oraz odmiany Wagtail i Immer, które oddziałują korzystnie na wiele cech. LGR 900/3a i Immer odznaczają się dodatnimi efektami w przypadku zbitości kłosa, liczby kłosków w kłosie, plodności kłosa, liczby i masy ziaren z kłosa i liczby ziaren z rośliny. Obniżają jednak masę 1000 ziaren, choć dla LGR 900/3a efekt GCA jest nieznaczny i nieistotny. Dla odmiany Wagtail istotne dodatnie efekty GCA stwierdzono dla liczby kłosków w kłosie i masy ziaren z kłosa. Wysoki i dodatni efekt ogólnej zdolności kombinacyjnej zaobserwowano również w przypadku masy 1000 ziaren.

Tabela 2

Efekty ogólnej zdolności kombinacyjnej
Effects of general combining ability

Formy rodzicielskie Parental forms	Długość osadki kłosowej Spike rachis length	Liczba kłosek w kłosie Number of spikelets per spike	Zbitość kłosa Spike density	Liczba ziaren z kłosa Number of grain per spike	Masa ziaren z kłosa Grain weight per spike	Płodność kłosa Spikelet fertility	Wysokość rośliny Plant height	Liczba ziaren z rośliny Number of grain per plant	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight	Masa ziaren z rośliny Weight of grain per plant
Formy mateczne Maternal forms										
Solga	-0,33**	-1,11**	-0,60**	-1,00	-0,05*	0,15**	-10,64**	-4,33*	-0,34	-0,14
Wagtail	0,25**	0,75**	-0,04	-0,79	0,10**	-0,15**	-1,46*	-10,50**	3,37**	-0,18*
LGR 900/3a	-0,14**	0,43**	1,40**	2,30**	0,11**	0,09**	-6,49**	4,32*	-0,55	0,17*
LGR 1359/8	-0,21**	0,18*	1,37**	-2,07**	-0,03	-0,14**	6,92**	-4,50*	1,65**	-0,01
AC Melita	0,46**	0,19**	-1,54**	3,72**	0,19**	0,21**	7,34**	12,70**	-0,81**	0,48**
ICDW 21666	0,01	-0,44**	-0,59**	-2,20**	-0,31**	-0,16**	4,31**	2,31	-3,31**	-0,32**
Formy ojcowskie Paternal forms										
Atlas	-0,30**	-0,57**	0,62**	-1,11*	-0,01	0,01	-4,19**	-2,69	1,24**	0,05
Immer	-0,15**	0,24**	1,07**	2,43**	0,01	0,13**	-3,84**	5,12**	-2,66**	-0,09
ICDW 21545	-0,40**	-0,25**	-0,02	-0,57	0,02	-0,01	-2,55**	-0,79	1,37**	0,10
Heines Deut	0,59**	0,58**	-1,70**	-0,76	-0,02	-0,13**	10,58**	-1,64	0,04	-0,06

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$; * Significant at $\alpha = 0,05$ ** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$; ** Significant at $\alpha = 0,01$

Tabela 3

Efekty swoistej zdolności kombinacyjnej
Effects of specific combining ability

Mieszańce Hybrids	Długość osadki kłosowej Spike rachis length	Zbitość kłosa Spike density	Liczba ziaren z kłosa Number of grain per spike	Masa ziarna z kłosa Grain weight per spike	Płodność kłosa Spikelet fertility	Wysokość rośliny Plant height	Liczba ziaren z rośliny Number of grain per plant	Masa 1000 ziaren 1000 grain weight	Masa ziarna z rośliny Weight of grain per plant
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Solga × Atlas	0,04	0,01	-0,15	0,03	-0,01	2,54*	13,18**	0,85	0,62**
Solga × Immer	-0,02	0,17	-0,63	0,00	-0,04	3,46**	-3,55	0,89	0,03
Solga × ICDW 21545	0,02	0,05	0,23	-0,06	0,03	-2,17	-6,92*	-2,10**	-0,52**
Solga × Heines Deut.	-0,03	-0,23	0,55	0,03	0,02	-3,80**	-2,71	0,35	-0,12
Wagtail × Atlas	-0,13	0,45	0,45	-0,01	0,05	3,26**	-0,89	-0,93	-0,13
Wagtail × Immer	0,04	-0,20	0,52	-0,01	-0,05	-2,19	-4,34	0,22	0,001
Wagtail × ICDW 21545	-0,13	0,68	-1,29	-0,07	-0,05	-6,55**	-1,67	-0,03	-0,18
Wagtail × Heines Deut.	0,23**	-0,94*	1,36	0,09*	0,05	11,99**	6,90*	0,74	0,31*
LGR 900/3a × Atlas	-0,12	0,06	0,02	-0,01	0,07	4,25**	1,21	0,85	-0,01
LGR 900/3a × Immer	-0,03	0,80*	-0,36	-0,08	-0,08*	0,65	-9,32**	-0,97	-0,41**
LGR 900/3a × ICDW 21545	0,21*	-0,58	-0,30	0,04	-0,03	2,74*	9,75**	0,88	0,54**
LGR 900/3a × Heines Deut.	-0,06	-0,28	0,64	0,05	0,05	-7,65**	-1,65	0,73	-0,11
LGR 1359/8 × Atlas	0,06	-0,14	0,12	-0,01	0,01	-5,70**	2,91	-0,16	0,06
LGR 1359/8 × Immer	0,02	0,08	1,22	0,05	0,07	3,70**	1,59	-0,39	-0,04
LGR 1359/8 × ICDW 21545	-0,14	0,54	-1,54	-0,06	-0,05	1,74	-5,51	0,29	-0,27*
LGR 1359/8 × Heines Deut.	0,11	-0,49	0,20	0,02	-0,03	7,66*	4,20	0,25	0,25
AC Melita × Atlas	0,24**	0,01	-1,68	-0,02	-0,08	1,86	-11,00**	-0,43	-0,51**

c. d. Tabela 3

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
AC Melita × Immer	-0,05	-0,36	0,78	0,01	0,05	-2,30	6,39*	0,31	0,11
AC Melita × ICDW 21545	0,01	-0,47	2,28*	0,18**	0,16*	2,88*	12,86**	1,53*	0,81**
AC Melita × Heines Deut.	-0,20*	0,82*	-1,38	-0,16**	-0,12*	-2,44*	-8,24*	-1,41*	-0,42**
ICDW 21666 × Atlas	-0,03	0,40	1,23	0,02	-0,03	0,33	-5,40	1,30*	0,03
ICDW 21666 × Immer	0,05	-0,50	-0,49	0,03	0,06	4,08**	12,42**	-0,06	0,31*
ICDW 21666 × ICDW 21545	0,03	-0,22	0,63	-0,04	-0,06	1,35	-8,51**	-0,58	-0,36**
ICDW 21666 × Heines Deut.	-0,04	1,12**	-1,37	-0,01	0,03	-5,76**	1,49	-0,67	0,09

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$; * Significant at $\alpha = 0,05$ ** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$; ** Significant at $\alpha = 0,01$

Tylko nieliczne mieszańce F_2 wykazywały istotne efekty swoistej zdolności kombinacyjnej (tab. 3). Korzystne ujemne efekty dla wysokości roślin stwierdzono u sześciu mieszańców, dla dziesięciu zaś efekty były dodatnie, niekorzystne. Sześć mieszańców wykazywało korzystne dodatnie efekty SCA dla liczby ziaren z rośliny a pięć dla masy ziaren z rośliny. Najbardziej interesujące wydają się być mieszańce AC Melita × ICDW 21545 i Wagtail × Heines Deutscher Hartweizen charakteryzujące się wieloma dodatnimi efektami SCA. Wykazują one jednakże niekorzystny efekt dla wysokości roślin. Obiecujące mogą być też mieszańce LGR 900/3a × ICDW 21545 odznaczające się trzema korzystnymi dodatnimi efektami.

WNIOSKI

1. Przewaga addytywnego działania genów determinuje większość analizowanych cech.
2. Należy wyróżnić odmiany Wagtail i Immer oraz linię LGR 900/3a, które przekazują potomstwu wiele korzystnych cech.
3. Mieszańce AC Melita × ICDW 21545 i Wagtail × Heines Deutscher Hartweizen charakteryzujące się wieloma dodatnimi efektami swoistej zdolności kombinacyjnej mogą być interesującym materiałem w dalszych pracach hodowlanych.

LITERATURA

- Borghi B., Perenzin M. 1994. Diallel analysis to predict heterosis and combining ability for grain yield, yield components and breadmaking quality in bread wheat (*T. aestivum*). Theor. Appl. Genet. 89: 975 — 981.
- Dere S., Yildirim M. B. 2006. Inheritance of plant height, tiller number per plant, spike height and 1000 kernel weight in a 8×8 diallel cross population of bread wheat. Cereal Res. Commun. 34 (2–3): 965 — 972.
- Kadłubiec W., Lonc W., Strugała J., Weber R. 1989. Wartość kombinacyjna cech użytkowych kilku linii pszenicy ozimej. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 382: 109 — 117.
- Lonc W., Zalewski D. 1995. Zdolność kombinacyjna cech jakościowych kilku linii pszenicy ozimej. Biul. IHAR 194: 5 — 12.
- Lonc W., Zalewski D. 1996. Ocena zdolności kombinacyjnej siedmiu linii pszenicy ozimej. Biul. IHAR 200: 259 — 265.
- Mou B. Q., Kronstad W. E. 1994. Duration and rate of grain filling in selected winter wheat populations. 1. Inheritance. Crop Sci. 3: 833 — 837.
- Nawracała J., Łuczkiwicz T., Dyba S. 2008. Analiza uwarunkowań genetycznych cech struktury plonu u mieszańców pokolenia F_1 i F_2 otrzymanych z krzyżowań diallelicznych pszenicy ozimej. Biul. IHAR 250: 59 — 65.

- Sharma S. N., Sharma R. K., Bhatnagar S. M., Bhatnagar V. K. 1995. Genetic Architecture of grain yield in durum wheat under different environments. *Cereal Res. Commun.* 23: 257 — 261.
- Szwed-Urbaś K., Segit Z., Zalewski D. 2000. Ocena ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej cech ilościowych u wybranych linii pszenicy twardej (*Triticum durum* Desf.). *Biul. IHAR* 216: 343 — 350.
- Zalewski D. 2000. Oszacowanie ogólnej i swoistej zdolności kombinacyjnej cech ilościowych pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 216: 267 — 272.
- Zalewski D. 2001. Ocena zdolności kombinacyjnej siedmiu linii pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 218/219: 75 — 81.

JADWIGA NADZIAK¹**ANNA TRATWAL**²¹ Hodowla Roślin Smolice Sp. z o.o. — Grupa IHAR, Oddział Bąków² Instytut Ochrony Roślin — PIB, Poznań

Określenie przydatności odmian do uprawy w zasiewach mieszanych pszenicy ozimej

Usefulness of winter wheat varieties for cultivation in mixtures

W pracy oszacowano przydatność odmian pszenicy ozimej do komponowania zasiewów mieszanych. Do obliczeń zastosowano analizy porównawcze plonów rzeczywistych i oczekiwanych w mieszankach dwuskładnikowych i jednej trójskładnikowej. Ścisłe doświadczenia polowe założone zostały w dwóch miejscowościach w trzech sezonach wegetacyjnych. Do badań wykorzystano trzy odmiany pszenicy ozimej (Bogatka, Sława i Nutka) wysiane w siewach czystych i wszystkich kombinacjach mieszanek, co umożliwiło ocenę wpływu poszczególnych odmian w mieszankach. Odmiana Bogatka przyczyniła się do zwiększenia plonowania mieszanek, co świadczy o pozytywnych efektach odmiany w zasiewach mieszanych.

Słowa kluczowe: plon oczekiwany, plon rzeczywisty, pszenica ozima, zasiewy mieszane

In the study, the usefulness of winter wheat varieties for mixture creation was assessed. The comparative analysis was used for the real and the expected yield in the two-component mixtures and one three-component mixture. Strict field experiments were located in two locations during three vegetation seasons. In the experiment, three winter wheat varieties (Bogatka, Sława, Nutka) were studied, in pure stands and in all possible mixtures combinations. As a result, the influence of particular varieties was assessed in terms of yield obtained from the studied mixtures. On this basis, the most efficient varieties were selected for mixture creation. The variety Bogatka resulted in higher yield obtained from containing it mixtures, which indicates positive effect of this cultivar in mixture cultivation.

Key words: mixtures, expected yield, observed yield, winter wheat

WSTĘP

Ważnym zagadnieniem w zasiewach mieszanych zbóż jest poznanie wzajemnego oddziaływania roślin na siebie w celu określenia doboru odmian. Koncepcja zasiewów mieszanych opierająca się na naturalnych genetyczno-ekologicznych zjawiskach umożliwia wykorzystanie różnorodności odmian uprawnych zbóż w zakresie właściwości rozwojowych roślin i ich odporności na choroby oraz stresy biotyczne i abiotyczne (Rudnicki, 1994; Gacek i in., 1997; Tratwal i Gacek, 2010).

Współzależności (interakcje) pomiędzy roślinami różnych odmian w siewie mieszanym są złożone. Do opisu tych interakcji Allard i Adams (1969) wprowadzili określenie „ekologiczna zdolność kombinacyjna odmian” (ang. ecological combining ability). Ekologiczna zdolność kombinacyjna określa rozwój roślin odmian danego gatunku wynikający z konkurencyjności i innych interakcji pomiędzy roślinami różnych odmian jednego gatunku. Jeżeli odmiany mają wysoką „ekologiczną zdolność kombinacyjną” i dobre uzdolnienia konkurencyjne, to wtedy plonują wyżej w sąsiedztwie roślin innych odmian niż w sąsiedztwie roślin tej samej odmiany.

Mieszanki mogą plonować wyżej od najplenniejszego komponenta w siewie czystym wchodzącego w ich skład lub nawet plonować gorzej od najniżej plonującego komponenta.

W pierwszym przypadku określane to jest jako dodatnie plony transgresywne, a w drugim jako ujemne plony transgresywne. Nazewnictwo to zostało podane przez Trenbatha (1974).

Dotychczas podjęto wiele prób opracowania metod szacowania przydatności odmian do uprawy w siewie mieszanym Trenbath (1974), Knott i Mundt (1989), Gacek i in. (1997). Przydatność odmian do uprawy w zasiewach mieszanych określane jest jako mixing ability. Dotychczasowe obserwacje wykazały, że nie wszystkie odmiany uprawne nadają się do uprawy w zasiewach mieszanych.

Celem pracy było oszacowanie efektów plonowania odmian w zasiewach mieszanych pszenicy ozimej.

MATERIAŁ I METODY

Doświadczenie z odmianami w czystym siewie i zasiewami mieszanymi pszenicy ozimej wysiano w latach 2007/08, 2008/09 i 2009/2010 w Bąkowie (województwo opolskie) i w Kościelnej Wsi (województwo wielkopolskie).

W Bąkowie w sezonie wegetacyjnym 2007/2008 doświadczenie założono na glebie bielcowej, klasa IV a, kompleks III, a przedplonem był rzepak ozimy. W kolejnych sezonach wegetacyjnym doświadczenie założono na glebie bielcowej, klasa III b i IVb, kompleks III, przedplonem był również rzepak ozimy. W doświadczeniach zastosowano nawożenie przedsiewne w wysokości N — 18 kg/ha, P — 60 kg/ha, K — 90 kg/ha oraz nawożenie pogłównie N:156 — 169 kg/ha. W Kościelnej Wsi doświadczenie założono na glebie brunatnej wyługowanej, kompleks II, klasa II a. Zastosowano nawożenie przedsiewne w wysokości N — 18 kg/ha, P — 80 kg/ha, K — 120 kg/ha oraz nawożenie pogłównie N:156 — 169 kg/ha. Przedplonem w pierwszym roku badań był groch na nasiona, a w drugim i trzecim roku badań gorczyca. Materiałem doświadczalnym były trzy odmiany pszenicy ozimej: Bogatka, Sława i Nutka oraz ich wszystkie kombinacje mieszanek. Normę wysiewu stanowiło 450 ziaren/m², a udział komponentów mieszanek wynosił 1:1 lub 1:1:1 w przypadku mieszanki trójskładnikowej.

Doświadczenia założono w czterech powtórzeniach w układzie o blokach kompletnych na poletkach 10 m² w Bąkowie i 15 m² w Kościelnej Wsi. Nie stosowano ochrony fungicydowej i insektycydowej.

Wpływ zasiewów mieszanych na plon ziarna określono porównując plony rzeczywiste (r) poszczególnych mieszanek z ich plonami oczekiwanymi (o). Plonem rzeczywistym był plon ziarna uzyskany z poletka, natomiast plonem oczekiwanym dla każdej mieszanki była średnia arytmetyczna z plonów ziarna komponentów mieszaniny w siewie czystym. Przydatność odmian do uprawy w siewie mieszanym określano na podstawie sumy różnic pomiędzy plonami danej odmiany w siewie czystym a w zasiewach mieszanych.

Niniejsza metoda obliczania mixing ability przedstawiona była dla odmian pszenicy ozimej (Jawa, Begra, Emika, Weneda i Parada) oraz odmian jęczmienia jarego (Boss, Bryl, Ekol, Rabel, Rambo) (Gacek i in., 1997, 2000).

WYNIKI I DYSKUSJA

W tabeli 1 przedstawiono plony rzeczywiste (r) i oczekiwane (o) mieszanek pszenicy ozimej w poszczególnych latach i miejscowościach.

Tabela 1
Plonowanie odmian w siewie czystym i mieszanek odmianowych pszenicy ozimej w latach 2007/2008–2009/2010

Yielding of winter wheat pure stands and mixtures in 2008–2010

Odmiana Variety	Plon w dt/ha w latach Yield (dt/ha) in years									Średnia plonu Average yield		
	2008			2009			2009			2008–2009		
	plon (r)* ¹	plon (o)* ²	r — o	plon (r)* ¹	plon (o)* ²	r — o	plon (r)* ¹	plon (o)* ²	r — o	plon (r)* ¹	plon (o)* ²	r — o
	yield (r)* ¹	yield (o)* ²		yield (r)* ¹	yield (o)* ²		yield (r)* ¹	yield (o)* ²		yield (r)* ¹	yield (o)* ²	
Baków												
Bogatka	77,3			67,7			65,9			70,3		
Sława	78,7			67,9			55,2			67,3		
Nutka	79,4			70,7			64,1			71,4		
Bogatka+Sława	82,3	78,0	4,30	68,4	67,8	0,60	60,5	60,6	-0,10	70,4	68,8	1,60
Bogatka+Nutka	81,0	78,4	2,60	66,2	69,2	-3,0	67,9	65,0	2,90	71,7	70,9	0,80
Sława+Nutka	81,0	79,1	1,90	68,2	69,3	-1,1	59,6	59,7	-0,10	69,6	69,4	0,20
Bogatka+Nutka+Sława	79,8	78,5	1,30	69,2	68,8	0,40	64,4	61,7	2,70	71,1	69,7	1,40
NIR — LSD 0,05	6,35			2,95			5,26			4,93		
Kościelna Wieś												
Bogatka	86,8			71,5			72,1			76,8		
Sława	85,2			71,5			67,8			74,8		
Nutka	87,8			76,2			70,3			78,1		
Bogatka+Sława	87,3	86,0	1,30	70,8	71,5	-0,70	69,7	70,0	-0,30	75,9	75,8	0,10
Bogatka+Nutka	89,2	87,3	1,90	75,3	73,9	1,40	70,6	71,2	-0,60	78,4	77,5	0,90
Sława+Nutka	87,2	86,5	0,70	72,8	73,9	-1,10	69,9	69,1	0,80	76,6	76,5	0,10
Bogatka+Nutka+Sława	84,0	86,6	-2,60	78,8	73,1	5,70	71,3	70,1	1,20	78,0	76,6	1,40
NIR — LSD 0,05	4,99			2,54			6,35			3,71		

*1 — Plon rzeczywisty; Obtained yield

*2 — Plon oczekiwany; Expected yield

W przeprowadzonych doświadczeniach w siewie czystym najplenniejszą odmianą w obu miejscowościach była odmiana Nutka. Wartości NIR wskazują, że nie było istotnych różnic pomiędzy plonami w siewie czystym i mieszankach odmian, ale wyraźnie występują tendencje wzrostu plonu. Odmiany Bogatka i Nutka plonowały niżej w siewie czystym niż

w mieszance. Natomiast najplenniejszą mieszanką w obu miejscowościach była Bogatka + Nutka. Komponenty mieszanki Bogatka + Nutka w siewie czystym plonowały niżej niż w mieszance.

Mieszanki dwuskładnikowe z odmianą Bogatka plonowały najwyżej. Mieszanka trójskładnikowa Bogatka + Sława + Nutka plonowała w obu miejscowościach powyżej plonów oczekiwanych.

W tabeli 2 przedstawiono różnice w plonowaniu pomiędzy plonami rzeczywistymi i oczekiwanymi dla komponentów mieszanek w poszczególnych latach i miejscowościach.

Na podstawie analizy plonów rzeczywistych i oczekiwanych można ocenić wpływ poszczególnych odmian w tworzeniu plonu mieszanek. W tabeli 2 w Bąkowie 2008 roku wpisano dla odmian Bogatka i Sława 4,3 dt/ha, ponieważ jest to różnica pomiędzy plonami oczekiwanymi a rzeczywistymi jak wynika z tabeli 1. Następnie dla odmian Bogatka i Nutka wyliczono 2,60 dt/ha. Takie postępowanie realizowano dla mieszanek dwuskładnikowych a następnie jednej trójskładnikowej eliminując po jednym składniku. Przedstawione wyliczenie w latach i miejscowościach pozwoliło na oszacowanie poszczególnych odmian w zasiewach mieszanych.

Uzyskane w ten sposób wyniki pozwoliły stwierdzić że największą przydatność do uzyskania wyższych plonów w mieszankach w Bąkowie miała odmiana Bogatka, a w następnej kolejności Nutka i Sława. Suma odchyleń pomiędzy plonami rzeczywistymi i oczekiwanymi w okresie trzech lat wynosiła dla odmian: Bogatka — 11,7 dt, Sława — 9,90 dt, Nutka — 7,60 dt. Natomiast w Kościelnej Wsi najwyższy wpływ na uzyskanie wyższych plonów miała odmiana Bogatka i Nutka, w następnej kolejności Sława a suma odchyleń wynosiła dla odmian: Bogatka 7,30 dt, Nutka 7,40 dt, Sława 5,0 dt.

Całkowita suma odchyleń plonów rzeczywistych i oczekiwanych w dwóch miejscowościach wynosiła odpowiednio dla odmian: Bogatka — 19,0 dt, Sława — 14,90 dt, Nutka — 15,00 dt.

Na podstawie przedstawionych obliczeń można stwierdzić, że odmiana Nutka najwyżej plonująca w siewie czystym nie dała zawsze pozytywnych efektów w zasiewach mieszanych.

Współzależności pomiędzy odmianami prowadzące do wzrostu plonów w zasiewach mieszanych zostały określone przez Knotta i Mundta (1990) pozytywnym efektem wpływu mieszania na plon.

Odmiany posiadają wysoką ekologiczną zdolność kombinacyjną, wówczas plonują wyżej w sąsiedztwie roślin innych odmian, dlatego dobór odmian do mieszanek zarówno międzygatunkowych i w obrębie tego samego gatunku nie może być przypadkowy. Rudnicki (1994), Gacek i Nadziak (2000), Tratwal i Gacek (2010). W przeprowadzonych doświadczeniach pozytywny efekt stwierdzono w mieszankach Bogatka + Nutka oraz w trójskładnikowej mieszance Bogatka + Sława + Nutka.

Tabela 2

Przydatność odmian pszenicy ozimej do uprawy w mieszankach określonych na podstawie różnic pomiędzy plonami rzeczywistymi (r) i oczekiwanymi (o) w mieszankach dwuskładnikowych i trójskładnikowych
Usefulness of winter wheat varieties for mixtures cultivation on the base of differences between obtained (r) and expected (o) yields in two - and three - component mixtures

Odmiana / mieszanka Variety / mixture	Różnice pomiędzy plonami rzeczywistymi(r) i oczekiwanymi (o) dla odmian Differences between the obtained (r) and expected (o) yields for varieties		
	Bogatka (dt/ha)	Sława (dt/ha)	Nutka (dt/ha)
Baków — 2008			
Bogatka	X	4,30	2,60
Sława	4,30	X	1,90
Nutka	2,60	1,90	X
Bogatka+Sława	X	X	1,30
Bogatka+Nutka	X	1,30	X
Sława+Nutka	1,30	X	X
Baków — 2009			
Bogatka	X	0,60	-3,00
Sława	0,60	X	-1,10
Nutka	-3,00	-1,10	X
Bogatka+Sława	X	X	0,40
Bogatka+Nutka	X	0,40	X
Sława+Nutka	0,40	X	X
Baków — 2010			
Bogatka	X	-0,10	2,90
Sława	-0,10	X	-0,10
Nutka	2,90	-0,10	X
Bogatka+Sława	X	X	2,70
Bogatka+Nutka	X	2,70	X
Sława+Nutka	2,70	X	X
Suma odchyleń dla odmian w Bąkowie Sum of deviations for varieties in Bąków	11,70	9,90	7,60
Kościelna Wieś — 2008			
Bogatka	X	1,30	1,90
Sława	1,30	X	0,70
Nutka	1,90	0,70	X
Bogatka+Sława	X	X	-2,60
Bogatka+Nutka	X	-2,60	X
Sława+Nutka	-2,60	X	X
Kościelna Wieś — 2009			
Bogatka	X	-0,70	1,40
Sława	-0,70	X	-1,10
Nutka	1,40	-1,10	X
Bogatka+Sława	X	X	5,70
Bogatka+Nutka	X	5,70	X
Sława+Nutka	5,70	X	X
Kościelna Wieś — 2010			
Bogatka	X	-0,30	-0,60
Sława	-0,30	X	0,80
Nutka	-0,60	0,80	X
Bogatka+Sława	X	X	1,20
Bogatka+Nutka	X	1,20	X
Sława+Nutka	1,20	X	X
Całkowita suma odchyleń dla odmian w Kościelnej Wsi Sum of deviations for varieties in Kościelna Wieś	7,30	5,00	7,40
Całkowita suma odchyleń Total sum of deviations	19,00	14,90	15,0

WNIOSKI

Z przeprowadzonych obliczeń można określić efekty plonowania odmian w zasiewach mieszanych i wytypować odmiany o pozytywnych efektach do tworzenia zasiewów mieszanych.

1. Odmiana Bogatka przyczyniała się do zwiększenia plonowania mieszanek z jej udziałem, co świadczy o pozytywnych efektach odmiany w zasiewach mieszanych.
2. Najwyżej plonująca odmiana Nutka nie przyczyniała się do zwiększenia plonowania mieszanek.

LITERATURA

- Allard R. W., Adams J. 1969. Population studies in predominantly self-pollinating species. XIII. Intergenotypic competition and population structure in barley and wheat. *Am. Nat.* 103:620 — 645.
- Gacek E., Czembor H. J., Nadziak J. 1997. Zastosowanie mieszanin odmian do poprawy zdrowotności oraz wysokości plonowania pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 201: 81 — 83.
- Gacek E., Nadziak J. 2000. Zastosowanie mieszanek odmian do poprawy zdrowotności oraz wysokości plonowania jęczmienia jarego. *Biul. IHAR* 214: 143 — 158.
- Knott E. A., Mundt C. C. 1990. Mixing ability analysis of wheat cultivar mixture under diseased and non-diseased conditions. *Theor. Appl. Genet.* 80: 313 — 320.
- Trenbath B. R. 1974. Biomass productivity of mixtures. *Adv. Agron.* 26: 171 — 210.
- Rudnicki F. 1994. Biologiczne aspekty uprawy zbóż w mieszanekach. Stan i perspektywy uprawy mieszanek zbożowych. *Ogólnopolska Konferencja. Poznań 1994*: 7 — 15.
- Tratwal A., Gacek E. 2010. Znaczenie odmian odpornych na choroby i systemów różnicowania upraw w integrowanej ochronie jęczmienia. *Integrowana produkcja jęczmienia ozimego i jarego. Poznań 2010*. Instytut Ochrony Roślin — PIB: 30 — 34.

JAN BOCIANOWSKI ¹TADEUSZ ŁUCZKIEWICZ ²PIOTR SZULC ³¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu² Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu³ Katedra Agronomii, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Wpływ ośmiu cech ilościowych rzepaku jarego (*Brassica napus* ssp. *oleifera*) na masę nasion z rośliny

Effect of eight quantitative traits of spring rape (*Brassica napus* ssp. *oleifera*) on seed weight per plant

W celu oceny wybranych cech ilościowych mieszańców F₁ i F₂ rzepaku jarego (*Brassica napus* ssp. *oleifera*) oraz ich form rodzicielskich założono dwuletnie (2002 i 2003) doświadczenie polowe w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Akademii Rolniczej im. A. Cieszkowskiego (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu) w Dłoni. W każdym roku przeprowadzono pomiary następujących cech: średnica szyjki korzeniowej, wysokość rośliny, liczba rozgałęzień pierwszego rzędu, wysokość do pierwszego rozgałęzienia, liczba łuszczyń z rośliny, liczba nasion z rośliny, masa 1000 nasion, liczba nasion w łuszczyńce oraz masa nasion z rośliny. Do oceny wpływu poszczególnych cech ilościowych na masę nasion z rośliny zastosowano analizę funkcji regresji wielokrotnej. Otrzymane wyniki wykazały, że liczba nasion z rośliny, masa tysiąca nasion oraz liczba nasion w łuszczyńce determinowały masę nasion z rośliny mieszańców pokolenia F₁ i F₂ w obu latach badań.

Słowa kluczowe: cechy fenotypowe, plon nasion, regresja wielokrotna, rzepak jary

To evaluate the quantitative characteristics of F₁ and F₂ hybrids of spring oilseed rape (*Brassica napus* ssp. *oleifera*) and their parental forms, a field experiment was established in two years (2002 and 2003) in the Dłoń Experimental Station (Poznań University of Life Sciences). In each year, following measurements were performed: root collar diameter, plant height, number of branches of the first row, first branch height, number of pods per plant, number of seeds per plant, 1000 seed weight, number of seeds per pod and seed weight per plant. To assess the quantitative impact of individual characteristics on the mass of seeds per plant multiple regression analysis was used. The results show that the number of seeds per plant, thousand seed weight and the number of seeds per pod determined the seed weight per plant hybrids F₁ and F₂ in both study years.

Key words: multiple regression, phenotypic traits, seed yield, spring oilseed rape

WSTĘP

Efektywność procesu hodowli zależy przede wszystkim od właściwego doboru materiału wyjściowego, co wiąże się ze znajomością zmienności genetycznej interesujących hodowcę cech (przede wszystkim ilościowych) i ich sposobu dziedziczenia. Masa nasion z rośliny, na którą składa się działanie genotypu, czynników środowiska i interakcja genotypowo-środowiskowa jest ściśle skorelowana z plonem nasion z jednostki powierzchni. Plon (a także masa nasion z rośliny) jest cechą ilościową, będącą wynikiem wielu procesów zachodzących w trakcie wzrostu i rozwoju roślin. Znajac współzależność pomiędzy różnymi cechami ilościowymi łatwiej jest realizować programy hodowlane.

Rzepak (zarówno ozimy, jak i jary) charakteryzuje się niewielką zmiennością genetyczną a brak w naturze dzikich przodków tego gatunku utrudnia proces hodowli. Zwiększenie efektywności selekcji u rzepaku wymaga bardzo precyzyjnych metod hodowli wykorzystujących m.in. korelacje fenotypowe pomiędzy cechami roślin lub korelacje genotypowe (znacznie rzadziej stosowane, choć bardziej miarodajne).

Zagadnieniem zależności wpływu cech ilościowych na plon nasion rzepaku jarego i ozimego zajmowało się wielu autorów m.in. Degenhart i Kondra (1984), Marinković i Marjanović-Jeromela (1996), Ozer i in. (1999), Marinković i in. (2003), Ogrodowczyk i Wawrzyniak (2004).

Narzędziem do określenia istotności oraz siły współzależności i zależności cech są odpowiednie metody statystyczne, z których najczęściej stosowanymi do weryfikacji tego typu zjawisk są analiza współczynników korelacji prostej i rangowej oraz analiza funkcji regresji prostej i wielokrotnej (Fahrmeir i Tutz, 1994; Johnson i Wichern, 1998; Jammalamadaka, 2003).

Celem pracy było pokazanie możliwości zastosowania analizy funkcji regresji wielokrotnej w badaniu wpływu poszczególnych cech ilościowych mieszańców pokolenia F_1 i F_2 rzepaku jarego (*Brassica napus* ssp. *oleifera*) oraz ich form rodzicielskich na masę nasion z rośliny.

MATERIAŁ I METODY

W latach 2002 i 2003 w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Akademii Rolniczej im. A. Cieszkowskiego (obecnie Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu) w Dłoni wykonano doświadczenia z 64 genotypami (osiem form rodzicielskich i 56 mieszańców F_1 oraz F_2). Doświadczenia polowe zostały założone w układzie bloków losowanych kompletnych w czterech powtórzeniach. Każde doświadczenie składało się z 256 poletek jednorzędowych długości 1 m. Zastosowano rozstaw pomiędzy rzędami równą 0,5 m. W każdym rzędzie analizowano 15 roślin. Podczas wegetacji roślin i po zbiorze przeprowadzono pomiary biometryczne roślin: średnicy szyjki korzeniowej (SSK), wysokości rośliny (WR), liczby rozgałęzień pierwszego rzędu (LR), wysokości do pierwszego rozgałęzienia (WPR), liczby łuszczyń z rośliny (LŁ), liczby nasion z rośliny (LN), masy nasion z rośliny (MN), masy 1000 nasion (MTN) i liczby nasion w łuszczyźnie (LNŁ).

W pierwszej kolejności testowano normalność rozkładu obserwowanych cech przy użyciu testu normalności Shapiro-Wilka (Shapiro i Wilk, 1965). Dwuczynnikowa (lata, genotypy) analiza wariancji (ANOVA) została przeprowadzona w celu zweryfikowania hipotez o braku wpływu lat oraz genotypów, jak również hipotezy o braku interakcji lata $\times$ genotypy ($L \times G$) na zmienność średnicy szyjki korzeniowej, wysokości rośliny, liczby rozgałęzień pierwszego rzędu, wysokości do pierwszego rozgałęzienia, liczby łuszczyń z rośliny, liczby nasion z rośliny, masy nasion z rośliny, masy 1000 nasion i liczby nasion w łuszczyń. Analizę wariancji przeprowadzono niezależnie dla mieszańców F_1 i F_2 . Współczynniki korelacji liniowej Pearsona pomiędzy obserwowanymi cechami obliczone na średnich fenotypowych posłużyły do oceny współzależności pomiędzy analizowanymi cechami. Również na podstawie średnich fenotypowych, niezależnie dla lat obserwacji, wykonano analizę funkcji regresji wielokrotnej z selekcją zmiennych wstecz (Seber i Lee, 2003; Kleinbaum i in., 2008). Wyznaczono standaryzowane cząstkowe współczynniki regresji (Kozdój i in., 2009, 2010) w celu określenia wpływu poszczególnych cech ilościowych mieszańców pokolenia F_1 i F_2 oraz ich form rodzicielskich rzepaku jarego (*Brassica napus* ssp. *oleifera*) na masę nasion z rośliny. W pierwszej kolejności wyznaczono model zawierający wszystkie zmienne objaśniające (niezależne). Następnie określono wartości bezwzględnych statystyk *t*-Studenta dla każdej z nich i wskazano zmienną o najmniejszej wartości. Kolejnym etapem było porównanie wartości statystyki z wartością krytyczną przy założonym poziomie istotności i odpowiedniej liczbie stopni swobody. Jeżeli wartość statystyki testowej dla wskazanej zmiennej nie była większa od wartości krytycznej na poziomie $\alpha = 0,05$, to zmienną tą usuwano i ponownie szacowano model. Jeżeli wartość statystyki była większa od wartości krytycznej, to zbiór zmiennych objaśniających należało przyjąć. Ze względu na znaczną współliniowość niektórych spośród badanych cech, oceny ich efektów (cząstkowych współczynników regresji) były obciążone. Współliniowość cech nie jest jednak uważana za wadę modelu regresji wielokrotnej (Rawlings i in., 2001). Uzyskane w tej analizie standaryzowane cząstkowe współczynniki regresji mogły więc posłużyć do obiektywnej oceny wagi poszczególnych cech w ich wpływie na kształtowanie się masy nasion z rośliny rzepaku jarego. Wszystkie obliczenia w analizie danych wykonano za pomocą pakietu statystycznego GenStat Release 10.1 (GenStat, 2007).

WYNIKI I DYSKUSJA

Badane genotypy rzepaku jarego były zróżnicowane pod względem wszystkich obserwowanych cech w obu badanych pokoleniach (tab. 1). Lata prowadzenia obserwacji były czynnikiem determinującym wszystkie cechy w pokoleniu F_2 (tab. 1). Natomiast w pokoleniu F_1 jedynie liczba nasion w łuszczyń była na tym samym poziomie w obu latach prowadzenia doświadczeń (tab. 1). Wpływ interakcji lata $\times$ genotypy na wysokość roślin, masę nasion z rośliny i masę 1000 nasion był statystycznie istotny w obu rozważanych pokoleniach (tab. 1). Ponadto interakcja $L \times G$ w istotny sposób determinowała wysokość do pierwszego rozgałęzienia mieszańców pokolenia F_1 oraz liczbę łuszczyń z rośliny, liczbę nasion z rośliny i liczbę nasion w łuszczyń mieszańców pokolenia F_2 (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty odchyłeń z analizy wariancji dla badanych cech rzepaku jarego
Mean squares from analysis of variance for investigated traits of spring oilseed rape

Zródło zmienności Source of variation	Blok Block	Lata (L) Years (Y)	Genotypy (G) Genotypes (G)	L×G Y×G	Błąd Residual
Stopnie swobody — Degrees of freedom	3	1	63	63	381
Pokolenie F ₁ — F ₁ generation					
Średnica szyjki korzeniowej Root collar diameter	0,279	4,575***	0,161***	0,062	0,057
Wysokość rośliny Plant height	249,0	22496,1***	390,9***	137,0***	75,1
Liczba rozgałęzień pierwszego rzędu Number of branches of the first row	17,5	78,6***	5,8***	2,5	2,2
Wysokość do pierwszego rozgałęzienia First branch height	581,9	1664,1***	96,7***	43,6**	26,5
Liczba łuszczyń z rośliny Number of pods per plant	23491	9147*	2837***	2117	1601
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	1366213	1570269***	249138***	157662	131392
Masa nasion z rośliny Seed weight per plant	62,1	240,3***	14,7***	10,4*	7,6
Masa 1000 nasion 1000-seed weight	0,90	29,67***	1,28***	1,05***	0,56
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per pod	17,7	6,4	10,4***	3,8	5,0
Pokolenie F ₂ — F ₂ generation					
Średnica szyjki korzeniowej Root collar diameter	0,052	1,791***	0,073***	0,028	0,024
Wysokość rośliny Plant height	280,5	30072,6***	481,2***	67,6*	49,4
Liczba rozgałęzień pierwszego rzędu Number of branches of the first row	6,6	60,0***	5,8***	1,4	1,4
Wysokość do pierwszego rozgałęzienia First branch height	201,1	1808,6***	64,9***	27,1	28,5
Liczba łuszczyń z rośliny Number of pods per plant	4263	75866***	2720***	2243***	1139
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	199347	2883526***	161844***	121033**	69810
Masa nasion z rośliny Seed weight per plant	7,3	270,2***	9,7***	7,1**	4,1
Masa 1000 nasion 1000-seed weight	1,79	3,97*	1,58***	1,24*	0,84
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per pod	1,8	63,6***	10,0***	6,4**	4,1

* Istotne na poziomie 0,05; Significant at 0.05 level

** Istotne na poziomie 0,01; Significant at 0.01 level

*** Istotne na poziomie 0,001; Significant at 0.001 level

Warunki środowiskowe wpłynęły na układ współzależności pomiędzy cechami rzepaku jarego (tab. 2 i 3). Dla mieszańców pokolenia F₁ zaobserwowano szereg istotnych statystycznie współczynników korelacji w pierwszym roku przy ich braku w drugim roku badań. ŚSK była w 2002 roku skorelowana z WPR, LŁ, LN, MN, MTN, LNŁ, a WPR z LN, MN (tab. 2).

Tabela 2

Macierz współczynników korelacji obserwowanych cech rzepaku jarego mieszańców F₁ dla 2002 (powyżej przekątnej) i 2003 (poniżej przekątnej)

The correlation matrix for the traits of F₁ hybrids studied for 2002 (above the diagonal) and 2003 (below the diagonal)

Cechy Traits	ŚSK	WR	LR	WPR	LŁ	LN	MN	MTN	LNŁ
ŚSK	1	0,565***	0,409***	-0,402**	0,302*	0,293*	0,369**	0,494***	0,012
WR	0,406***	1	0,433***	0,339**	0,374**	0,530***	0,591***	0,730***	0,397**
LR	0,490***	0,372**	1	-0,221	0,272*	0,148	0,140	0,115	-0,141
WPR	-0,210	0,345**	-0,196	1	0,183	0,380**	0,351**	0,253*	0,474***
LŁ	0,150	0,475***	0,418***	0,190	1	0,831***	0,828***	0,441***	-0,017
LN	0,081	0,406***	0,229	0,235	0,878***	1	0,981***	0,591***	0,480***
MN	0,077	0,399**	0,226	0,223	0,884***	0,995***	1	0,697***	0,439***
MTN	0,013	0,411***	0,094	0,291*	0,648***	0,633***	0,672***	1	0,383***
LNŁ	-0,065	0,343**	-0,101	0,376**	0,515***	0,790***	0,779***	0,601***	1

*, **, *** Istotne na poziomie 0,05, 0,01, 0,001; Significant at 0,05, 0,01, 0,001 level

ŚSK — średnica szyjki korzeniowej, root collar diameter; WR — wysokość rośliny, plant height; LR — liczba rozgałęzień pierwszego rzędu, number of branches of the first row; WPR — wysokość do pierwszego rozgałęzienia, First branch height; LŁ — liczba łuszczyń z rośliny, number of pods per plant; LN — liczba nasion z rośliny, number of seeds per plant; MN — masa nasion z rośliny, seed weight per plant; MTN — masa 1000 nasion, 1000-seed weight; LNŁ — liczba nasion w łuszczyń, number of seeds per pod

Tabela 3

Macierz współczynników korelacji obserwowanych cech rzepaku jarego mieszańców F₂ dla 2002 (powyżej przekątnej) i 2003 (poniżej przekątnej)

The correlation matrix for the traits of F₂ hybrids studied for 2002 (above the diagonal) and 2003 (below the diagonal)

Cechy Traits	ŚSK	WR	LR	WPR	LŁ	LN	MN	MTN	LNŁ
ŚSK	1	0,659***	0,580***	-0,066	0,013	0,063	0,126	0,487***	0,139
WR	0,596***	1	0,521***	0,379**	0,223	0,398**	0,455***	0,700***	0,505***
LR	0,634***	0,455***	1	-0,076	0,142	0,041	0,034	0,127	-0,090
WPR	-0,101	0,473***	-0,172	1	0,276*	0,385**	0,401**	0,327**	0,376**
LŁ	0,458***	0,496***	0,496***	0,071	1	0,811***	0,785***	0,357**	0,182
LN	0,351**	0,366**	0,258*	0,117	0,802***	1	0,986***	0,530***	0,658***
MN	0,355**	0,362**	0,240	0,117	0,804***	0,994***	1	0,626***	0,656***
MTN	0,116	0,256*	0,054	0,176	0,415***	0,534***	0,573***	1	0,518***
LNŁ	0,057	0,164	-0,174	0,254*	0,179	0,676***	0,662***	0,491***	1

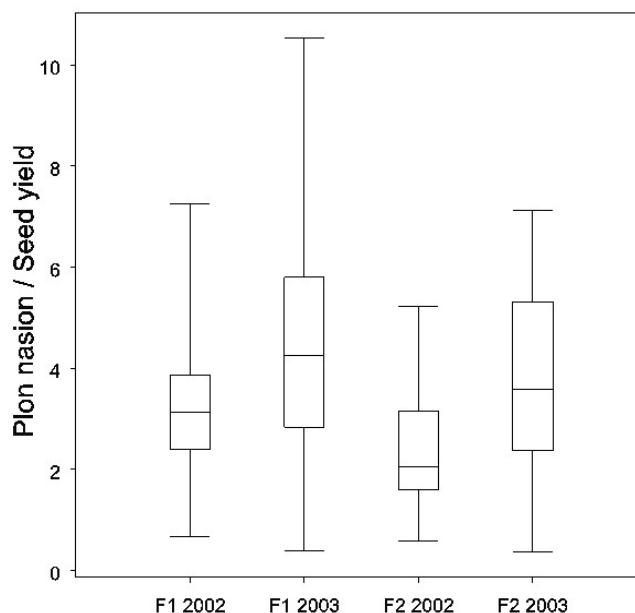
*, **, *** Istotne na poziomie 0,05, 0,01, 0,001; Significant at 0,05, 0,01, 0,001 level

ŚSK — średnica szyjki korzeniowej, root collar diameter; WR — wysokość rośliny, plant height; LR — liczba rozgałęzień pierwszego rzędu, number of branches of the first row; WPR — wysokość do pierwszego rozgałęzienia, First branch height; LŁ — liczba łuszczyń z rośliny, number of pods per plant; LN — liczba nasion z rośliny, number of seeds per plant; MN — masa nasion z rośliny, seed weight per plant; MTN — masa 1000 nasion, 1000-seed weight; LNŁ — liczba nasion w łuszczyń, number of seeds per pod

Współczynniki korelacji pomiędzy powyżej wymienionymi cechami nie były istotne w 2003 roku (tab. 2). Natomiast LNŁ była skorelowana z LŁ w 2003 roku, przy braku istotności tego współczynnika korelacji w pierwszym roku prowadzenia badań (tab. 2). Rozważając mieszańce pokolenia F₂ rzepaku jarego zauważyć należy, iż istotne skorelowanie w 2002 roku przy nieistotnym w 2003 r. zaobserwowano pomiędzy ŚSK i MTN, WR i LNŁ oraz WPR i: LŁ, LN, MN, MTN, LNŁ (tab. 3). Odwrotna tendencja

(istotne współczynniki korelacji w 2003 roku przy braku ich istotności w pierwszym roku badań) wystąpiła między ŚSK i: LŁ, LN, MN; WR i LŁ oraz LR i: LŁ i LN (tab. 3).

W przeprowadzonych doświadczeniach stwierdzono różnice w plonowaniu rzepaku jarego w poszczególnych latach prowadzenia obserwacji (rys. 1, tab. 1). Większą masę nasion z rośliny, zarówno dla pokolenia F₁ jak i F₂, otrzymano w drugim roku badań (rys. 1).



Rys. 1. Wykres pudełkowy poziomu plonowania rzepaku jarego w obu latach obserwacji. Wykres pudełkowy tworzymy odkładając na osi OY wartości niektórych parametrów rozkładu. Dolny bok pudełka jest wyznaczony przez kwartył dolny, Q₁, zaś górny bok przez kwartył górny, Q₃. Wysokość pudełka odpowiada więc wartości rozstępu ćwiartkowego. Wewnątrz pudełka znajduje się pozioma linia, określająca wartość mediany. Rysunek pudełka uzupełniony jest z dołu i z góry odcinkami. Koniec dolnego odcinka wyznacza najmniejszą wartość w zbiorze, natomiast koniec górnego odcinka to wartość największa

Fig. 1. Boxplot of the yield level of spring oilseed rape in both years of observation. The bottom and top of the box are the 25th and 75th percentile – the lower and upper quartiles, respectively, and the band near the middle of the box is the 50th percentile – the median. The ends of the whiskers represent the minimum and maximum of all the data

W celu określenia znaczenia poszczególnych cech w kształtowaniu się masy nasion z rośliny przeprowadzono analizę liniowej funkcji regresji wielokrotnej z wyznaczeniem standaryzowanych cząstkowych współczynników regresji (tab. 4).

Tabela 4

Cechy wpływające istotnie statystycznie na masę nasion z rośliny rzepaku jarego
Characteristics significantly affecting the weight of seeds per plants of spring rape

Pokolenie Generation	F ₁		F ₂	
Rok — Year	2002	2003	2002	2003
Źródło zmienności Source of variation	d.f. średni kwadrat mean squares	d.f. średni kwadrat mean squares	d.f. średni kwadrat mean squares	d.f. średni kwadrat mean squares
Model — Model	3 29,81***	3 101,04***	4 16,15***	5 39,65***
Błąd — Residual	60 0,02	60 0,03	59 0,01	58 0,03
Razem — Total	63 1,44	63 4,84	63 1,04	63 3,17
Zmienna Variate	Ocena częściowych współczynników regresji (Ocena standaryzowana częściowych współczynników regresji) Estimate of partial regression coefficients (Standardized estimation of partial regression coefficients)	Ocena częściowych współczynników regresji (Ocena standaryzowana częściowych współczynników regresji) Estimate of partial regression coefficients (Standardized estimation of partial regression coefficients)	Ocena częściowych współczynników regresji (Ocena standaryzowana częściowych współczynników regresji) Estimate of partial regression coefficients (Standardized estimation of partial regression coefficients)	Ocena częściowych współczynników regresji (Ocena standaryzowana częściowych współczynników regresji) Estimate of partial regression coefficients (Standardized estimation of partial regression coefficients)
Stała regresji Regression constant	-2,449***	-1,758***	-1,418***	-0,840**
Średnica szyjki korzeniowej Root collar diameter	ns	ns	ns	0,485* (0,033)
Wysokość rośliny Plant height	ns	ns	ns	ns
Liczba rozgałęzień pierwszego rzędu Number of branches of the first row	ns	ns	ns	-0,095** (-0,052)
Wysokość do pierwszego rozgałęzienia First branch height	ns	ns	ns	ns
Liczba łuszczyń z rośliny Number of pods per plant	ns	ns	-0,0075** (-0,129)	ns
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	0,0067*** (0,895)	0,0078*** (0,977)	0,0077*** (0,903)	0,0079*** (0,994)
Masa 1000 nasion 1000 seeds weight	0,442*** (0,191)	0,302*** (0,077)	0,310*** (0,157)	0,181*** (0,067)
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per pod	-0,062*** (-0,067)	-0,064* (-0,040)	-0,084*** (-0,116)	-0,068** (-0,056)
Procent wyjaśnionej zmienności (R ² ·100)	98,6	99,4	98,9	99,2
Percentage of variation accounted (R ² ·100)				

* Istotne na poziomie $\alpha = 0,05$; Significant at $\alpha = 0.05$ level** Istotne na poziomie $\alpha = 0,01$; Significant at $\alpha = 0.01$ level*** Istotne na poziomie $\alpha = 0,001$; Significant at $\alpha = 0.001$ level

d.f. — Liczba stopni swobody; Number of degrees of freedom

ns — Nieistotnie statystycznie; Not significant

W analizie tej, zmienną zależną była masa nasion z rośliny, a zmiennymi przyczynowymi były pozostałe analizowane cechy. Wyniki uzyskane po zastosowaniu analizy funkcji regresji wielokrotnej wskazują, że na masę nasion z rośliny mieszańców rzepaku jarego (*Brassica napus* ssp. *oleifera*) miały, (w obu latach badań dla obu pokoleń — F_1 i F_2), wpływ wprost proporcjonalny: liczba nasion z rośliny i masa 1000 nasion oraz odwrotnie proporcjonalny liczba nasion w łuszczyńce (tab. 4). Ponadto na masę nasion z rośliny mieszańców pokolenia F_2 wpływ miała: w 2002 roku liczba łuszczyń z rośliny (dodatni), a w 2003 roku średnica szyjki korzeniowej (dodatni) i liczba rozgałęzień pierwszego rzędu (ujemny) (tab. 4). Ocena standaryzowanych cząstkowych współczynników regresji (tab. 4) pozwoliła na określenie wagi poszczególnych cech w kształtowaniu się masy nasion z rośliny rzepaku jarego. Najważniejszą składową masy nasion z rośliny okazała się liczba nasion z rośliny (standaryzowane cząstkowe współczynniki regresji wynosiły od 0,895 – dla F_1 w 2002 do 0,994 — dla F_2 w 2003). Następne w kolejności ważności były: masa 1000 nasion (od 0,067 do 0,191) i liczba nasion w łuszczyńce (od -0,116 do -0,040). Uzyskane procenty wyjaśnianej zmienności (wyrażone odpowiednimi współczynnikami determinacji, R^2) masy nasion z rośliny (od 98,6% dla pokolenia F_1 w 2002 roku do 99,4% dla pokolenia F_1 w 2003 roku) świadczą o przydatności otrzymanych wyników w pracach hodowlanych nad rzepakiem jarym (*Brassica napus* ssp. *oleifera*).

Analiza funkcji regresji wielokrotnej z procedurą eliminacji zmiennych niezależnych wstecz jest metodą użyteczną, stąd jest bardzo często stosowana (Menke i in., 1979; Bocianowski i Krajewski, 2000, 2001, 2003; Kadłubiec i Kuriata, 2004; Krajewski i in., 2004; Bocianowski, 2008; Brzozowska i in., 2008; Dmowski i in., 2008; Singh i Sharma, 2008; Bocianowski i Krajewski, 2009; Mousanejad i in., 2009; Oleksiak, 2009; Bocianowski i in., 2010; Dresler i in., 2010; Szulc i Bocianowski, 2011 a, b; Szulc i in., 2011; Bocianowski, 2012; Krajewski i in., 2012). Analizę funkcji regresji wielokrotnej zastosowano do opisu zależności przyczynowo-skutkowej wybranych zmiennych ilościowych względem masy nasion z rośliny. Oprócz licznych zalet, do których należą m.in. prostota analiz czy łatwość interpretacji wyników, nie należy zapominać o ograniczeniach zastosowanej metody regresji wielokrotnej. Analiza funkcji regresji wielokrotnej zakłada równoczesny wpływ wszystkich zmiennych przyczynowych na zmienną zależną, nie przewiduje natomiast, że poszczególne analizowane zmienne przyczynowe powstawały w różnych momentach rozwoju rośliny, tworząc tzw. łańcuch ontogenetyczny i ich wpływ na kształtowanie się masy nasion z rośliny jest bardziej złożony. Wpływ cech kształtujących się wcześniej w łańcuchu ontogenetycznym można rozdzielić na oddziaływanie bezpośrednie (i to pokazuje analiza funkcji regresji wielokrotnej) oraz oddziaływanie pośrednie poprzez pewien wpływ na cechy kształtujące się później w łańcuchu ontogenetycznym (Kozak, 2007, 2011). W prezentowanych wynikach oddziaływania bezpośrednie były wystarczające do określenia cech istotnie statystycznie wpływających na wielkość masy nasion z rośliny. Drugi problem jaki niesie ze sobą wykorzystanie analizy funkcji regresji wielokrotnej to założenie o niezależności zmiennych przyczynowych. Zastosowana metoda selekcji zmiennych do modelu „wstecz” pozwoliła na wyeliminowanie z modelu zmiennych bezpośrednio ze sobą powiązanych. Nie zawsze jednak jest to wystarczające do wyeliminowania drobniejszych zależności

między zmiennymi przyczynowymi. Zastosować można wówczas do modelowania kształtowania się masy nasion z rośliny inne metody, które w większym lub mniejszym stopniu nie posiadają powyższych wad. Do tych alternatywnych metod zaliczyć można m.in.: analizę ścieżek, sekwencyjną analizę plonu, dwukierunkowy podział zmienności plonu i wnioskowanie o związkach przyczynowo-skutkowych dla populacji genotypów (Piepho, 1995; Gołaszewski i in., 1998; Mądry i Kozak, 2000; Kozak i Mądry, 2006; Kozak i in., 2008; Kozak, 2011).

WNIOSKI

1. Warunki środowiskowe modyfikowały masę nasion z rośliny mieszańców pokolenia F_1 oraz F_2 .
2. Liczba nasion z rośliny, masa tysiąca nasion i liczba nasion w łuszczyńce kształtowały masę nasion z rośliny mieszańców pokoleń F_1 i F_2 bez względu na warunki środowiskowe.
3. Zastosowanie analizy funkcji regresji wielokrotnej pozwoliło na wskazanie dodatkowych cech mających wpływ na masę nasion z rośliny mieszańców pokolenia F_2 . Były to w zależności od warunków środowiskowych średnica szyjki korzeniowej, liczba rozgałęzień pierwszego rzędu oraz liczba łuszczyń z rośliny.

LITERATURA

- Bocianowski J. 2008. Comparison of two methods of estimation of nonallelic interaction of QTL effects on the basis of doubled haploid lines in barley. *Agriculturae Conspectus Scientificus* 73 (3): 183 — 187.
- Bocianowski J. 2012. Analytical and numerical comparisons of two methods of estimation of additive $\times$ additive interaction of QTL effects. *Scientia Agricola* 69 (4): 240 — 246.
- Bocianowski J., Krajewski P. 2000. Estymacja efektów genetycznych na podstawie fenotypu i genotypu markerowego. *Colloquium Biometryczne* 30: 270 — 280.
- Bocianowski J., Krajewski P. 2001. Numerical comparison of classical and marker-based methods of QTL effects estimation. In: Gallais A., Dillmann C., Goldringer I. (eds.). *Quantitative genetics and breeding methods: the way ahead*, Proceedings of the Eleventh Meeting of the EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding. Institut National de la Recherche Agronomique, Paris, France, Les Colloques 96: 35 — 40.
- Bocianowski J., Krajewski P. 2003. Porównanie dwóch metod estymacji efektu addytywnego działania genów na podstawie linii podwojonych haploidów jęczmienia. *Biul. IHAR* 226/227: 41 — 47.
- Bocianowski J., Krajewski P. 2009. Comparison of the genetic additive effect estimators based on phenotypic observations and on molecular marker data. *Euphytica* 165: 113 — 122.
- Bocianowski J., Liersch A., Bartkowiak-Broda I. 2010. Zależność plonu nasion mieszańców F_1 CMS *ogura* rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) od wybranych cech fenotypowych roślin oceniona przy zastosowaniu analizy regresji wielokrotnej. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXXI* (2): 373 — 389.
- Brzozowska I., Brzozowski J., Hruszka M. 2008. Plonowanie i struktura plonu pszenicy ozimej w zależności od sposobu pielęgnacji i nawożenia azotem. *Acta Agrophysica* 11 (3): 597 — 611.
- Degenhart D. F., Kondra Z. P. 1984. Relationships between seed yield and growth characters, yield components and seed quality of summer-type oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Euphytica* 33 (3): 885 — 889.
- Dmowski Z., Dzieżyc H., Nowak L. 2008. Ocena wpływu wybranych parametrów opadu i gleby na plonowanie pszenicy jarej w rejonie południowo-zachodniej Polski. *Acta Agrophysica* 11 (3): 613 — 622.
- Dresler S., Bednarek W., Tkaczyk P. 2010. Plonowanie żyta ozimego w zależności od niektórych właściwości gleby i zabiegów agrotechnicznych. *Acta Agrophysica* 15 (1): 83 — 90.

- Fahrmeir L., Tutz G. 1994. Multivariate statistical modeling based on generalized linear models. Second Edition. Springer Verlag, New York: 515.
- GenStat. 2007. GenStat Release 10 Reference Manual. Lawes Agricultural Trust, Rothamsted, UK.
- Gołaszewski J., Idzkowska M., Milewska J. 1998. The TDP method of seed yield component analysis in grain legume breeding. *Journal of Applied Genetics* 39 (4): 299 — 308.
- Jammalamadaka S. R. 2003. Introduction to linear regression analysis. *The American Statistician* 57 (1): 67 — 67.
- Johnson R. A., Wichern D. W. 1998. Applied multivariate statistical analysis. Fourth Edition. Prentice-Hall, Upper Saddle River, New York: 769.
- Kadłubiec W., Kuriata R. 2004. Wielocechowa analiza kształtowania plonu ziarna linii wsobnych i mieszańców F₁ kukurydzy. *Biul. IHAR* 231: 419 — 424.
- Kleinbaum D. G., Kupper L. L., Nizam A., Muller K. E. 2008. Applied regression analysis and other multivariable methods. Fourth Edition. Thompson Brooks/Cole. Belmont, USA, str. 928.
- Kozak M. 2007. Ontogenetic chain and the Markov condition in crop science. *Nature and Science* 5 (3): 5 — 8.
- Kozak M. 2011. Analiza związków przyczynowo-skutkowych w agronomii i hodowli roślin. *Biul. IHAR* 259: 3 — 21.
- Kozak M., Bocianowski J., Rybiński W. 2008. Selection of promising genotypes based on path and cluster analyses. *Journal of Agricultural Science* 146: 85 — 92.
- Kozak M., Mądry W. 2006. Note on yield component analysis. *Cereal Research Communications* 34 (2–3): 933 — 940.
- Kozdój J., Mańkowski D., Czembor H. J. 2009. Analiza plonu jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) porażonego mączniakiem prawdziwym (*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*). *Komunikat. Biul. IHAR* 254: 65 — 74.
- Kozdój J., Mańkowski D., Oleszczuk S. 2010. Analiza potencjału plonotwórczego linii podwojonych haploidów jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) otrzymanych na drodze androgenezy. *Biul. IHAR* 256: 97 — 103.
- Krajewski P., Bocianowski J., Gawłowska M., Kaczmarek Z., Pniewski T., Święcicki W., Wolko B. 2012. QTL for yield components and protein content: a multi-environment study of two pea (*Pisum sativum* L.) populations. *Euphytica* 183: 323 — 336.
- Krajewski P., Bocianowski J., Kaczmarek Z. 2004. Ocena efektów nieallelicznej interakcji QTL metodę regresji wielokrotnej. W: Krajewski P., Zwierzykowski Z., Kachlicki P. (red.). *Genetyka w ulepszaniu roślin użytkowych. Rozprawy i Monografie 11*, Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu: 275 — 282.
- Marinković R., Marjanović-Jeromela A. 1996. Genotypic and phenotypic correlations of some characters of oilrape (*Brassica napus* L.). *Proc. of the Eucarpia. Symposium on breeding of oil and protein crops*: 127 — 130.
- Marinković R., Marjanović-Jeromela A., Crnobarac J., Lazarević J. 2003. Path-coefficient analysis of yield components of rapeseed (*Brassica napus* L.). *Proceedings of the 11th International Rapeseed Congress*, Copenhagen, Denmark: 988 — 991.
- Mądry W., Kozak M. 2000. Analiza ścieżek i sekwencyjna analiza plonu w badaniach zależności plonu od cech łanu. Cz. I. Opis metod. *Roczniki Nauk Rolniczych. Seria A* 115: 143 — 157.
- Menke K. H., Raab L., Salewski A., Steingass H., Fritz D., Schneider W. 1979. The estimation of the digestibility and metabolizable energy content of ruminant feeding stuffs from the gas production when they are incubated with rumen liquor in vitro. *Journal of Agricultural Science* 93: 217 — 222.
- Mousanejad S., Alizadeh A., Safaie N. 2009. Effect of weather factors on spore population dynamics of rice blast fungus in guilan province. *Journal of Plant Protection Research* 49 (3): 319 — 329.
- Ogrodowczyk M., Wawrzyniak M. 2004. Adoption and path-coefficient analysis for assessment of relationship and interrelationship of yield and yield parameters of winter oilseed rape. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops* 25 (2): 479 — 491.
- Oleksiak T. 2009. Plony pszenicy ozimej w zależności od jakości stosowanego materiału siewnego. *Biul. IHAR* 251: 83 — 93.

- Ozer H., Oral E., Dogru U. 1999. Relationship between yield and yield components on currently improved spring rapeseed cultivars. *Turk. J. Agric. For.* 23: 603 — 607.
- Piepho H. P. 1995. A simple procedure for yield component analysis. *Euphytica* 84: 43 — 48.
- Rawlings J. O., Pantula S. G., Dickey D. A. 2001. *Applied regression analysis — a research tool*. 2nd Edition. New York, USA: Springer Verlag Inc.
- Seber G. A. F., Lee A. J. 2003. *Linear regression analysis*, (2nd Ed.). Wiley-InterScience, New York: 557.
- Shapiro S. S., Wilk M. B. 1965. An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52: 591 — 611.
- Singh M.P., Sharma S.C. 2008. Studies on bio-energetics of draught buffalo. *Technical Sciences* 11: 21 — 34.
- Szulc P., Bocianowski J. 2011 a. Hierarchy of mineral uptake in the creation of generative yield. *Fresenius Environmental Bulletin* 20 (8): 2135 — 2140.
- Szulc P., Bocianowski J. 2011 b. Variability and correlation of grain yield structure components of two different types of maize cultivars (*Zea mays* L.). *Fresenius Environmental Bulletin* 20 (10): 2684 — 2692.
- Szulc P., Bocianowski J., Rybus-Zajac M. 2011. Correlation between traits and their influence on grain yield of „stay-green” maize hybrid (*Zea mays* L.). *Fresenius Environmental Bulletin* 20 (8): 2150 — 2155.

PODZIĘKOWANIA

Autorzy bardzo serdecznie dziękują anonimowemu Recenzentowi, który w istotny sposób przyczynił się do udoskonalenia końcowej wersji tekstu.

TADEUSZ ŁUCZKIEWICZ¹JAN BOCIANOWSKI²JERZY NAWRACAŁA¹¹ Katedra Genetyki i Hodowli Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Efekt heterozji cech ilościowych rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) u mieszańców jednozerowych linii wsobnych krzyżowanych z odmianą Californium

Effect of quantitative traits heterosis in winter rape (*Brassica napus* L.) hybrids between zero-erucic inbred lines crossed with the variety Californium

Cztery linie mutacyjne (białe płatki korony, wąskie płatki korony, dwie linie męsko sterylne) mające w nasionach wysoką zawartość glukozynolanów (około 50 $\mu\text{mol/g s.m.}$), krzyżowano z odmianą Californium. Doświadczenie z formami rodzicielskimi i mieszańcami F_1 założono w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Dłóń. Przeprowadzono obserwacje cech morfologicznych, cech — komponentów plonu oraz sprawdzono zawartość tłuszczu, białka i glukozynolanów w nasionach. Wykonano analizę wariancji, analizę zmiennych kanonicznych oraz obliczono efekty heterozji poszczególnych cech w stosunku do odmiany Californium oraz średniej z obojga rodziców. Badane formy rodzicielskie i mieszańce F_1 różniły się istotnie pod względem wszystkich (poza liczbą i masą nasion z rośliny) analizowanych cech ilościowych. Analiza zmiennych kanonicznych potwierdziła, że linie mutacyjne wyprowadzone z odmian jednozerowych znacznie różniły się od odmiany Californium pod względem wszystkich cech traktowanych łącznie. W trzech z czterech kombinacjach krzyżowania odnotowano istotne efekty heterozji dla większości analizowanych cech w tym dodatnie, istotne, efekty heterozji w stosunku do odmiany Californium stwierdzono dla cech komponentów plonu: liczby łuszczyń i nasion z rośliny oraz masy nasion z rośliny. Wyniki te potwierdzają hipotezę, że efekty heterozji są większe przy krzyżowaniu form oddalonych genetycznie.

Słowa kluczowe: heterozja, linie mutacyjne, rzepak ozimy

Four mutated lines (white petals, narrow petals, 2 male sterile lines) with high (about 50 $\mu\text{mol/g d.m.}$) glucosinolate content in seeds were crossed with variety Californium. Experiment with parental forms and F_1 hybrids was carried out in Experimental Station Dłóń. Observations of morphological traits and yield component traits were made, and contents of oil, protein and glucosinolate in seeds were measured. Analysis of variance, analysis of canonical variates and effects of heterosis in relation to parental mean and to variety Californium were calculated. Analyzed parental forms and F_1 hybrids differed significantly in all traits except a number and weight of seeds per plant. Analysis of canonical variates confirmed that the mutated lines originated from zero-erucic varieties differed from variety

Californium with regards to all analyzed traits taken jointly. In three from four cross combinations significant positive effects of heterosis were observed for the majority of traits including positive effects to variety Californium for yield component traits: number of pods and seeds per plant and weight of seeds per plant. These results confirm the hypothesis that heterosis effects is higher in hybrids between genetically distinct forms.

Key words: heterosis, mutant lines, winter rape

WSTĘP

Rzepak ozimy (*Brassica napus* L.) jest najważniejszym w Europie i trzecim na świecie gatunkiem roślin oleistych. Współcześnie uprawiane odmiany rzepaku ozimego w niewielkim stopniu różnią się pod względem uwarunkowanych genetycznie cech jakościowych i ilościowych. Szczególnie pula genowa rzepaku dwu-zerowego jest względnie wąska, dlatego też plon wielu mieszańców nie jest znacząco wyższy od plonu odmian populacyjnych. Zwiększenie zmienności genetycznej rzepaku, gatunku allopoliploidalnego, można uzyskać na drodze jego resyntezy (Girke i in., 1999; Zhao i n., 2009; Xiao i in., 2010), przeprowadzenia krzyżowania międzyrodzajowego (Hu i in. 2002) oraz otrzymania roślin transgenicznych (Nath i in., 2009). Mutageneza jest wykorzystywana głównie do zmiany składu kwasów tłuszczowych (Röbbelen i Nitsch, 1975; Syed i in., 1990; Ashri, 1992; Rütke i Röbbelen, 1995; Spasibionek, 2002, 2006), a także zmian cech morfologicznych roślin i ich reakcji na stresowe warunki środowiska.

Rosnące zapotrzebowanie na olej rzepakowy przeznaczony na cele spożywcze jak i biopaliwa powoduje bardzo duże zainteresowanie otrzymywaniem mieszańców heterozyjnych charakteryzujących się wyższym plonem nasion i tłuszczu. Efekt heterozji plonu nasion rzepaku (*Brassica napus* L.) w pokoleniu F₁ mieszańców był obserwowany przez wielu autorów (Röbbelen, 1985; Grant i Beversdorf, 1985; Lefort-Buson i in. 1987; Brandle, McVetty, 1989; Paulmann i Frauen, 1991; Łuczkiwicz i in., 2006; Bocianowski i in., 2009). U pierwszych mieszańców heterozyjnych obserwowano wzrost plonu nasion od 5% do 15% w porównaniu z najlepszą odmianą populacyjną. Jednakże wieloletnie wykorzystywanie mało zróżnicowanej puli genowej u współcześnie uprawianych odmian populacyjnych i mieszańców heterozyjnych znacznie utrudnia znaczący postęp w hodowli mieszańców heterozyjnych tego gatunku. Stwierdzono wielokrotnie, że efekt heterozji jest większy przy krzyżowaniu form oddalonych genetycznie (Ali i in., 1995; Diers i in., 1996; Yu i in., 2004). Natomiast zainteresowanie olejem rzepakowym w aspekcie produkcji biopaliw spowodowało wzrost zainteresowania genotypami o wysokiej zawartości kwasu erukowego (Gehring i in., 2007).

Celem pracy było sprawdzenie na ile linie mutacyjne rzepaku ozimego wyprowadzone ze starej puli genowej genotypów jednozerowych tego gatunku (Jet Neuf, Brink i Janpol) ze zwiększoną na drodze mutacji zmiennością różnią się od współcześnie uprawianej odmiany Californium oraz określenie wielkości efektów heterozji w mieszańcach otrzymanych z krzyżowania pomiędzy liniami mutacyjnymi o tradycyjnej zawartości glukozyolanów ze współcześnie uprawianą odmianą dwuzerową.

MATERIAŁ I METODY

Materiał w doświadczeniu stanowiły cztery linie mutacyjne: R-30, R-82, R-83, i R-90, odmiana Californium oraz mieszańce pokolenia F_1 otrzymane w wyniku krzyżowania pomiędzy liniami mutacyjnymi a odmianą Californium. Linie mutacyjne wybrano ze 162 linii mutacyjnych rzepaku ozimego, otrzymanych w Katedrze Genetyki i Hodowli Roślin Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu w rezultacie wieloletnich prac prowadzonych od połowy lat siedemdziesiątych nad indukowaniem mutacji u rzepaku ozimego, polegających na poddaniu wielokrotnemu działaniu czynnika mutagennego nasion tej samej populacji z trzech odmian jedno-zeroowych: Jet Neuf, Brink i Janpol. Wybrane linie charakteryzowały się zmienionymi cechami fenotypowymi: małe, białe płatki korony — linia R-83, wąskie płatki korony — linia R-90, oraz dwie były męsko sterylne — linie R-30 i R-82. Zawierały one w nasionach około 3% kwasu erukowego i około 100 μmol a glukozynolanów (w s.m. nasion). Forma ojcowiska — odmiana populacyjna Californium to odmiana dwuzerowa tzn. posiadająca w nasionach poniżej 0,5% kwasu erukowego i bardzo obniżoną zawartość glukozynolanów (do 15 μmol a).

Jedno powtórzeniowe doświadczenie polowe założono w sezonie wegetacyjnym 2008/2009 w Rolniczym Gospodarstwie Doświadczalnym Dłoi Uniwersytetu Przyrodniczego w Poznaniu. Nasiona form rodzicielskich i mieszańców pokolenia F_1 zostały wysiane na poletkach czterorzędowych o powierzchni 9 m^2 (długość 6 m, szerokość 1,6 m, rozstawa rzędów 0,5 m). Liczba roślin na poletku wahała się od 300 do 600 roślin. Łącznie doświadczenie składało się z 9 poletek (5 poletek z formami rodzicielskimi i 4 poletka z mieszańcami F_1).

Zabiegi uprawowe, nawożenie, oprysk herbicydem oraz przeciwko słodyszkowi rzepakowemu wykonano zgodnie z zaleceniami dla uprawy rzepaku. Do opracowania biometrycznego wybierano losowo 50 pojedynczych z każdego poletka z formami rodzicielskimi i 100 roślin z poletek, na których rosły mieszańce F_1 .

Przeprowadzono analizę biometryczną następujących cech ilościowych roślin: średnica szyjki korzeniowej, wysokość roślin, liczba rozgałęzień, wysokość do pierwszego rozgałęzienia, liczba łuszczyń z rośliny, liczba nasion z rośliny, liczba nasion w łuszczyńce, masa nasion z rośliny i masa tysiąca nasion (MTN). Cechami dotyczącymi składu chemicznego nasion były: zawartość: białka, tłuszczu, sumy glukozynolanów i sumy glukozynolanów alifatycznych. Analizę składu chemicznego nasion (z pojedynczych roślin) wykonano w laboratorium należącym do Hodowli Roślin Strzelce Sp. z o.o. Oddział Małyszyn. Analizy biochemiczne wykonano przy użyciu spektrometru (NIRS, model 6500 NIR Inc., Silverspring, MD, USA). Spektrum odbiciowe ($\log 1/R$) w zakresie od 400–500 nm mierzono przy interwale 2 nm. Każda próba zawierała około 2 g nasion.

Przeprowadzono następujące obliczenia statystyczne: analizę wariancji, analizę zmiennych kanonicznych (Mardia i in., 1979), obliczenie efektów heterozji poszczególnych cech i w poszczególnych kombinacjach krzyżówkowych w stosunku do lepszego rodzica (odmiana Californium) oraz średniej z obojga rodziców.

WYNIKI

Przeprowadzona analiza wariancji wykazała, że linie mutacyjne i odmiana Californium różniły się pod względem wszystkich badanych cech roślin za wyjątkiem cech będących głównymi komponentami plonu tj. liczby nasion z rośliny i masy nasion z rośliny (tab. 1). Mieszańce F₁ różniły się od odmiany Californium wszystkimi cechami poza liczbą rozgałęzień pierwszego rzędu.

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla 13 analizowanych cech rodziców (czterech linii mutacyjnych i odmiany Californium) i mieszańców pokolenia F₁

Mean squares from analysis of variance for 13 traits of parents (four mutant lines and Californium variety) and F₁ hybrids

Cecha Trait	Rodzice Parents (df=4)	Błąd Residual (df=245)	F ₁ (df=4)	Błąd Residual (df=396)
Średnica szyjki korzeniowej Diameter of root neck	0,19*	0,08	0,93***	0,14
Wysokość roślin Plant height	1939,1***	203,8	1648,8***	156,2
Liczba rozgałęzień I rzędu Number of primary branches	30,00**	6,41	7,88	6,29
Wysokość do I rozgałęzienia Height to primary branch	2737,8***	139,3	910,7*	232,8
Liczba łuszczyń z rośliny Number of silique per plant	18258**	4106	62794***	8516
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	178082	240293	12439581***	786423
Masa nasion z rośliny Weight of seeds per plant	3,99	15,07	642,90***	56,32
MTN TSW	24,96***	1,07	1,85*	0,53
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per silique	135,08***	7,03	46,29***	5,33
Zawartość białka w nasionach Protein content in seeds	37,57***	1,2	14,07***	0,98
Zawartość tłuszczu w nasionach Oil content in seeds	299,46***	5,4	80,03***	3,87
Suma glukozynolanów Sum of glucosinolate	15053,84***	80,57	2821,83***	47,86
Suma glukozynolanów alifatycznych Sum of aliphatic glucosinolate	15079,55***	74,95	2794,44***	43,8

* istotne na poziomie 0,05; ** istotne na poziomie 0,01; *** istotne na poziomie 0,001

* significant at 0.05; ** significant at 0.01; *** significant at 0.001

Największa zmienność (wyrażoną współczynnikami zmienności) zarówno linii mutacyjnych, jak i odmiany populacyjnej Californium obserwowano dla liczby i masy nasion z rośliny oraz liczby łuszczyń (tab. 2).

Tabela 2

Zmienność analizowanych cech linii rodzicielskich i mieszańców F₁
Variability of analyzed traits of parents and F₁ hybrids

Cecha Trait		R-30	F ₁	R-82	F ₁	R-83	F ₁	R-90	F ₁	Ś dla linii M for lines	Ś dla Californium M for Californium	Ś dla F ₁ M for F ₁
Średnica szyjki korzeniowej (cm)	Ś/M*	0,90	1,26	1,01	1,06	1,07	1,46	1,03	1,63			
Diameter of root neck	CV*(%)	31,4	28,2	28,6	40,1	30,6	24,4	25,5	28,4	1,02	1,01	1,35
Wysokość rośliny (cm)	Ś/M	114,4	137,7	117,9	121,9	123,3	145,9	128,1	147,2			
Plant height (cm)	CV(%)	14,9	10,2	12,5	9,6	13,4	7,9	8,6	7,1	120,92	113,3	138,18
Liczba rozgałęzień I rzędu	Ś/M	8,7	10,3	7,1	9,3	8,6	10,9	8,1	10,7			
Number of primary branches	CV(%)	36,9	21,5	33,5	47,2	31,1	21,2	18,7	27,2	8,12	7,1	10,30
Wysokość do I rozgałęzienia (cm)	Ś/M	53,9	58,0	49,7	47,4	60,8	58,7	68,9	46,1			
Height to primary branch (cm)	CV(%)	22,3	27,0	25,7	32,2	19,5	21,9	16,4	43,6	58,32	55,4	52,55
Liczba łuszczyń z rośliny	Ś/M	108,6	193,4	93,3	130,4	108,7	174,5	92,4	285,1			
Number of silique per plant	CV(%)	95,7	39,5	51,5	96,5	63,5	47,4	44,8	48,5	100,75	61,8	195,85
Liczba nasion z rośliny	Ś/M	638	1775	659,5	780	729,6	1327	766,2	2892			
Number of seeds per plant	CV(%)	63,6	49,8	78,8	54,7	90,2	52,7	63,1	48,1	98,32	632,1	1693,50
Masa nasion z rośliny (g)	Ś/M	5,05	14,08	5,10	6,06	5,61	11,02	4,91	21,96			
Weight of seeds per plant (g)	CV(%)	67,9	54,4	83,6	59,3	96,7	56,7	57,9	49,6	5,17	5,37	13,28
MTN (g)	Ś/M	7,76	7,82	7,52	7,59	7,12	8,10	6,39	7,50			
TSW (thousand seeds weight) (g)	CV(%)	11,3	10,1	13,5	5,9	14,3	9,6	12,3	5,5	7,20	8,27	7,75
Liczba nasion w łuszczyńce	Ś/M	7,55	9,32	6,75	8,46	5,92	7,36	7,76	10,06			
Number of seeds per silique	CV(%)	38,4	24,0	47,9	65,2	33,4	23,7	30,5	19,4	7,00	10,29	8,80
Procent białka w nasionach	Ś/M	22,2	21,6	22,7	23,1	22,7	22,5	21,8	21,3			
Protein content in seeds (%)	CV(%)	5,5	5,3	5,7	1,9	3,7	4,0	4,2	4,3	2,23	20,6	22,12
Zawartość tłuszczu w nasionach (%)	Ś/M	41,1	41,9	40,2	38,1	39,2	39,8	44,9	42,9			
Oil content in seeds (%)	CV(%)	7,4	5,0	4,2	2,5	5,3	5,1	4,0	3,7	41,35	40,9	40,68
Suma glukozynolanów	Ś/M	53,1	37,8	59,6	60,0	59,8	54,8	60,8	45,9			
Sum of glucosinolate	CV(%)	21,8	25,4	18,5	14,3	15,8	6,5	11,2	9,7	58,3	18,1	49,6
Suma glukozynolanów alifatycznych	Ś/M	47,5	33,4	55,0	54,1	55,5	50,5	56,8	40,2			
Sum of aliphatic glucosinolate	CV(%)	22,8	27,4	20,3	16,4	16,6	6,9	11,7	9,2	53,70	15,8	44,55

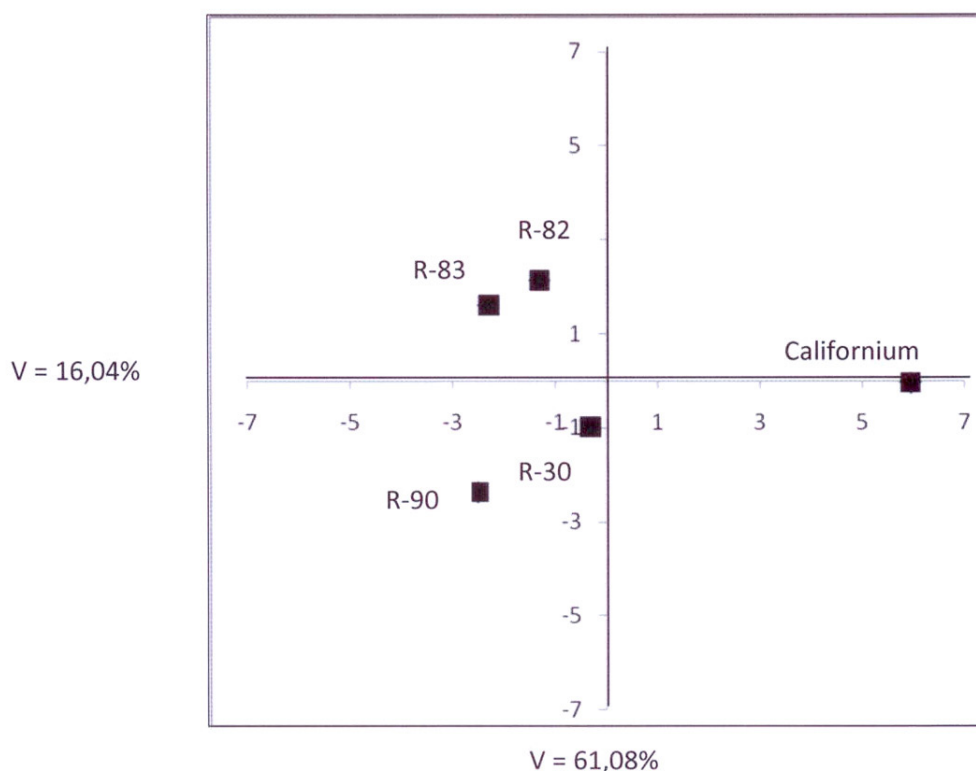
*Ś — średnia — M — mean

CV — współczynnik zmienności — coefficient of variability

Najmniejszą zmienność dla zawartości białka i tłuszczu w nasionach. Rośliny mieszańcowe F₁ wykazywały z reguły mniejszą zmienność aniżeli genotypy rodzicielskie. Zawartość w nasionach glukozynolanów alifatycznych i sumy glukozynolanów była

znacznie niższa u odmiany wzorcowej aniżeli u genotypów wyjściowych pochodzących od odmian jednozerowych. Zawartość glukozyzolanów w nasionach była u mieszańców zbliżona do zawartości w nasionach matki.

Analiza zmiennych kanonicznych potwierdziła, że linie mutacyjne znacznie różnią się od odmiany Californium. Na rysunku 1 przedstawiono 4 linie mutacyjne oraz odmianę wzorcową Californium w układzie dwu pierwszych zmiennych kanonicznych. Dwie pierwsze zmienne kanoniczne wyjaśniły w sumie ponad 77% ogólnej zmienności scharakteryzowanej przez wszystkie analizowane cechy łącznie. Linie mutacyjne znacznie różniły się od odmiany Californium pod względem wszystkich cech traktowanych łącznie (rys. 1). Stosunkowo niewielkie różnice stwierdzono pomiędzy liniami R-82 (męsko sterylna) i R-83 (małe, białe płatki korony). Obydwie linie męsko sterylne różniły się między sobą w większym stopniu niż linie ze zmienionymi cechami morfologicznymi. Efekt heterozji był różny w odniesieniu do analizowanych cech jak i kombinacji krzyżowania. Najmniej istotnych statystycznie efektów heterozji stwierdzono u mieszańców F_1 linii R-82. W pozostałych trzech kombinacjach krzyżowania odnotowano istotne efekty heterozji dla większości analizowanych cech (tab. 3).



Rys. 1. Linie mutacyjne rzepaku ozimego i odmiana Californium w układzie dwu pierwszych składowych głównych

Fig. 1. Mutation lines of winter rape and variety Californium in the space of two principal components

Tabela 3

Efekty heterozji wybranych cech mieszańców F₁ w stosunku średniej dla rodziców i odmiany Californium
Heterosis effects of chosen traits in comparison to parent's mean and variety Californium

Mieszaniec - Hybrid	R-30 × Californium		R-82 × Californium		R-83 × Californium		R-90 × Californium	
cecha trait	średnia dla rodziców parent's mean	Californium	średnia dla rodziców parent's mean	Californium	średnia dla rodziców parent's mean	Californium	średnia dla rodziców parent's mean	Californium
Średnica szyjki korzeniowej Diameter of root neck	0,308***	0,254***	0,05	0,05	0,42***	0,45***	0,61***	0,62***
Wysokość roślin Plant height	23,8***	24,3***	6,2	8,5	27,5***	32,5***	26,5***	33,9***
Liczba rozgałęzień I rzędu Number of primary branches	2,38***	3,14***	2,18*	2,10*	3,08***	3,82***	3,07***	3,57***
Wysokość do I rozgałęzienia Height to the first branch	3,40	2,60	-5,20	-8,00	0,5	3,2	-16,1***	-9,3*
Liczba łuszczyń z rośliny Number of siliques per plant	108***	132***	53	69*	89***	113***	208***	223***
Liczba nasion z rośliny Number of seeds per plant	1140***	1143***	134	148	646***	695***	2193***	2260***
Masa nasion z rośliny Weight of seeds per plant	8,9***	8,7***	0,8	0,7	5,53***	5,7***	16,8***	16,6***
Masa 1000 nasion Thousand seeds weight	-0,19	-0,44*	-0,30	-0,68	0,41*	-0,17	0,18	-0,76**
Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per silique	0,40	-0,97	-0,06	-1,80	-0,74	-2,93***	1,03	-0,24
Zawartość białka w nasionach Protein content in seeds	0,14	0,95***	1,47***	2,51***	0,86***	1,92***	0,03	0,63*
Zawartość oleju nasionach Oil content in seeds	0,93*	1,06*	-2,51**	-2,82**	-0,27	-1,09*	0,05	2,05**
Suma głukozynolanów Sum of glucosinolate	1,2	17,7***	20,2***	39,9***	14,8***	34,7***	5,4*	25,7***
Suma głukozynolanów alifatycznych Sum of aliphatic glucosinolates	1,7	17,6***	18,7***	38,3***	14,8***	34,7***	3,9	24,4***

* Istotne na poziomie 0,05; ** Istotne na poziomie 0,01; *** Istotne na poziomie 0,001 * Significant at 0.05; ** Significant at 0.01; *** Significant at 0.001

Heterozja dotyczyła zarówno cech fenotypowych roślin jak i cech związanych ze składem chemicznym nasion. Istotne statystycznie efekty heterozji obserwowano zarówno w przypadku szacowania heterozji w stosunku do średniej dla obu form rodzicielskich jak i do odmiany Californium. Dodatkowo istotne efekty heterozji w stosunku do odmiany Californium odnotowano dla cech komponentów plonu: liczby łuszczyń i nasion z rośliny oraz masy nasion z rośliny. Dodatkowo heterozję stwierdzono również dla zawartości białka w nasionach oraz zawartości sumy glukozydów i sumy glukozydów alifatycznych. Brak lub mały efekt heterozji a także heterozję ujemną wykazały takie cechy jak: wysokość roślin do I- rozgałęzienia, liczba nasion w łuszczyńce, masa tysiąca nasion oraz zawartość tłuszczu w nasionach.

DYSKUSJA

Mieszaniec rzepaku są obecnie powszechnie uprawiane przewyższając plonem nasion odmiany populacyjne. Już Becker (1987) stwierdził, że efekt heterozji plonu nasion waha się od 4 do 63% w porównaniu do średniego plonu rodziców i jest większy w warunkach nie sprzyjających rozwojowi roślin. Wielu autorów wskazywało, że wysokość efektu heterozji zależy od dystansu genetycznego krzyżowanych komponentów. Ali i in. (1995) stwierdzili na podstawie dystansu genetycznego ustalonego na podstawie wielozmiennej analizy, że efekt heterozji (w stosunku do średniej z rodziców) i dystans genetyczny były wysoce istotnie dodatnio skorelowane w przypadku plonu nasion, liczby łuszczyń na roślinie i liczby nasion w łuszczyńce. Podobnie w przeprowadzonym doświadczeniu dodatni istotny efekt heterozji obserwowano w przypadku liczby nasion z rośliny i masy nasion z rośliny. Yu i in. (2004) analizowali zależność efektu heterozji od genetycznego dystansu ustalonego na podstawie cech morfologicznych, izoenzymów i markerów RAPD. Stwierdzili, że korelacja pomiędzy dystansem genetycznym opartym o ważne markery i markery preferowane z rolniczego punktu widzenia a heterozją była istotna dla takich cech, jak wysokość roślin, liczba nasion w łuszczyńce i plon nasion. Natomiast całkowity dystans genetyczny pomiędzy formami rodzicielskimi okazał się nieprzydatny do prognozowania efektu heterozji. Również Bocianowski i in. (2008) stwierdzili, że odległości Mahalanobisa nie były powiązane lub były słabo powiązane z efektem heterozji.

Zawartość tłuszczu w nasionach jest cechą, dla której przeważnie nie obserwuje się efektów heterozji. Heterozja ujemną lub brak heterozji w zawartości oleju obserwowali Teklewold i Becker (2006). Obserwowano brak heterozji w zawartości oleju pomimo istotnej heterozji plonu nasion (Falk i in., 1994). Wyniki otrzymane w przeprowadzonym doświadczeniu były zróżnicowane. Podobnie jak (Wang i in., 2009) obserwowano w dwóch kombinacjach krzyżowania istotną ujemną heterozję pod względem zawartości oleju. Jednak w pozostałych dwóch kombinacjach efekty heterozji zawartości oleju były dodatnie w stosunku do odmiany Californium.

Linie krzyżowane w doświadczeniu wykazywały większą zmienność fenotypową uzyskaną w wyniku mutagenezy, co mogło dodatkowo wpłynąć na efekt heterozji. Małuszyński i in. (2001) stwierdzili występowanie heterozji u mieszańców otrzymanych z krzyżowania linii mutacyjnych z odmianą wyjściową. Girke i in. (1999) obserwowali

wysoki efekt heterozji u mieszańców pomiędzy liniami resyntetyzowanego rzepaku a odmianą rzepaku jarego Korall. Stwierdzili, że resynteza rzepaku daje nowe możliwości w hodowli heterozyjnej rzepaku.

W pracy otrzymano wyniki świadczące o możliwości otrzymania wysokiego efektu heterozji z krzyżowania linii o wysokiej zawartości glukozynolanów z wysoko plonującą odmianą populacyjną. Gehringer (2009) uważa, że połączenie różniących się puli genowej konwencjonalnych wysoko plonujących odmian z nowymi liniami o wysokiej zawartości kwasu erukowego jest obiecująca drogą do zwiększenia efektu heterozji. Gehringer i in. (2007) uważają, że odmiany mieszańcowe o wysokiej zawartości kwasu erukowego, uprawiane na słabych glebach są alternatywnym źródłem biodiesla. Dlatego też wydaje się, że możliwe jest włączenie niektórych linii mutacyjnych o tradycyjnym składzie chemicznym nasion do programów hodowli heterozyjnej rzepaku.

WNIOSKI

1. Genotypy rodzicielskie (linie mutacyjne i odmiana Californium) oraz mieszańce F_1 różniły się istotnie pod względem wszystkich (poza liczbą i masą nasion z rośliny) analizowanych cech ilościowych.
2. Największą zmienność zarówno linii mutacyjnych, jak i odmiany Californium obserwowano dla masy nasion z rośliny.
3. Rośliny pokolenia F_1 wykazywały z reguły mniejszą zmienność analizowanych cech aniżeli genotypy rodzicielskie.
4. Efekt heterozji cech ilościowych roślin będących komponentami plonu nasion był różny u mieszańców obu linii męskosterylnych biorących udział w doświadczeniu.
5. Dodatni efekt heterozji stwierdzono dla większości analizowanych cech mieszańców linii mutacyjnych (forma mateczna) z odmianą Californium. Heterozja dotyczyła zarówno cech "fenotypowych" roślin jak i cech związanych ze składem chemicznym nasion.
6. Efekt heterozji cech ilościowych roślin będących komponentami plonu nasion był różny u mieszańców obu linii męsko sterylnych biorących udział w doświadczeniu.
7. Otrzymane wyniki potwierdzają hipotezę, że efekty heterozji mogą być większe w przypadku krzyżowania form odległych genetycznie.

LITERATURA

- Ali M., Copeland L. O., Elias S. G., Kelly J. D. 1995. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in winter canola (*Brassica napus* L.). Theor. Appl. Genet. 91: 118 — 121.
- Ashri A. 1992. Mutation breeding of oil crops. Joint FAO / IAEA Seminar, Zaragoza, Spain: 1 — 9.
- Bocianowski J., Łuczkiwicz T., Kozak M., Brzeskwiniwicz H. 2008. Does genetic distance of parental forms affect specific combining ability and heterosis effects in F_1 and F_2 of spring rape diallel cross? Agriculturae Conspectus Scientificus Vol. 73 (4): 211 — 215.
- Bocianowski J., Liersch A., Bartkowiak-Broda I. 2009. Badanie zmienności fenotypowej mieszańców F_1 CMS *ogura* rzepaku ozimego i ich form rodzicielskich za pomocą statystycznych metod wielowymiarowych. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXX (2): 161 — 184.

- Brandle J.E., Mc Vetty P. 1989. Heterosis and combining ability in hybrids derived from oilseed rape cultivars and inbred lines. *Crop Sci.* 29: 1191 — 1195.
- Diers B. W., McVetty P. B. E., Osborn T. C. 1996. Relationship between heterosis and genetic distance based on restriction fragment length polymorphism markers in oilseed rape (*Brassica napus* L.). *Crop Sci.* 36: 79 — 83.
- Falk K., Rakow G., Downey R., Spurr D. 1994: Performance of inter-cultivar summer turnip rape hybrids in Saskatchewan. *Can. J. Plant Sci.* 74: 441 — 445.
- Gehring A. 2009. Development of camelina (*Camelina sativa* Crtz.) genotypes and winter rapeseed *Brassica napus* L.) hybrids for marginal locations. Doctoral Dissertation Justus-Liebig-University Giessen, Giessen, November 2009: 1 — 124.
- Gehring A., Spiller T., Basunanda P., Snowdon R.J. and Friedt W. 2007. New oilseed rape (*Brassica napus*) hybrids with high levels of heterosis for seed yield under nutrient-poor conditions. *Breeding Science* Vol. 57: 315 — 320.
- Girke A., Becker H. C., Engqvist G. 1999. Resynthesized rapeseed as a new genpool for hybrid breeding. *Proc 10th Intl. Rapeseed Congress*, Canberra, Australia.
- Grant I., Beversdorf W. 1985 Agronomic resistance of triazine resistant single-cross hybrid oilseed rape (*Brassica napus* L.) *Can. J. Plant Sci.*, 1985, 65, (4): 889 — 892.
- Hu Q., Hansen L. N., Laursen J., Dixelius C., Andersen S. B. 2002. Intergeneric hybrids between *Brassica napus* and *Orychophragmus violaceus* containing traits of agronomic importance for oilseed rape breeding. *Theor. Appl. Genet.* Vol. 105: 834 — 840.
- Lefort-Buson, M., Guillot-Lemoine, B. and Dattee Y. 1987: Heterosis and genetic distance in rapeseed : crosses between European and Asiatic selfed lines. *Genome* 29: 413 — 418.
- Łuczkiwicz T., Nawracała J., Dyba S., Bączkiewicz B., Bocianowski J. 2006. Ocena efektów GCA, SCA i heterozji kilku cech linii hodowlanych rzepaku jarego. *Prace z Zakresu Nauk Rolniczych PTPN*, 98: 191 — 200.
- Małuszyński M., Szarejko I., Barriga P., Balcerzyk A. 2001. Heterosis in crop mutant crosses and production of high yielding lines using doubled haploid systems. *Euphytica* 120 (3): 387 — 398.
- Mardia K. V., Kent J. T., Bibby J. M. 1979. *Multivariate analysis*. Academic Press, London.
- Nath U. K., Wilmer J. A., Wallington E. J., Becker H. C., Möllers C. 2009. Increasing erucic acid content through combination of endogenous low polyunsaturated fatty acids alleles with Ld-LPAAT + Bn-fael transgenes in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Theor. Appl. Genet.* 118: 765 — 773.
- Paulmann, W., Frauen, M. 1991. Einsatz von biotechnologischen Verfahren in der praktischen Rapszüchtung. *Bericht der Arbeitstagung Saatzüchtler*, Gumpenstein: 173 — 182.
- Röbbelen G., Nitsch A. 1975. Genetical and physiological investigations on mutants for polyenoic fatty acid in rapeseed *Brassica napus* L. *Z. Pflanzenzüchtg.* 75: 93—105.
- Röbbelen, G. 1985. Züchtung von Hybridraps. *Bericht der Arbeitstagung Saatzüchtler*, Gumpenstein, 173 - 185 [0843]103.
- Rucker B., Röbbelen G. 1995. Development of high oleic acid rapeseed. *Proceedings of the 9th International Rapeseed Congress*, Cambridge, 2: 389 — 391.
- Spasibionek S. 2002. Znaczenie mutagenyzy w tworzeniu nowych genotypów roślin oleistych o zmienionym składzie kwasów tłuszczowych. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXIII* (2): 533 — 546.
- Spasibionek S. 2006. New mutants of winter rapeseed (*Brassica napus* L.) with changed fatty acid composition. *Plant Breeding* 125: 259 — 267.
- Syed A. S., Ali I., Rachman K. 1990. Improvement of rapeseed for agronomic and quality characters through induced mutation and hybridization. *Mutation Breeding of Oil Seeds Crop*. FAO/IAEA, Vienna: 68 — 74.
- Teklewold A., Becker H. 2006. Comparison of phenotypic and molecular distance to predict heterosis and F₁ performance in Ethiopian mustard (*Brassica carinata* A. Braun). *Theor. Appl. Genet.* 112: 752 — 759.
- Wang H. Z., Lui G.-H., Wang X.-F., Liu J., Yang Q., Hua W. 2009. Heterosis and breeding of high oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.) 16th Australian Research Assembly on Brassicas. Ballarat Victoria 2009.
- Xiao Y., Chen L., Zou J., Tian E., Xia W., Meng J. 2010. Development of a population for substantial new type *Brassica napus* diversified at both A/C genomes. *Theor. Appl. Genet.* 121 (6): 1141 — 1150.

- Yu C. Y., Hu S. W., Zhao H. X., Guo A. G., Sun G. L. 2004. Genetic distances revealed by morphological characters, isozymes, proteins and RAPD markers and their relationships with hybrid performance in oilseed rape (*Brassica napus* L.). Theor. Appl. Genet. 110 (3): 511 — 518.
- Zhao Y., Xiao L., Lu C. 2009. Genetic analysis of yield and its components of *B. napus* hybrids using resynthesized rapeseed lines. Agricultural Science in China, 8 (11): 1286 — 1292.

ALINA LIERSCH¹JAN BOCIANOWSKI²IWONA BARTKOWIAK-BRODA¹¹ Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych, IHAR — PIB Poznań² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Poszukiwanie markerów molekularnych związanych z przebiegiem kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców F₁ CMS *ogura* rzepaku ozimego (*B. napus* L.)*

Search for molecular markers linked to the flowering time and length of parental lines of F₁ CMS *ogura* hybrids of winter oilseed rape (*B. napus* L.)

Wiele przeprowadzonych dotąd badań wykazało, że istnieje pozytywny związek plonu nasion rzepaku z wczesnością i długością kwitnienia. Ze względu na ukierunkowanie w ostatnich latach hodowli rzepaku przede wszystkim na tworzenie odmian mieszańcowych F₁ podjęto badania mające na celu znalezienie markerów molekularnych związanych z początkiem i długością kwitnienia komponentów rodzicielskich mieszańców F₁ CMS *ogura*. Początek i długość kwitnienia 18 linii rodzicielskich oceniono w doświadczeniach polowych w dwóch kolejnych sezonach wegetacyjnych, w dwóch środowiskach. Badania genomowego DNA tych linii wykonano metodą PCR — RAPD i AFLP, a ponadto w badaniach wykorzystano także markery izoenzymatyczne. Stwierdzono istotny statystycznie związek pomiędzy markerami molekularnymi a początkiem terminu kwitnienia (16 markerów) oraz długością okresu kwitnienia (32 markery). Nie stwierdzono takiej zależności z markerami izoenzymatycznymi.

Słowa kluczowe: rzepak ozimy (*B. napus* L.), mieszańce F₁, CMS *ogura*, markery molekularne, wczesność i długość kwitnienia

Many investigations displayed the positive relationship between seed yield of oilseed rape and earliness as well as the length of flowering period. The last years' oilseed rape breeding is directed first of all to development of F₁ hybrid cultivars. Taking it into the consideration, investigations aiming at finding molecular markers linked to the beginning and length of flowering of parental lines of F₁ hybrids have been initiated. Beginning and length of flowering of 18 parental lines were evaluated in field trials during two crop seasons in two environments. Genomic DNA of these lines was analyzed using PCR - RAPD and AFLP methods. Moreover, the isozyme markers were also used in the study. The obtained results revealed statistically significant relationship between molecular markers and

*Badania zostały częściowo sfinansowane przez Ministerstwo Nauki i Szkolnictwa Wyższego, projekt nr 3 P06A 027 25

flowering time. 16 molecular markers were associated with beginning of flowering period and 32 markers with the length of flowering. The isozyme markers were not correlated with these traits.

Key words: beginning and length of flowering, CMS *ogura*, F₁ hybrids, molecular markers, oilseed rape (*B. napus* L.)

WSTĘP

W ciągu ostatnich 30 lat dzięki hodowli jakościowej rzepak stał się bardzo ważną rośliną uprawną o wzrastającym znaczeniu na rynku międzynarodowym. Obecnie produkcja nasion rzepaku zajmuje drugie miejsce wśród roślin oleistych w świecie po nasionach soi i w sezonie 2009/2010 wyniosła 59,8 mln ton co stanowi 13,9% całkowitej produkcji nasion oleistych (soja 60,3%). Natomiast w produkcji globalnej oleju roślinnego zajmuje trzecie miejsce (15,3%) po oleju palmowym (34,9%) i sojowym (27,3%) — (Oil World 17/2010). Ponadto pozostałości po wytlóczeniu i ekstrakcji oleju wytłoki/śruta poekstrakcyjna są źródłem wartościowego białka paszowego. W Unii Europejskiej rzepak ozimy jest najważniejszą rośliną oleistą, a nasiona rzepaku przerabia się nie tylko na cele spożywcze i paszowe ale także wykorzystuje do produkcji biopaliw, w związku z tym zapotrzebowanie na nie ciągle rośnie. Zwiększoną produkcję nasion rzepaku można uzyskać poprzez hodowlę i wdrożenie do uprawy odmian mieszańcowych plonujących nawet o ponad 20% wyżej niż odmiany populacyjne.

Współczesna hodowla roślin obok klasycznych metod hodowli stosuje coraz częściej selekcję z wykorzystaniem różnych typów markerów molekularnych — MAS (ang. marker-assisted selection). Liczne publikacje naukowe dowodzą, że markery molekularne będące nowoczesnym narzędziem badań ułatwiają i przyspieszają proces hodowli roślin. Lande i Thompson (1990) wskazują, że skuteczność selekcji w oparciu o MAS jest wyższa w porównaniu z klasycznymi metodami opartymi na selekcji fenotypowej, zwłaszcza dla cech o niskim poziomie odziedziczalności, takich jak plon nasion. Snowden i Friedt (2004) wykazali możliwość zastosowania markerów molekularnych w hodowli rzepaku. Różne typy markerów molekularnych posłużyły do opracowania map genetycznych, mapowania porównawczego, asocjacyjnego, lokalizacji *loci* cech ilościowych (QTL), a także poszukiwania związku pomiędzy poszczególnymi markerami a zmiennością fenotypową licznych gatunków roślin (Joudren i in., 1996; Somers i in., 2001; Irzykowska i Bocianowski, 2008; Zhao i in., 2008; Bocianowski, 2012; Irzykowska i in., 2012).

Celem podjętych prac było określenie związku pomiędzy różnymi typami markerów a początkiem i długością okresu kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców pokolenia F₁ rzepaku ozimego, cechami mającymi silny wpływ na plon nasion.

MATERIAŁ I METODY

Obiektami badań było osiemnaście linii rodzicielskich mieszańców F₁ CMS *ogura* rzepaku ozimego (osiem linii CMS *ogura* i 10 linii ojcowskich: sześć linii restorerów oraz cztery linie bez genu restorera). Początek kwitnienia (licząc dni od początku roku kalendarzowego do momentu zakwitnięcia około 10% roślin na poletku) oraz długość kwitnienia (liczba dni od początku kwitnienia do momentu gdy 90% roślin zakończyło

kwitnienie na poletku) badanych linii oceniono w doświadczeniach polowych przeprowadzonych w sezonach wegetacyjnych 2002/2003 i 2003/2004 w układzie bloków kompletnie zrandomizowanych w czterech powtórzeniach, każdego roku w dwóch środowiskach. Szczegółowy opis materiału roślinnego, metodyki doświadczeń polowych oraz analiz molekularnych przedstawiono w pracach Bocianowski i in. (2010, 2011). Dla określenia związku różnych typów markerów z początkiem kwitnienia oraz długością kwitnienia wykonano badania za pomocą markerów typu RAPD, AFLP i izoenzymów.

Całkowity DNA dla każdej linii wyizolowano z liści dziesięciodniowych siewek rzepaku według metody Doyle i Doyle (1990). Polimorfizm genomowego DNA określono stosując: 57 starterów RAPD (Operon Technologies, Alameda USA) zgodnie z metodyką opisaną przez Williamsa i in. (1990). Analizę metodą AFLP wykonano przy użyciu 23 par selektywnych starterów AFLP typu *EcoRI* (E-5'-GACTGCGTACC AATTC NNN-3') i *MseI* (M-5'-GATTGAGTCCTGAG TAA NNN-3') (Gibco BRL Primer Kit, Invitrogen) według metody opracowanej przez Vosa i in. (1995). Do badań izoenzymatycznych zastosowano pięć systemów izoenzymatycznych: IDH (EC 1.1.1.42) — dehydrogenaza izocytrynianowa, MDH (EC 1.1.1.37) — dehydrogenaza malonowa, 6PGD (EC 1.1.1.44) — dehydrogenaza 6-fosfoglukonowa, LAP (EC 3.4.11.1) — aminopeptydaza leucyny, PGI (EC 5.3.1.9) — fosfoglucoizomeraza, zgodnie z metodyką opracowaną przez Schieldsa i in. (1983) oraz Vallejos (1983).

W celu określenia związku obserwowanych produktów amplifikacji z początkiem kwitnienia oraz długością kwitnienia zastosowano analizę regresji (Hastie i Tibshirani, 1990). Obserwacje markerów molekularnych były traktowane jako zmienne niezależne i rozpatrywane indywidualnie w modelach (Bocianowski i Seidler-Łożykowska, 2012) na poziomie istotności $\alpha = 0,01$, będącym wynikiem poprawki Bonferroniego przy testowaniu jednoczesnym. W obrębie badanych cech przeprowadzono klasteryzację markerów metodą nieważonych średnich połączeń, w celu oszacowania liczby QTL determinujących poszczególne cechy. Do jednego klastera klasyfikowano markery, których podobieństwo wynosiło co najmniej 80%. Wszystkie obliczenia w zakresie analizy statystycznej wykonano korzystając z pakietu statystycznego GenStat v. 10.1 (GenStat, 2007).

WYNIKI I DYSKUSJA

Badane linie charakteryzowały się zróżnicowanym początkiem kwitnienia (tab. 1, rys. 1 a) oraz długością okresu kwitnienia (tab. 1, rys. 1 b). Najwcześniej ze wszystkich linii rodzicielskich zakwitła linia mateczna Samourai, która charakteryzowała się także najdłuższym okresem kwitnienia spośród badanych obiektów. Pozostałe linie mateczne i ojcowskie rozpoczynały okres kwitnienia średnio 2–5 dni później. Najpóźniej w okres kwitnienia wchodziły linie ojcowskie z genem restorerem (*Rfo*) (rys. 1a).

Pięćset dziewięćdziesiąt siedem (597) markerów posłużyło do określenia związku trzech typów markerów z początkiem i długością okresu kwitnienia. Najwięcej polimorficznych markerów otrzymano metodą AFLP — 354, następnie 225 polimorficznych markerów typu RAPD oraz 18 fenotypów elektroforetycznych. W tabeli 2 przedstawiono

markery istotnie statystycznie związane z początkiem kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców F₁, a w tabeli 3 z długością kwitnienia.

Tabela 1

Początek i długość kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców F₁ CMS *ogura* — wartości średnie z doświadczeń w czterech środowiskach
Beginning and length of flowering of parental lines of F₁ CMS *ogura* hybrids of winter oilseed rape — mean values from experiments in four environments

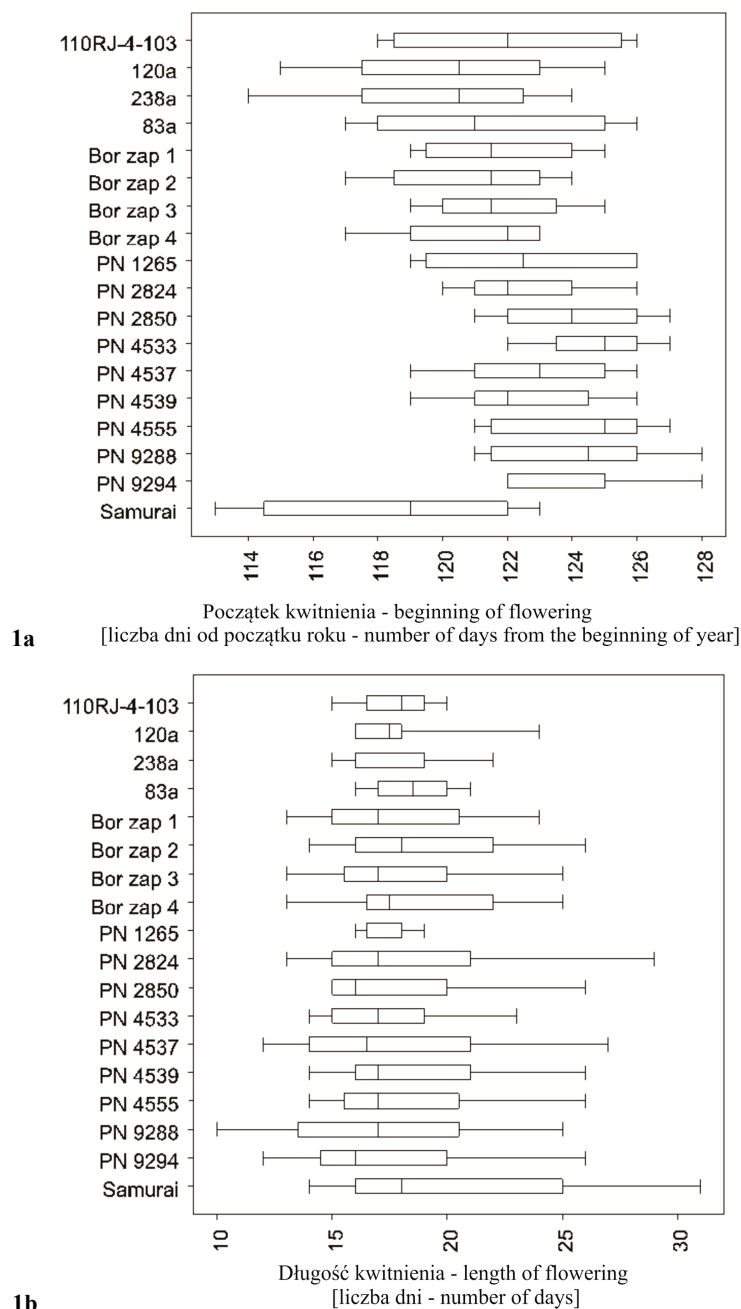
Genotyp Genotype	Początek kwitnienia Beginning of flowering	Długość kwitnienia Length of flowering
110RJ-4-103♂ (<i>Rfo</i>)*	122,1	17,81
120a♀	120,2	17,56
238a♀	119,8	18,06
83a♀	121,4	18,38
Bor zap 1♂	121,8	17,75
Bor zap 2♂	120,9	19,00
Bor zap 3♂	121,7	17,88
Bor zap 4♂	121,1	18,81
PN 1265♂ (<i>Rfo</i>)	122,6	17,56
PN 2824♀	122,6	18,69
PN 2850♀	123,9	17,94
PN 4533♂ (<i>Rfo</i>)	124,8	17,38
PN 4537♂ (<i>Rfo</i>)	122,9	17,75
PN 4539♂ (<i>Rfo</i>)	122,5	18,56
PN 4555♂ (<i>Rfo</i>)	124,1	18,13
PN 9288♀	124,1	17,19
PN 9294♀	123,6	17,31
Samourai♀	119,1	20,75

* Linie ojcowskie z genem restorerem (*Rfo*)

* Paternal lines with restorer gene (*Rfo*)

Szesnaście markerów RAPD (8) i AFLP (8) było związanych z początkiem kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców. Pięć markerów RAPD i pięć AFLP związane było z wcześniejszym kwitnieniem, natomiast pozostałe z późniejszą datą rozpoczęcia terminu kwitnienia (tab. 2). Procent całkowitej zmienności fenotypowej początku kwitnienia wyjaśnianej przez poszczególne markery wynosił od 31,4% dla markera SA 8~1660 E-AGG:M-CAC do 63,4% dla markera SA15~810 E-ACC:M-CTC. Przeprowadzona klasteryzacja 16 powyższych markerów umożliwiła wyodrębnienie ośmiu grup (tab. 2), co sugeruje iż początek kwitnienia rzepaku ozimego determinowany jest przez osiem QTL.

Analizując długość kwitnienia stwierdzono, że 32 markery, w tym 10 markerów RAPD i 22 markery AFLP, były związane z tą cechą (tab. 3). Jedynie sześć markerów było związanych ze skróceniem okresu kwitnienia (jeden marker RAPD i pięć markerów AFLP), natomiast pozostałe były związane z podwyższeniem wartości tej cechy, czyli dłuższym okresem kwitnienia. Procent całkowitej zmienności wyjaśnianej przez markery molekularne wyniósł od 31,5% (OPY-10~1200) do 51,3% (dla 13 markerów RAPD i AFLP) (tab. 3).



Rys. 1a, 1b. Boxplot początku i długości kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców F₁ CMS *ogura* rzepaku ozimego ocenionych w doświadczeniach polowych
Fig. 1a, 1b. Boxplot of beginning and length of flowering of parental lines of CMS *ogura* F₁ hybrids of winter oilseed rape evaluated in field trials

Tabela 2

Związek markerów molekularnych RAPD i AFLP z początkiem kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców F₁ CMS *ogura*
Relationship between RAPD and AFLP markers and the beginning of flowering of CMS *ogura* F₁ hybrids parental lines

Symbol markera Marker symbol	Klaster Cluster ^s	Wartość estymatora Estimates of regression coefficients	Wartość p p-value	Procent całkowitej zmienności fenotypowej wyjaśnianej przez marker The proportion of total phenotypic variance explained by markers	Standardowy błąd obserwacji Standard error of observations
SA15~810 E-ACC:M-CTC	F	-2,639	<0,001	63,4	1,01
SA 6~600 E-ACC:M-CAC	A	2,576	<0,001	57,6	1,09
SA16~804 E-ACA:M-CTT	F	-2,503	<0,001	54,0	1,13
OPF-01~560	C	-2,879	<0,001	51,8	1,16
SA 7~420 E-ACC:M-CAG	F	-2,330	<0,001	48,0	1,20
OPG-04~890	A	2,278	0,001	46,3	1,22
OPY-10~1200	A	2,375	0,001	44,5	1,24
OPF-01~830	A	2,240	0,002	42,0	1,27
SA 14~240 E-AAG:M-CTT	G	-2,435	0,002	41,9	1,27
OPP-07~1900	I	-2,281	0,003	40,6	1,29
SA 3~700 E-AGG:M-CAG	E	-2,172	0,005	36,2	1,33
OPW-09~890	F	-2,058	0,005	36,1	1,33
OPY-01~1054	E	-2,094	0,007	33,2	1,36
SA 21~234 E-AGG:M-CAT	B	3,120	0,008	32,6	1,37
OPA-07~1100	D	-3,120	0,008	32,6	1,37
SA 8~1660 E-AGG:M-CAC	B	1,977	0,009	31,4	1,38

^s Markery oznaczone tą samą literą należą do jednego klastera

^s Markers indicated by the same letter belong to one cluster

Markery izoenzymatyczne były nieprzydatne do tego typu badań. Żaden spośród wygenerowanych 18 fenotypów elektroforetycznych nie był związany ani z początkiem, ani z długością kwitnienia badanych linii. Przeprowadzona klasteryzacja powyższych 32 markerów umożliwiła wyodrębnienie sześciu grup (tab. 3). Stąd wniosek, iż na długość kwitnienia rzepaku ozimego determinujący wpływ ma sześć QTL.

Federico i Federico (2011) w publikacji dotyczące genetyki *B. napus* wykazali, że od 1991 roku opracowano i opublikowano ponad 30 map genetycznych dla różnych populacji mapujących rzepaku. Obok poszukiwania *loci* cech ilościowych odpowiedzialnych za tak istotne z punktu widzenia rolniczego cechy jak plon nasion, jego składniki, zawartość oleju w nasionach i skład kwasów tłuszczowych podjęto także badania mające na celu wyjaśnienie mechanizmów kontroli genetycznej kwitnienia rzepaku. Prowadzone są zarówno badania dotyczące procesu wernalizacji, poszukiwania alleli determinujących zarówno wczesność jak i opóźnienie terminu kwitnienia, długość okresu kwitnienia, a także badania nad związkiem czasu kwitnienia i plennością rzepaku oraz innych roślin kapustnych (Lagercrantz, 1998; Osborn i Lukens, 2003; Raman i in. 2011). Prace te są pierwszym rozpoznaniem cechy długości i wczesności kwitnienia. Badania wykonane przez Ramana i in. (2011) wykazały, że okres kwitnienia jest cechą kompleksową kontrolowaną przez co najmniej 38 *loci* zlokalizowanych zarówno w genomie A i genomie C. Każdemu z tych *loci* przypisano równy procent zmienności. Long i in. (2007), badając populację linii DH w 11 miejscowościach, wykazali obecność 36 głównych i 6 pośrednich

QTL we wszystkich testowanych środowiskach. Federico i Federico (2011) stwierdzili, że liczba wykrytych *loci* cech ilościowych (QTL) związanych z terminem kwitnienia wahała się od 4 do 9 w zależności od badanej populacji roślin. Uzyskane przez różnych autorów wyniki wskazują, że QTL dla terminu kwitnienia, fotoperiodu i okresu wernalizacji są zlokalizowane w różnych regionach genomu w zależności od badanej populacji. Cai i in. (2008) stwierdzili, lokalizację QTL w grupie sprzężeń C8, która w wysokim procencie wyjaśniała zmienność fenotypową populacji mapującej rzepaku jarego dla terminu kwitnienia i fotoperiodu. Mei i in. (2009) opisali QTL zlokalizowany w grupie sprzężeń C3 odpowiedzialny za kwitnienie populacji F₂ rzepaku. Ponadto badania wskazują, że kwitnienie należy do cech o wysokim stopniu odziedziczalności, jednakże wykazujących silną interakcję z warunkami środowiskowymi Osborn i in. (1997).

Tabela 3

Związek markerów molekularnych RAPD i AFLP z długością kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców F₁ CMS *ogura*
Relationship between RAPD and AFLP markers and the length of flowering of CMS *ogura* F₁ hybrids parental lines

Symbol markera Marker symbol	Klaster Cluster ^s	Wartość estymatora Estimates of regression coefficients	Wartość p p-value	Procent całkowitej zmienności fenotypowej wyjaśnianej przez marker The proportion of total phenotypic variance explained by markers	Standardowy błąd obserwacji Standard error of observations
SA 7~1140 E-ACC:M-CAG, SA 9~450 E-AAC:M-CAT, SA 17~1150 E-ACT:M-CAT, SA 22~1400 E-AGG:M-CTA, SA 22~265 E-AGG:M-CTA, SA 23~1650 E-AGG:M-CTC, OPP-14~1830, OPN-02~2000, OPA-18~1830, OPA-15~1480, OPA-15~890, OPG-04~1260, OPK-08~1260	C	2,421	<0,001	51,3	0,542
SA 6~1140 E-AGG:M-CAG, SA 6~840 E-AGG:M-CAG, SA 23~1215 E-AGG:M-CTC, SA 23~820 E-AGG:M-CTC, SA 23~145 E-AGG:M-CTC	D	-2,421	<0,001	51,3	0,542
SA 7~240 E-ACC:M-CAG, SA 22~565 E-AGG:M-CTA, SA 22~175 E-AGG:M-CTA, SA 23~1100 E-AGG:M-CTC, SA 23~850 E-AGG:M-CTC, SA 23~800 E-AGG:M-CTC	A	1,676	0,001	45,6	0,572
SA 7~170 E-ACC:M-CAG, SA 23~90 E-AGG:M-CTC	D	-1,676	0,001	45,6	0,572
OPW-02~2500	E	1,029	0,002	42,6	0,587
SA 10~1450 E-AAG:M-CAT	E	1,009	0,003	39,0	0,606
SA 22~190 E-AGG:M-CTA	B	1,535	0,004	37,3	0,614
OPA-11~1600	F	1,054	0,005	35,5	0,623
SA 18~800 E-ACT:M-CTC	F	1,037	0,006	34,1	0,630
OPY-10~1200	D	-0,953	0,009	31,5	0,642

^s Markery oznaczone tą samą literą należą do jednego klastera

^s Markers indicated by the same letter belong to one cluster

Wyniki wcześniej przeprowadzonych badań wykazały, że na plon nasion, obok cech struktury plonu, w istotny sposób może wpływać wczesność kwitnienia i/lub długość

kwitnienia. Pozytywny związek plenności różnych rodów rzepaku w ośmiu środowiskach z początkiem i długością kwitnienia wykazali Spasibionek i Ogrodowczyk (1994). Również Ogrodowczyk i in. (2003) wykazali istotną zależność wielkości uzyskanego plonu nasion przez odmiany populacyjne i mieszańcowe od długości okresu kwitnienia. Natomiast Bocianowski i in. (2010) analizując mieszańce złożone i zrestorowane rzepaku ozimego przy zastosowaniu analizy regresji wielokrotnej stwierdzili istotność związku wczesności kwitnienia i długości okresu kwitnienia z wysokością uzyskanego plonu przez te odmiany w wybranych środowiskach.

W przypadku wyboru linii rodzicielskich mieszańców F_1 konieczna jest selekcja linii wykazujących dobrą synchronizację terminu kwitnienia, co umożliwia ekonomicznie uzasadnioną produkcję materiału siewnego wysokoplennych mieszańców pokolenia F_1 . Markery molekularne związane z wczesnością i długością terminu kwitnienia mogą stanowić cenne uzupełnienie klasycznych metod selekcji form rodzicielskich mieszańców F_1 CMS *ogura* rzepaku ozimego.

WNIOSKI

1. Uzyskane wyniki wskazują, że możliwe jest wyodrębnienie markerów molekularnych typu AFLP i RAPD silnie związanych zarówno z wczesnością jak i długością okresu kwitnienia.
2. Na podstawie klasteryzacji markerów stwierdzono, że początek kwitnienia rzepaku ozimego jest uwarunkowany przez osiem QTL, natomiast długość kwitnienia w badanym materiale determinowana jest przez sześć QTL.
3. W celu potwierdzenia związku poszczególnych markerów z wczesnością i długością kwitnienia rzepaku badania powinny być kontynuowane na szerszym materiale roślinnym.

LITERATURA

- Bocianowski J. 2012. Analytical and numerical comparisons of two methods of estimation of additive $\times$ additive interaction of QTL effects. *Scientia Agricola* 69 (4): 240 — 246.
- Bocianowski J., Liersch A., Bartkowiak-Broda I. 2010. Zależność plonu nasion mieszańców F_1 CMS *ogura* rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) od wybranych cech fenotypowych roślin oceniona przy zastosowaniu analizy regresji wielokrotnej. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops*, XXXVI (2): 373 — 389.
- Bocianowski J., Kozak M., Liersch A., Bartkowiak-Broda I. 2011. A heuristic method of searching for interesting markers in terms of quantitative traits. *Euphytica* 181: 89 — 100.
- Bocianowski J., Seidler-Łożykowska K. 2012. The relationship between RAPD markers and quantitative traits of caraway (*Carum carvi* L.). *Industrial Crops and Products* 36: 135 — 139.
- Cai C. C., Tu J., Fu T. D., Chen B. Y. 2008. The genetic basis of flowering time and photoperiod sensitivity in rapeseed *Brassica napus* L. *Russ. J. Genet* 44: 326 — 333.
- Doyle J. J., Doyle J. L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13—15.
- Federico L. I. L., Federico, M. L. 2011. The genetics of *Brassica napus*. In: *Genetics and genomics of the Brassicaceae, plant genetics and genomics: Crops and Models 9* (eds.) R. Schmidt, I. Bancroft. Springer Science +Business Media, LLC 2011. DOI 10.1007/978-1-4419-7118-0_10: 291 — 312.
- GenStat. 2007. GenStat Release 10 Reference Manual. Lawes Agricultural Trust, Rothamsted, UK.
- Hastie T. J., Tibshirani R. J. 1990. Generalized additive models. Chapman and Hall, London.

- Irzykowska, L., Bocianowski, J. 2008. Genetic variation, pathogenicity and mycelial growth rate differentiation between *Gaeumannomyces graminis* var. *tritici* isolates derived from winter and spring wheat. *Annals of Applied Biology* 152: 369 — 375.
- Irzykowska L., Bocianowski J., Waśkiewicz A., Weber Z., Karolewski Z., Goliński P., Kostecki M., Irzykowski W. 2012. Genetic variation of *Fusarium oxysporum* isolates forming fumonisin B₁ and moniliformin. *Journal of Applied Genetics* 53: 237 — 247.
- Jourdren C., Barret P., Brunel D., Delourme R., Renard M. 1996. Specific molecular marker of the genes controlling linolenic acid content in rapeseed. *Theor. Appl. Genet.* 93: 512 — 518.
- Lagercrantz U. 1998. Comparative mapping between *Arabidopsis thaliana* and *Brassica nigra* indicates that *Brassica* genomes have evolved through extensive genome replication accompanied by chromosomes fusions and frequent rearrangements. *Genetics* 150: 1217 — 1228.
- Lande R., Thompson R. 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics* 124: 743 — 756.
- Long Y., Shi J., Qiu D., Li R., Zhang C., Wang J., Hou J., Zhao J., Shi L., Park B-S., Choi S.R., Lim Y.P., Meng J. 2007. Flowering time quantitative trait loci analysis of oilseed brassica in multiple environments and genome wide alignment with *Arabidopsis*. *Genetics* 177: 2433 — 2444.
- Mei D. S., Wang H. Z., Hu Q., Li Y. D., Xu Y.S., Li Y. C. 2009. QTL analysis on plant height and flowering time in *Brassica napus*. *Plant Breeding* 128: 458 — 465.
- Ogrodowczyk M., Liersch A., Bartkowiak-Broda I. 2003. Badanie zależności plonu nasion od cech biometrycznych u odmian mieszańcowych i populacyjnych rzepaku ozimego. *Biul. IHAR* 226/227/2: 415 — 424.
- Oil World 17/2010. Za Rynek Rzepaku Stan i Perspektywy. 2010. Instytut Ekonomiki Rolnictwa i Gospodarki Żywnościowej PIB, Agencja Rynku Rolnego, MRiRW. ISSN 1231-269X.
- Osborn T. C., Kole C., Parkin I. A. P., Sharpe A. G., Kuiper M., Lydiate D. J., Trick M. 1997. Comparison of flowering time genes in *Brassica rapa*, *B. napus* and *Arabidopsis thaliana*. *Genetics* 146: 1123 — 1129.
- Osborn T.C., Lukens L. 2003. The molecular genetic basis of flowering time variation in *Brassica* species. In: Nagata T., Tabata S. (eds.) *Biotechnology in agriculture and forestry. Brassica and legumes: from gene structure to breeding*. Springer Verlag, Berlin, 69 — 86.
- Raman H., Pragnell R., Eckermann P., Edwards D., Batley J., Coombers N., Taylor B., Wratten N., Luckett D., Dennis L. 2011. Genetic dissection of natural variation for flowering time in rapeseeds 13th International Rapeseed Congress, June 05-09.2011, Prague, Czech Republic, CD-ROM: 67 — 70, www.irc2011.org.
- Shields C. R., Orton C. J., Stuber C. W. 1983. Isozymes in plants genetics and breeding. In: Tanksley S. D. and Orton T. J. (Eds). Part A, Elsevier Sciences Publishers, B.V., Amsterdam: 443 — 458.
- Snowdon R.J., Friedt W. 2004. Molecular markers in *Brassica* oilseed breeding: current status and future possibilities. *Plant Breeding* 123: 1 — 8.
- Somers D. J., Rakow G., Prabhu V. K., Friesen K. R. D. 2001. Identification of a major gene and RAPD markers for yellow seed coat colour in *Brassica napus*. *Genome* 44: 1077 — 1082.
- Spasibionek S., Ogrodowczyk M. 1994. Badania nad nowymi rodami rzepaku ozimego w doświadczeniach wstępnych w sezonie 1992/93. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops*, XV: 341 — 358.
- Vallejos C. E. 1983. Enzyme activity staining. In: Tanksley S. D. and Orton T. J. (Eds). *Isozymes in plants genetics and breeding*. Part A, Elsevier Sciences Publishers, B.V., Amsterdam: 469 — 516.
- Vos P., Hogers R., Sleeker M., Reijans M., Lee T., Homes M., Freiters A., Pot J., Peleman J., Kuiper M., Zabeau M. 1995. AFLP: a new concept for DNA fingerprinting. *Nucl. Acids Res.* 23: 4404 — 4414.
- Williams J. G. K., Kubelik A. R., Livak K. J., Rafalski J. A., Tingey S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucl. Acids Res.* 18: 6531 — 6535.
- Zhao H., Shi L., Duan X., Xu F., Wang Y., Jinling Meng J. 2008. Mapping and validation of chromosome regions conferring a new boron-efficient locus in *Brassica napus*. *Mol. Breed.* 22: 495 — 506.

LAURENCJA SZALA¹**ZYGMUNT KACZMAREK²****ELŻBIETA ADAMSKA²****TERESA CEGIELSKA-TARAS¹**¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB, Zakład Genetyki i Hodowli Roślin Oleistych, Poznań² Instytut Genetyki Roślin Polskiej Akademii Nauk

Wpływ kierunku krzyżowania na ekspresję barwy nasion i cech składowych plonu w populacjach linii DH rzepaku ozimego

Influence of the direction of crossing on the expression of seed colour and yield components in DH line populations of winter oilseed rape

Celem prezentowanych badań było określenie wpływu kierunku krzyżowania na ekspresję koloru nasion i cechy struktury plonu oraz wyselekcjonowanie jasnonasiennych linii DH o wyższych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w porównaniu do żółtonasiennej linii rodzicielskiej. Materiał do badań stanowiły dwie populacje linii DH otrzymane z mieszańców F₁ krzyżowania odwrotnego pomiędzy czarnonasienną linią DH H₂-26 a żółtonasienną linią DH Z-114. Podwojone haploidy wysiano w doświadczeniu polowym w jednym powtórzeniu z systematycznie rozmieszczonymi wzorcami (obie linie rodzicielskie). Wykonano pomiary biometryczne dla cech struktury plonu, zmierzono zawartość tłuszczu i oceniono barwę nasion. Analiza wariancji przeprowadzona dla 6 cech, umożliwiła wyznaczenie charakterystyk statystycznych dla każdej z obu populacji linii DH i populacji rodzicielskich oraz zbadanie istotności różnic między nimi. Podział 4 badanych populacji na grupy jednorodne, istotnie różniące się między sobą, dla każdej omawianej cechy, pozwolił na dokonanie oceny wpływu kierunku krzyżowania. Dodatkowo przeprowadzona ocena kontrastu pomiędzy daną linią DH a lepszym z wzorców umożliwiła wyodrębnienie linii transgresyjnych. Na podstawie testowania porównań między jasnonasiennymi liniami DH a linią rodzicielską Z-114 wyróżniono dwie linie: DH HZ-6 i DH ZH-54 o istotnie wyższej liczbie tłuszczu na roślinie.

Słowa kluczowe: analiza wariancji, barwa nasion, cechy struktury plonu, linie DH, rzepak ozimy

The main goal of presented study was to determine the influence of the direction of the crossing on the expression of seed colour and yield components and as well as selection of DH lines with light colour seeds and with improved yield components as well as fat content compared to the parental yellow-seeded line. The material consisted of two populations of DH lines derived from F₁ hybrids obtained from reciprocal crosses between black seeded DH H₂-26 and yellow seeded line DH Z-114. Doubled haploids were examined in an unreplicated field trial with a regularly distributed standards (both parental lines.) Biometric measurements were made for the components of seed yield, fat content was estimated and seed colour was evaluated. Analysis of variance carried out for 6 traits, has allowed

the designation of the statistical characteristics for each of the two populations of DH lines and parental populations and to investigate the significance of differences between them. Division of populations into four homogeneous groups, significantly different from each other, for each of the studied traits, allowed to assess the influence of the direction of crossing. In addition, the assessment of the contrast between given DH lines and the best parental line allowed the separation of transgressive DH lines. Based on testing comparisons between light seed colour DH lines and parental line DH Z-114, it was possible to distinguish two lines: DH HZ-6 and DH ZH-54 with significantly higher number of pods per plant.

Key words: analysis of variance, DH lines, seed colour, winter oilseed rape, yield components

WSTĘP

W ostatnich latach wzrasta na świecie znaczenie rzepaku nie tylko jako rośliny oleistej, ale również jako rośliny białkowej. Białko zawarte w nasionach rzepaku charakteryzuje się korzystnym składem aminokwasów. Jednak wartość pokarmowa wytlóków z czarnonasiennych rzepaków lub śruty poekstrakcyjnej jest ograniczona przez wysoką zawartość włókna, powodującego niską strawność tej paszy. Dlatego też od pewnego czasu obserwuje się wzmożone zainteresowanie rzepakiem żółtonasiennym, o transparentnej okrywie nasiennej, który charakteryzuje się niską zawartością włókna. Obniżenie zawartości włókna w wytlókach lub śrucie poekstrakcyjnej zwiększa dostępność białka i ogólną strawność paszy.

Żółtonasiennność nie występuje naturalnie w obrębie gatunku *B. napus*. Uzyskane w wyniku prac hodowlanych jasnonasienne formy powstały bądź na drodze mutacji, bądź poprzez przeniesienie tej cechy z innych gatunków z rodzaju *Brassica*, co wpłynęło negatywnie na ich plenność (Hernacki, 2007). Celem prezentowanych badań było określenie wpływu kierunku krzyżowania na ekspresję barwy nasion i cechy struktury plonu oraz wyselekcjonowanie żółtonasiennych linii DH rzepaku o polepszonych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w stosunku do żółtonasiennej linii rodzicielskiej.

MATERIAŁ I METODY

Materiał do badań stanowiły dwie populacje podwojonych haploidów (DH) rzepaku ozimego otrzymanych metodą izolowanych mikrospor z mieszańców pokolenia F₁: populacja HZ licząca 78 linii DH, otrzymana z mieszańca DH H₂-26 × DH Z-114 i populacja ZH licząca 98 linii DH otrzymana z mieszańca DH Z-114 × DH H₂-26. Linie rodzicielskie różniły się fenotypowo. Linia DH Z-114 o jednolitej jasnożółtej barwie nasion i niskiej liczbie rozgałęzień, była linią nisko plonującą a czarnonasienna linia DH H₂-26, o korzystnym pokroju roślin, dobrze plonowała.

W sezonie 2007/2008 przeprowadzono doświadczenie polowe w celu wstępnej oceny otrzymanych populacji linii DH. Podwojone haploidy wysiano w doświadczeniu w jednym powtórzeniu z systematycznie rozmieszczonymi wzorcami co 8 obiektów, którymi były obie linie rodzicielskie. Utworzyły one dodatkowo dwie populacje (rodzicielskie), oznaczone odpowiednio symbolami Z i H, każda o liczebności 27. Wykonano pomiary biometryczne dla cech struktury plonu. Z poletka pobrano po pięć roślin do wyliczenia

średniej dla liczby rozgałęzień i liczby łuszczyń na roślinie dla każdego obiektu. Pobrano też losowo po 20 łuszczyń ze środkowej części pędów głównych, aby określić średnią liczbę nasion w łuszczyń. Natomiast masa tysiąca nasion powstała jako średnia z trzech oddzielnie ważonych prób. Zawartość tłuszczu oznaczono metodą pulsacyjnego NMR. Barwę nasion oceniono za pomocą spektrofotometru w skali od 0 (barwa czarna) do 5 (barwa żółta). Zebrane wyniki analizowano w oparciu o ogólną teorię analizy doświadczeń w układach o blokach niekompletnych (Ceranka i Chudzik, 1977; Kaczmarek i in., 1985). Analiza wariancji przeprowadzona dla 4 cech struktury plonu, zawartości tłuszczu i barwy nasion, umożliwiła wyznaczenie charakterystyk statystycznych dla każdej z obu populacji linii DH i populacji rodzicielskich oraz zbadanie istotności różnic między nimi. Podział 4 badanych populacji na grupy jednorodnej, istotnie różniące się między sobą dla każdej omawianej cechy, pozwolił na dokonanie oceny wpływu kierunku krzyżowania. Dodatkowo przeprowadzona ocena kontrastu pomiędzy daną linią DH a lepszym z wzorców umożliwiła wyodrębnienie linii o dodatnich efektach transgresji dla badanych cech. Testowanie porównań między żółtonasiennymi liniami DH (o ocenie barwy >4) a żółtonasienną linią rodzicielską Z-114 dało odpowiedź na pytanie, czy udało się na drodze androgenezy *in vitro* uzyskać linie o jasnej barwie nasion i polepszonych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w nasionach.

WYNIKI

Wstępna ocena obu populacji linii DH, dokonana na podstawie doświadczenia przeprowadzonego w jednym sezonie, wykazała duże zróżnicowanie linii DH i linii rodzicielskich w wartościach analizowanych cech. Charakterystyki statystyczne populacji ZH, HZ i populacji rodzicielskich przedstawiono w tabeli 1.

Tabela 1

Charakterystyki statystyczne populacji linii DH i populacji rodzicielskich *B. napus* dla badanych cech
Statistical characteristics of DH line populations and parental populations of *B. napus* for studied traits

Cecha Trait	Populacja Population	Liczebność Number	Średnia Mean	Odchylenie standardowe Standard deviation	Współczynnik zmienności (%) Coefficient of variation (%)	Min. Min.	Maks. Max.
1	2	3	4	5	6	7	8
Liczba rozgałęzień Number of branches	ZH	98	7,14	1,75	24,45	2,3	11,0
	HZ	78	6,92	1,50	21,68	3,3	10,1
	H	27	8,12	1,24	15,21	5,3	10,3
	Z	27	5,54	1,09	19,68	4,0	9,3
Liczba łuszczyń na roślinie Number of siliques per plant	ZH	98	244,01	91,56	37,52	35,0	559,0
	HZ	78	230,46	96,57	41,90	60,0	685,0
	H	27	311,26	91,95	29,54	195,0	509,0
	Z	27	172,37	47,94	27,81	117,0	317,0
Liczba nasion w łuszczyń Number of seeds per silique	ZH	98	19,58	3,26	16,63	9,7	28,0
	HZ	78	20,87	3,62	17,33	11,2	27,5
	H	27	21,35	1,72	8,06	18,5	24,4
	Z	27	21,00	2,86	13,64	15,1	25,3

c. d. Tabela 1

1	2	3	4	5	6	7	8
Masa tysiąca nasion (g)	ZH	98	4,08	0,48	11,68	3,0	5,8
Thousand seeds weight (g)	HZ	78	4,10	0,49	11,89	3,3	5,7
	H	27	4,04	0,24	6,07	3,7	4,9
	Z	27	4,20	0,20	4,72	3,7	4,5
Zawartość tłuszczu (%)	ZH	98	46,82	2,73	5,82	36,1	51,4
	HZ	78	46,92	2,61	5,57	38,1	51,9
Fat content (%)	H	27	49,35	1,30	2,63	46,2	52,4
	Z	27	44,35	1,30	2,92	42,2	48,0
Barwa nasion (skala 0-5)	ZH	98	1,46	1,32	90,48	0,13	4,55
Seeds colour (scale 0-5)	HZ	78	1,81	1,59	87,48	0,01	5,21
	H	27	0,44	0,07	15,49	0,26	0,58
	Z	27	5,13	0,26	5,07	4,37	5,55

ZH — populacja linii DH z mieszańca DH Z-114 × DH H₂-26; population of DH lines from hybrid DH Z-114 × DH H₂-26

HZ — populacja linii DH z mieszańca DH H₂-26 × DH Z-114; population of DH lines from hybrid DH H₂-26 × DH Z-114

H, Z — populacje linii rodzicielskich: DH H₂-26, DH Z-114; populations of parental lines: DH H₂-26, DH Z-114

Zakres zmienności linii DH przekraczał zakres zmienności populacji rodzicielskich w liczbie łuszczyń na roślinie, liczbie nasion w łuszczyń i masie tysiąca nasion. Wyliczone odchylenia standardowe dla poszczególnych cech były wyższe dla populacji linii DH niż dla populacji rodzicielskich, z wyjątkiem liczby łuszczyń na roślinie, gdzie odchylenie standardowe dla populacji H było nieznacznie wyższe niż dla populacji ZH, natomiast współczynniki zmienności we wszystkich cechach były wyższe dla populacji linii DH niż dla populacji rodzicielskich.

Największą zmienność zaobserwowano dla barwy nasion — CV = 90,48% i CV = 87,48% odpowiednio dla populacji ZH i HZ, a najmniejszą dla zawartości tłuszczu w nasionach — CV = 5,82% i CV = 5,57%.

Podział czterech populacji na grupy jednorodne wykazał brak wpływu efektów matecznych na badane cechy (tab. 2).

Tabela 2

Podział populacji na grupy jednorodne
Division of populations in to homogenous groups

Cecha — Trait	Grupa — Group	Populacje — Populations	Średnia — Mean
Liczba rozgałęzień	1	H,	8,12
Number of branches	2	HZ, ZH	7,05
	3	Z	5,54
Liczba łuszczyń na roślinie	1	H	311,26
Number of siliques per plant	2	HZ, ZH	238,00
	3	Z	172,37
Liczba nasion w łuszczyń	1	Z, H, HZ	21,00
Number of seeds per silique	2	ZH	19,58
Masa tysiąca nasion (g)	1	H, Z, ZH, HZ	4,10
Thousand seeds weight (g)			
Zawartość tłuszczu (%)	1	H	49,35
Fat content (%)	2	HZ, ZH,	46,86
	3	Z	44,35
Barwa nasion (skala 0-5)	1	Z	5,12
Seeds colour (scale 0-5)	2	HZ, ZH	1,62
	3	H	0,44

Wykonana analiza wariancji dla 6 badanych cech pozwoliła dokonać oceny kontrastu pomiędzy daną linią DH a średnią „lepszego” z rodziców, będącej jednocześnie oceną efektów transgresji tej linii. Dla wszystkich badanych cech poszukiwano linii o pozytywnych dodatnich efektach transgresji. Najwięcej linii transgresyjnych znaleziono w odniesieniu do masy tysiąca nasion (tab. 3). W populacji ZH, liczącej 98 linii, dodatnie efekty transgresji wykazało 11 linii DH (11,2%), a w populacji HZ liczącej 78 linii zaobserwowano 7 transgresyjnych linii DH (9,0%). Pozytywne efekty transgresji wykazało również 6 linii DH w odniesieniu do liczby nasion w łuszczyńce: 2 linie w populacji ZH (2,0%) i 4 linie w populacji HZ (5,1%). Najmniej przypadków transgresji zanotowano dla liczby łuszczyń na roślinie — 3 linie w obu populacjach łącznie. Odnośnie pozostałych cech, nie znaleziono żadnej linii DH przewyższającej istotnie w swych wartościach „lepszego” z rodziców.

Tabela 3

Linie DH o pozytywnych efektach transgresji w populacjach ZH i HZ
DH lines with positive transgression effects in the populations ZH and HZ

Linia DH DH line	Średnia Mean	Efekt transgresji Effect of transgression		Linia DH DH line	Średnia Mean	Efekt transgresji Effect of transgression	
		ocena score	test F F-test			ocena score	test F F-test
Liczba łuszczyń na roślinie — Number of siliques per plant							
ZH-41	482,4	170,6	6,08*	HZ-71	621,1	309,3	19,96**
ZH-91	495,1	183,3	7,01*				
Liczba nasion w łuszczyńce — Number of seeds per silique							
ZH-7	26,61	5,26	4,46*	HZ-51	27,08	5,73	5,31*
ZH-83	27,17	5,81	5,46*	HZ-59	26,68	5,33	4,59*
				HZ-60	26,48	5,13	4,25*
				HZ-62	27,38	6,03	5,88*
Masa tysiąca nasion — Thousand seeds weight							
ZH-12	4,77	0,57	6,26*	HZ-5	5,49	1,29	32,10**
ZH-40	5,83	1,63	51,59**	HZ-10	5,23	1,03	20,46**
ZH-44	4,82	0,62	7,52**	HZ-34	4,87	0,67	8,78**
ZH-57	4,91	0,72	9,92**	HZ-37	5,71	1,51	44,29**
ZH-58	4,71	0,52	5,16*	HZ-54	5,28	1,09	22,81**
ZH-60	4,87	0,68	8,84**	HZ-57	4,94	0,75	10,77**
ZH-62	5,32	1,13	24,52**	HZ-79	5,37	1,17	26,59**
ZH-91	5,12	0,92	16,47**				
ZH-107	5,00	0,80	11,42**				
ZH-109	5,28	1,08	20,85**				
ZH-115	5,44	1,24	27,50**				

* Istotność na poziomie $\alpha = 0.05$; * Significant at $\alpha = 0.05$ level

** Istotność na poziomie $\alpha = 0.01$; ** Significant at $\alpha = 0.01$ level

Pośród wszystkich otrzymanych linii DH 16 linii charakteryzowało się jasnym zabarwieniem nasion (4 linie w populacji ZH i 12 linii w populacji HZ). Linie te poddano analizie porównawczej z żółtonasienną formą rodzicielską Z-114 w celu wyselekcjonowania genotypów o poprawionych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w stosunku do linii rodzicielskiej (tab. 4). Przeprowadzona analiza statystyczna wykazała, że tylko 3 linie nie odbiegały istotnie swym zabarwieniem od linii Z-114. Jednak żadna z nich nie przekraczała w swych wartościach dla cech struktury plonu i zawartości

tłuszczu żółtonasiennej linii rodzicielskiej, z wyjątkiem linii DH HZ-10 charakteryzującej się istotnie wyższą masą tysiąca nasion. Wśród pozostałych 9 linii DH, o barwie nasion istotnie gorszej od linii rodzicielskiej Z-114, ale jednak o ocenie powyżej 4, dwie linie zasługują na szczególną uwagę: DH HZ-6 i DH HZ-54. Obie linie wyróżniły się istotnie wyższą liczbą łuszczyń na roślinie. Dodatkowo linia DH HZ-6 miała istotnie wyższą liczbę rozgałęzień, a linia DH HZ-54 charakteryzowała się istotnie wyższą masą tysiąca nasion i istotnie zwiększoną zawartością tłuszczu w nasionach.

Tabela 4

Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH o jasnej barwie nasion a żółto nasienną linią rodzicielską Z-114

Scores and results of comparisons between light-seeded DH lines and yellow-seeded parental line Z-114

Linia DH DH line	Liczba rozgałęzień Number of branches	Liczba łuszczyń na roślinie Number of siliques per plant	Liczba nasion w łuszczyńce Number of seeds per silique	Masa tysiąca nasion Thousand seeds weight	Zawartość tłuszczu Fat content (%)	Barwa nasion (skala 0-5) Seeds colour (scale 0-5)
ZH-68	-0,68	-36,39	-2,81	-0,35	0,78	-1,04**
ZH-70	0,32	38,61	0,49	-0,62**	4,18**	-0,78**
ZH-76	1,62	49,61	0,49	-0,96**	4,78**	-0,65**
ZH-81	-0,84	-13,47	-1,63	-0,37	2,41	-0,91**
HZ-6	4,05**	257,19**	-8,29**	0,08	1,42	-0,64**
HZ-10	0,35	14,19	1,81	1,03**	-3,38**	0,12
HZ-24	0,56	-31,47	-5,11*	-0,15	-1,21	-0,13
HZ-41	0,26	66,53	2,89	0,18	3,28**	-0,68**
HZ-47	3,32**	130,61	3,69	0,00	3,58**	-0,63**
HZ-48	4,02	141,61	0,59	-0,10	0,58	-1,09**
HZ-49	2,02	95,61	3,09	0,20	2,68**	-0,57**
HZ-54	3,62	226,61**	-5,31*	1,07**	5,28**	-0,51**
HZ-58	1,02	86,61	4,49	-0,89**	-5,42**	-0,40*
HZ-66	0,86	27,53	2,17	-0,37	3,81**	-1,06**
HZ-68	1,16	-19,47	-0,43	-0,64**	0,01	-0,85**
HZ-78	-0,14	-99,47	-4,43	0,31	1,41	-0,10
Z-114	5,54	172,92	21,00	4,20	44,36	5,13

* Istotność na poziomie $\alpha = 0.05$; * Significant at $\alpha = 0.05$ level

** Istotność na poziomie $\alpha = 0.01$; ** Significant at $\alpha = 0.01$ level

DYSKUSJA

W celu zbadania wpływu kierunku krzyżowania na ekspresję koloru nasion i cech struktury plonu wyprowadzono dwie populacje linii DH metodą izolowanych mikrospor z mieszańców pokolenia F_1 otrzymanych z krzyżowania odwrotnego pomiędzy żółtonasienną i czarnonasienną linią DH. Podwojone haploidy są w pełni homozygotyczne, a przez to stabilne genetycznie, co jest szczególnie ważne w badaniach nad formami żółtonasiennymi, gdyż jasnożółty kolor nasion jest warunkowany obecnością trzech recesywnych alleli genów w stanie homozygotycznym (Rahman i in., 2007). Ze względu na dużą liczebność otrzymanych populacji (łącznie 176 obiektów), oceny linii DH dokonano na podstawie doświadczenia w jednym powtórzeniu z systematycznie rozmieszczonymi wzorcami (linie rodzicielskie).

Wyliczone współczynniki zmienności dla badanych cech dla populacji ZH i HZ uwzględniały ogólną zmienność, zarówno dziedziczną, w tym wypadku rekombinacyjną, jak i niedziedziczną, natomiast współczynniki zmienności populacji rodzicielskich (na podstawie 27 replikacji rodzicielskich linii DH) były wyznacznikiem zmienności niedziedzicznej. Stosunkowo wysokie współczynniki zmienności dla cech struktury plonu dla populacji Z i H mogły być spowodowane silnym wpływem czynników niegenetycznych takich jak środowisko, brak reprezentatywności próby, błąd pomiaru (Allard, 1968). Jednak dla wszystkich badanych cech zmienność populacji ZH i HZ była wyższa niż populacji rodzicielskich, co świadczy o pojawieniu się licznych i zróżnicowanych rekombinantów.

Przeprowadzony podział czterech populacji na grupy jednorodne wykazał brak wpływu kierunku krzyżowania na średnie wartości cech struktury plonu i zawartości tłuszczu. Podobne wyniki otrzymano we wcześniejszych badaniach nad populacjami podwojonych haploidów (Szała i in., 2009). Jak podają Henderson i Pauls (1991) barwa okrywy nasiennej jest determinowana przez genotyp mateczny. Tymczasem kierunek krzyżowania nie miał wpływu na ekspresję barwy nasion u linii podwojonych haploidów. Wpływał on tylko istotnie na barwę nasion mieszańców pokolenia F_1 : nasiona mieszańca $DH\ H_2-26 \times DH\ Z-114$ były czarne, a mieszańca $DH\ Z-114 \times DH\ H_2-26$ — żółte. Jednak średnie oceny barwy nasion populacji ZH i HZ nie różniły się istotnie między sobą, przy czym w populacji HZ linii DH o jasnym zabarwieniu nasion (o ocenie > 4) było dwanaście, a w populacji ZH — tylko cztery.

Największą liczbę linii DH o dodatnich efektach transgresji zaobserwowano dla masy tysiąca nasion. Natomiast odnośnie liczby rozgałęzień, zawartości tłuszczu i koloru nasion nie odnotowano przypadków dodatniej transgresji. Zebrane wyniki potwierdzają tezę Riesenberga (1999), że częstotliwość występowania linii transgresyjnych zależy od zróżnicowania genetycznego i podobieństwa fenotypowego form rodzicielskich.

Wśród 12 linii DH, o jasnej barwie nasion, wyodrębniono dwie linie: DH HZ-6 i DH HZ-54, wyróżniające się istotnie wyższą liczbą tłuszczyn na roślinie niż żółtonasienna linia rodzicielska. Stwarza to możliwość wyselekcjonowania istotnie wyżej plonujących linii żółtonasiennych, gdyż spośród wszystkich elementów struktury plonu właśnie ta cecha w największym stopniu decyduje o plonie nasion (Diepenbrock, 2000).

WNIOSKI

Na podstawie przeprowadzonego doświadczenia stwierdzono, że:

- kierunek krzyżowania nie miał wpływu na barwę nasion; nie wykazano także wpływu efektów matecznych na badane cechy struktury plonu.
- metoda izolowanych mikrospor stwarza możliwość uzyskania wartościowych, stabilnych genetycznie rekombinantów. Wyselekcjonowano transgresyjne linie DH oraz żółtonasienne linie DH o istotnie wyższych parametrach cech struktury plonu i zawartości tłuszczu w nasionach w porównaniu do żółtonasiennej linii rodzicielskiej DH Z-114.

LITERATURA

- Allard R. W. 1968. Podstawy hodowli roślin. PWRiL, Warszawa.
- Ceranka B., Chudzik H. 1977. Doświadczenia jednopowtórzeniowe z wzorcem. Siódme Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii. PAN, Warszawa: 318 — 331.
- Diepenbrock W. 2000. Yield analysis of winter oilseed rape (*Brassica napus* L.). Field Crops Research 67 (1): 35 — 49.
- Henderson C. A. P., Pauls K. P. 1992. The use of haploidy to develop plants that express several recessive traits using light-seeded canola (*Brassica napus*) as an example. Theor. Appl. Genet. 83: 476 — 479.
- Hernacki B. 2007. Rzepak żółtonasienny — aktualny stan badań w skali światowej, problem I zagadnienia. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXVIII (2): 125 — 150.
- Kaczmarek Z., Kielczewska H., Łuczkiewicz T. 1985. Analiza statystyczno-genetyczna doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcem na przykładzie doświadczenia z rodami pszenicy jarej. Piętnaste Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii. PAN, Warszawa: 183 — 194.
- Nei M. 1972. Genetic distance between populations. American Naturalist 106: 283 — 292.
- Rahman M., McVetty P. B. E., Li G. 2007. Inheritance of seed color genes of *Brassica napus* (L.) and tagging the genes using SRAP molecular markers. Proceedings of the 10th International Rapeseed Congress, Canberra, Australian 4: 1154 — 1156.
- Rieseberg L. H., Archer M. A., Wayne R. K. 1999. Transgressive segregation, adaptation and speciation. Heredity 83: 363 — 372.
- Szała L., Kaczmarek Z., Adamska E., Cegielska-Taras T. 2009. Efekty transgresji w populacjach linii DH rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) uzyskanych z mieszańców F₁ z krzyżowania odwrotnego odm. Californium i DH W-15. Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXX (2): 185 — 196.

IRENA KOLASIŃSKA

Zakład Genetyki i Hodowli Roślin

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie

Zróżnicowanie zdolności do przywracania płodności wśród linii męskosterylnych żyta z cytoplazmą Pampa

Diversity in fertility restoration among male sterile rye lines with Pampa cytoplasm

Celem badań było poznanie zróżnicowania nowo wyprowadzonych linii męskosterylnych żyta pod względem wpływu na poziom przywrócenia płodności ich mieszańców z restorerami. Na polach przestrzennie izolowanych wykonano krzyżowanie 12 linii męskosterylnych (linie P) z czterema restorerami oraz 57 linii męskosterylnych z restorerem 18R. Następnie oceniono poziom przywrócenia męskiej płodności 105 mieszańców (P×R) w doświadczeniach założonych metodą całkowicie losową w 3 powtórzeniach. Męską płodność pojedynczych roślin mieszańców określono poprzez wizualną bonitację pylników w skali 1–9 oraz obliczono indeksy przywrócenia męskiej płodności. Badania wykazały, że największy wpływ na poziom męskiej płodności mieszańców wywarł genotyp linii męskosterylnych. Stwierdzono także istotny wpływ genotypu restorera oraz niewielki wpływ interakcji linii P z restorerem. Wykazano duże zróżnicowanie linii męskosterylnych pod względem ich wpływu na poziom płodności mieszańców. Indeks przywrócenia męskiej płodności mieszańców testowych pochodzących z krzyżowania 57 linii P z restorerem 18R mieścił się w granicach od 7,4 do 85,9%. Omówiono sposób wykorzystania linii męskosterylnych zróżnicowanych pod względem zdolności do przywrócenia płodności w programie hodowli odmian mieszańcowych żyta.

Słowa kluczowe: męska sterylność, przywracanie męskiej płodności, mieszańce żyta, *Secale cereale* L.

The objective of this study was to estimate of differentiation of male sterile lines of rye with the Pampa cytoplasm in their ability to be restored. In 2009 crosses were made between twelve male sterile lines (P lines) and four restorers and between 57 P lines and the restorer 18R in spatially isolated fields. The 105 hybrids were tested for male fertility restoration in plastic tunnels. The level of male fertility was assessed by anther dehiscence visual scores of single plants with a 1–9 scale. The restoration indices (RI) were calculated according to the formulae: $RI = \% \text{ male fertile plants} + 1/2\% \text{ partially male fertile plants}$. The analysis of variance showed that restoration of male fertility in single hybrids was significantly affected by both genotypes of P lines and R lines as well as the P×R interaction. The male sterile lines were a major source of total variation for male fertility of hybrids. A large variation of male fertility was found among hybrids derived by crossing 57 male sterile lines to the restorer 18R. Restoration index (RI) ranged from 7.4% to 85.9%. Male sterile lines differed greatly in their ability to be restored. Frequency of lines that are easy to restore and lines that are hard to restore was 15.8% and

17.5%, respectively. Utilization of both groups of P lines in breeding program of rye hybrids was discussed.

Key words: male sterility, restoration of male fertility, rye hybrids, *Secale cereale* L.

WSTĘP

W komercyjnych programach hodowli i produkcji nasion mieszańcowych powszechnie jest wykorzystywane źródło sterylizującej cytoplazmy Pampa (Geiger i Schnell, 1970). Męska sterylność tego typu jest łatwa do zachowania, ponieważ genotypy dopełniające (non-restorery) występują we wszystkich populacjach żyta oraz stabilna w szerokim zakresie warunków uprawy w Europie (Geiger i in., 1995). Znaczne problemy stwarza natomiast pełne przywrócenie męskiej płodności odmianie mieszańcowej otrzymanej z udziałem cytoplazmy Pampa (CMS-P), co jest głównie spowodowane niską frekwencją występowania genotypów przywracających płodność, zwanych restorerami w europejskich populacjach żyta (Geiger i Morgenstern, 1975; Geiger i in., 1995). Dodatkowym utrudnieniem jest złożone uwarunkowanie genetyczne tej cechy zakładające działanie dwóch (Madej, 1976), trzech (Scoles i Evans, 1979), a nawet czterech (Ruebenbauer i in., 1984) par genów. Geny przywracające płodność w systemie CMS-P dotychczas zlokalizowano na pięciu chromosomach żyta, z których największe znaczenie miały *loci* z chromosomów 1RS i 4 RL (Miedaner i in., 2000). Niepełna płodność mieszańców prowadzi do obniżonej produkcji pyłku wynoszącej od 45 do 72% w porównaniu z odmianą populacyjną o normalnej cytoplazmie (Geiger i in., 1995). W warunkach zimnej i deszczowej pogody w okresie kwitnienia częściowe przywrócenie płodności powoduje znaczne obniżenie ilości żywotnych ziaren pyłku wyrzucanych z pylników. Wprawdzie może nie mieć to wpływu na zawiązywanie ziaren oraz wielkość i stabilność plonu, ponieważ żyto jest efektywnym wiatropylnym zapylaczem, ale może sprzyjać zakażeniu zarodnikami sporyszu (*Claviceps purpurea* (Fr.) Tul.), prowadząc do zanieczyszczenia ziarna żyta przetrwalnikami zawierającymi toksyczne alkaloidy (Geiger i Bausback, 1979). W niektórych latach zachodzi potrzeba czyszczenia ziarna ze względu na rygorystyczne normy zawartości przetrwalników sporyszu w handlowych partiach ziarna konsumpcyjnego i paszowego wynoszące odpowiednio <0,05% i <0,1%. Obecnie uprawiane odmiany mieszańcowe charakteryzują się częściową męską płodnością (Geiger i in., 1995; Stracke i in., 2003). Niektórzy hodowcy próbują zrekompensować mniejsze pylenie odmian mieszańcowych 10% domieszką ziarna odmiany populacyjnej do ziarna mieszańca handlowego (Miedaner i in., 2005).

Dotychczasowe badania wykazały, że poziom płodności mieszańców F₁ żyta tworzonych z wykorzystaniem CMS-Pampa zależy od zdolności przywracania płodności komponenta ojcowskiego, genotypu męskosterylnego komponenta matcznego, interakcji komponentów ojcowskiego z matcznym, a także od warunków środowiska (Kolasińska, 2003, 2009; Madej i in., 1995). Stwierdzono bardzo duży wpływ genotypu komponentów matcznych na poziom płodności mieszańców oraz istotną rolę interakcji komponentów matcznych z ojcowskimi. Głównym problemem w hodowli mieszańcowej żyta jest zwiększenie męskiej płodności mieszańców poprzez wyhodowanie nowych, bardziej

efektywnych restorerów. Wydaje się, że znaczne zwiększenie poziomu męskiej płodności mieszańców można także uzyskać poprzez dobór odpowiednich komponentów matecznych.

Celem badań było poznanie zróżnicowania nowo wyprowadzonych linii męskosterylnych pod względem wpływu na poziom przywrócenia płodności ich mieszańców z restorerami oraz określenie sposobu ich wykorzystania w hodowli odmian mieszańcowych żyta.

MATERIAŁ I METODY

Badania przeprowadzono w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Państwowym Instytucie Badawczym w latach 2009 i 2010 wykorzystując materiały hodowlane żyta Hodowli Roślin Smolice Sp. z o.o. Materiał badawczy stanowiły linie męskosterylne (linie P) oraz populacje syntetyczne przywracające płodność (restorery) pochodzące z polskich populacji hodowlanych żyta. W 2009 roku wytworzono 48 mieszańców w wyniku krzyżowania 12 linii męskosterylnych (ponad BC₆) z 4 restorerami oraz 57 mieszańców poprzez krzyżowanie 57 linii męskosterylnych (linie P) z restorerem 18R. Krzyżowania wykonano na polach przestrzennie izolowanych (topcross R).

W 2010 roku określono poziom przywrócenia męskiej płodności 105 mieszańców (P×R) w doświadczeniach założonych metodą całkowicie losową w 3 powtórzeniach. W pełni kwitnienia oceniono męską płodność 20–40 roślin każdego mieszańca. Męską płodność pojedynczych roślin określono poprzez wizualną bonitację pylników w skali 1–9 (Morgenstern, 1983), przy czym 1 oznacza pylniki silnie zdegenerowane, puste i niepękające, a 9 to pylniki normalnej wielkości, pękające i obficie pyłące. Następnie obliczono liczbę i procentowy udział roślin w trzech klasach płodności:

- rośliny męskosterylne [ms] o różnym stopniu degeneracji pylników [1–3],
- rośliny częściowo płodne [pmf], mające niewielką ilość pyłku w kilku/wielu pylnikach [4–6],
- rośliny płodne [mf] o pylnikach od lekko zdegenerowanych do normalnych [7–9]

Indeks przywrócenia męskiej płodności (IR, %) wyznaczono według wzoru (Geiger i Morgenstern, 1975):

$$IR, \% = \% \text{ roślin mf} + 1/2 \% \text{ roślin pmf}.$$

Wykonano obliczenia statystyczne obejmujące: analizę wariancji męskiej płodności mieszańców, oszacowanie oczekiwanych średnich kwadratów odchyleń, wyznaczenie komponentów wariancyjnych dla poszczególnych źródeł zmienności i określenie ich procentowego udziału w zmienności całkowitej (Ubysz-Borucka i in., 1985).

WYNIKI

Analiza wariancji męskiej płodności mieszańców wykazała istotną zmienność ($\alpha < 0,01$) linii męskosterylnych (linie P), restorerów (R) oraz interakcji linii P z restorerami (tab. 1).

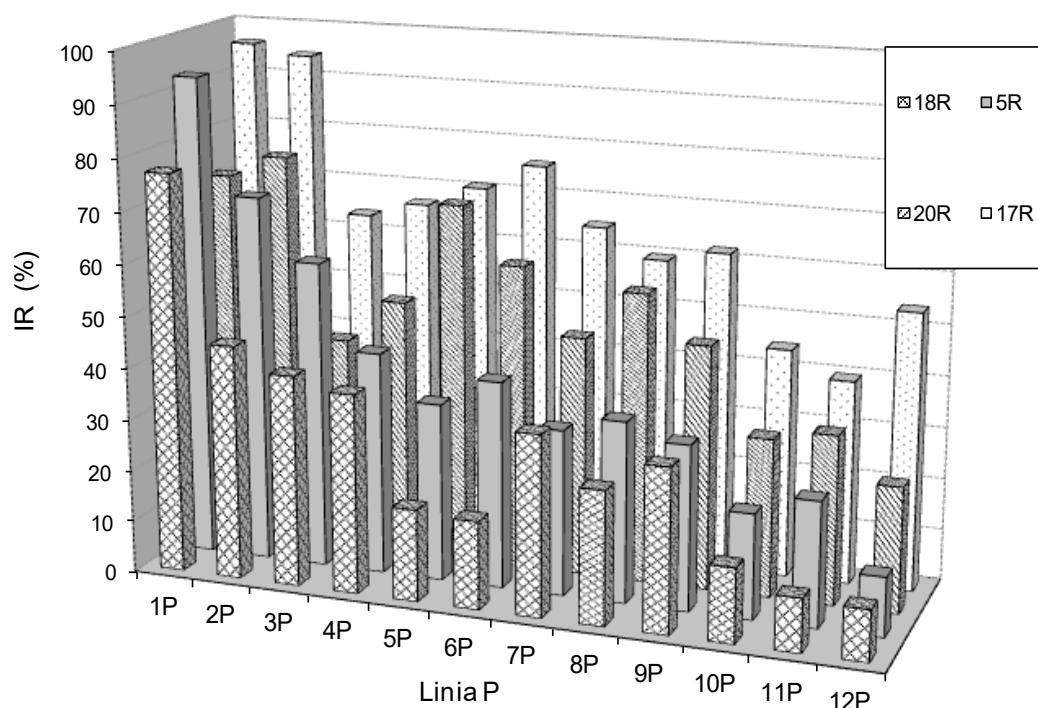
Tabela 1

Udział (%) komponentów wariancyjnych w ogólnej zmienności męskiej płodności mieszańców żyta
Proportion (%) of variance components in total variation for pollen shedding of rye hybrids

Źródło zmienności Source of variation	St. sw. Df	Średni kwadrat ¹⁾ Mean square	Wartości oczekiwane średnich kwadratów Expected values of mean squares	Udział komponentów wariancyjnych w ogólnej zmienności (%) Proportion of variance components in total variation (%)
Linia męskosterylna (P) Male sterile line (P)	11	12,1335**	0,973	57,5
Restorer (R) Restorer (R)	3	18,4746**	0,500	29,6
Współdziałanie P×R P×R interaction	33	0,4611**	0,121	7,2
Błąd Error	96	0,098	0,098	5,8

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

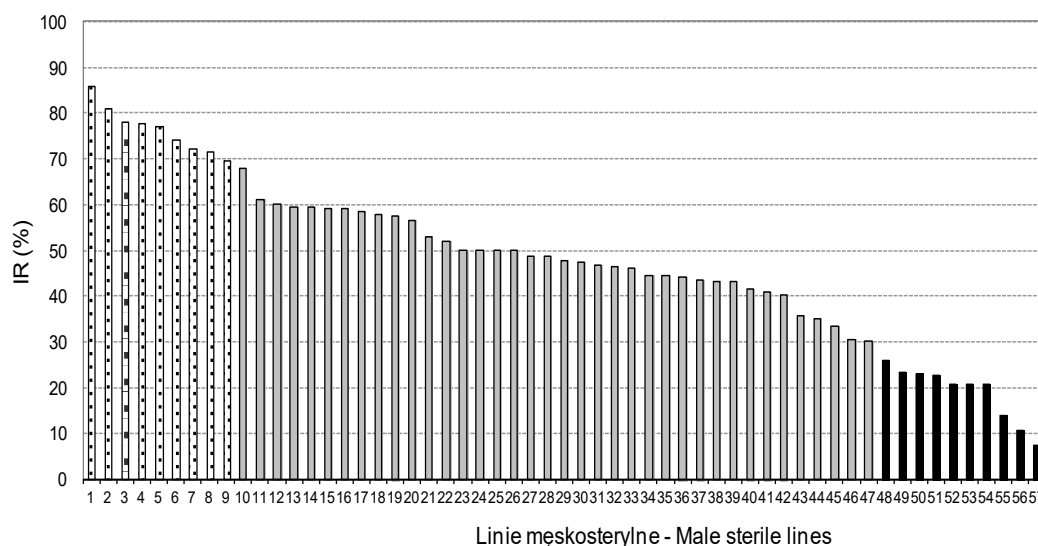
¹⁾ Dwuczynnikowa analiza wariancji według modelu losowego doświadczenia założonego metodą losową; Two-factorial analysis of variance



Rys. 1. Męska płodność mieszańców pochodzących z krzyżowania 12 linii męskosterylnych z 4 restorerami

Fig. 1. Male fertility of single hybrids obtained from crosses between twelve male sterile lines and four restorers

Zmienność płodności mieszańców głównie wynikała z różnic genetycznych występujących pomiędzy liniami męskosterylnymi (57,5%). Znacznie mniejszy udział stanowiła zmienność wynikająca z różnic genetycznych pomiędzy restorerami (29,6%). Interakcja linii P z restorerami wywarła niewielki wpływ na poziom płodności mieszańców (7,2%). Mieszańce uzyskane w wyniku krzyżowania 12 linii męskosterylnych z 4 restorerami, pochodzącymi z programu hodowlanego, były bardzo zróżnicowane pod względem męskiej płodności. Indeks przywrócenia męskiej płodności mieścił się w szerokim zakresie od 9,8% do 96,1% (rys. 1). Stwierdzono wyraźny wpływ linii P na poziom płodności ich mieszańców z tym samym restorerem. I tak indeks przywrócenia męskiej płodności mieszańców uzyskanych z udziałem restorera 5R w zależności od użytej linii męskosterylnej wynosił od 11,5% (12P) do 93,2% (1P). Mniejsze zróżnicowanie męskiej płodności obserwowano wśród mieszańców restorera 17R. Indeks przywrócenia męskiej płodności jego mieszańców w zależności od linii męskosterylnej wynosił od 39,6% do 96,1%. Duży wpływ genotypu komponentów matecznych na płodność mieszańców także wykazała ocena potomstwa 57 linii P z restorerem 18R. Mieszańce charakteryzowały się bardzo zróżnicowaną męską płodnością, a ich indeks przywrócenia męskiej płodności mieścił się w szerokich granicach od 7,4% do 85,9% (rys. 2).



Rys. 2. Męska płodność mieszańców testowych pochodzących z krzyżowania 57 linii męskosterylnych z restorerem 18R

Fig. 2. Male fertility of test hybrids obtained from crosses between 57 male sterile lines and the restorer 18R

Wyniki tego doświadczenia pozwoliły na klasyfikację 57 linii męskosterylnych pod względem wpływu na poziom przywrócenia płodności mieszańców. Największą męską płodnością (IR>70%) wyróżniły się potomstwa 9 linii P z restorerem 18R i linie te uznano

za łatwe do przywrócenia płodności. Najmniejszą płodność ($IR < 30\%$) stwierdzono u mieszańców uzyskanych z krzyżowania 10 linii P z restorerem 18R, a te linie mateczne określono jako trudne do przywrócenia płodności. Mieszańce większości linii P (66,7%) z restorerem 18R miały indeks przywrócenia męskiej płodności w przedziale od 30 do 70%. W ocenianej grupie linii męskosterylnych frekwencja linii P określonych jako łatwe, pośrednie i trudne do przywrócenia płodności wynosiła odpowiednio 15,8%, 66,7% i 17,5%.

DYSKUSJA

Mieszańce F_1 utworzone z udziałem dotychczas wyselekcjonowanych restorerów charakteryzowały się bardzo zróżnicowaną męską płodnością w zależności od użytego komponenta matecznego. Jako przykład można podać restorer 5R, który tylko w niewielkim stopniu przywrócił płodność potomstwa z linią męskosterylną 12P ($IR = 11,5\%$). Jednak restorer ten zapewnił prawie całkowitą płodność potomstwu z linią męskosterylną 1P ($IR = 93,2\%$). Poziom męskiej płodności mieszańców zależał od zdolności przywracania płodności komponenta ojcowskiego, genotypu męskosterylnych linii matecznych oraz interakcji komponentów ojcowskich z matecznymi. Genotyp linii męskosterylnych stanowił główne źródło zmienności płodności ich mieszańców z restorerami wyprowadzonymi z hodowlanych populacji żyta. Znaczący wpływ komponentów matecznych oraz ich interakcji z komponentami ojcowskimi na ekspresję przywrócenia płodności mieszańców z cytoplazmą Pampa stwierdzono także we wcześniejszych badaniach (Geiger i Miedaner, 1996; Kolasińska, 2001; Kolasińska, 2009). Z podobnym problemem spotkali się także hodowcy mieszańców innych roślin uprawnych, np. kukurydzy (Chen, 1981), pszenicy (Wilson, 1968; Kolasińska, 1975; Sage, 1976) i pszenżyta (Góral i in., 2007; Łapiński i Matusiak, 2011). Wydaje się, że znaczny wpływ genotypu linii męskosterylnych na stopień płodności mieszańców jest wynikiem złożonego systemu genetycznego CMS-Pampa. Fenotypowa ekspresja przywrócenia męskiej płodności mieszańca najczęściej jest wynikiem kumulatywnego działania zarówno genów głównych, jak również genów o mniejszym znaczeniu i genów modyfikatorów, pochodzących od restorera i formy matecznej (Miedaner i in., 2000; 2005). Niektóre linie męskosterylne mogą zawierać geny o niewielkim efekcie fenotypowym, które nie ujawniają się w ich genotypie, ale w obecności głównych genów *Rf*, pochodzących od komponenta ojcowskiego, wpływają na zwiększenie płodności mieszańców. Powstaje obawa, że takie linie P z genami modyfikatorami mogą wykazywać mniej stabilną męską sterylność w różnych warunkach środowiskach. Z badań własnych wynika, że większość linii P, określanych jako łatwe do przywrócenia płodności, zachowywało pełną sterylność zarówno w warunkach szklarniowych, jak i w warunkach polowych Radzikowa w latach 1995–2005 (Kolasińska, 2009). Całkowite wyjaśnienie tego problemu wymaga dodatkowych badań genetycznych prowadzonych na dużej liczbie obiektów w bardziej zróżnicowanych warunkach środowiska. Geny modyfikujące ekspresję genów głównych przywracania płodności wykryto także u linii męskosterylnych pszenicy z cytoplazmą *Triticum timopheevi* (Maan i in., 1984; Ma i Sorrells, 1995). Chen (1981) uważa, że męską

niepłodność typu T u kukurydzy w zależności od łatwości restoracji płodności można podzielić na trzy podtypy, z których każdy jest uwarunkowany inną liczbą genów *Rf*.

Poznanie zróżnicowania posiadanych linii P pod względem ich wpływu na poziom przywrócenia męskiej płodności mieszańców umożliwia właściwe ich wykorzystanie w programie hodowlanym. Linie uznane za łatwe do przywrócenia płodności stanowiły 14% ogółu testowanych linii P. Linie te z powodzeniem można wykorzystać do tworzenia komponentów matecznych mieszańców eksperymentalnych. Takie linie P są szczególnie cenne w przypadku, gdy hodowca dysponuje komponentami ojcowskimi częściowo przywracającymi męską płodność. Dobór komponentów matecznych, uznanych za łatwe do przywrócenia płodności, pozwoli uzyskać mieszańce o zadowalającej, a nawet pełnej płodności. I odwrotnie, użycie komponentów matecznych trudnych do przywrócenia płodności wiąże się z niebezpieczeństwem niewystarczającej płodności mieszańców, zmniejszonym zawiązywaniem ziarniaków, a nawet zwiększonym porażeniem sporyszem. Natomiast linie trudne do przywrócenia płodności, które stanowiły 17,5% testowanych linii P, mogą być wykorzystane bezpośrednio jako testery lub posłużyć do utworzenia męskosterylnych mieszańców pojedynczych, będących testerami w programie hodowli restorerów. Wyniki tych badań posłużyły do utworzenia takich męskosterylnych mieszańców z linii trudnych do przywrócenia płodności (CMS-Tt), które zostały wykorzystywane do testowania zdolności przywracania płodności nowo wyprowadzanych linii restorerów.

Ulepszenie zdolności przywracania płodności u genotypów wyprowadzonych z europejskich populacji żyta utrudnia jego oligogeniczne dziedziczenie (Miedaner i in., 2000) i związany z tym duży wpływ genotypu matecznego i warunków środowiska na fenotypową ekspresję sterylności/płodności roślin (Geiger i in., 1995; Geiger i Miedaner, 1996). Bardzo ważnym zadaniem w programie hodowli mieszańców jest wyprowadzenie restorerów całkowicie przywracających płodność mieszańcom tworzoną z wszystkimi lub z większością komponentów matecznych. Zwiększenie skuteczności programu hodowli takich restorerów można osiągnąć poprzez zastosowanie męskosterylnego testera trudnego do przywrócenia płodności oraz prowadzenie oceny płodności mieszańców testowych w warunkach środowiska sprzyjających sterylności.

WNIOSKI

1. Mieszańce testowe żyta uzyskane poprzez krzyżowanie linii męskosterylnych z restorerami bardzo różniły się poziomem męskiej płodności.
2. Stwierdzono duży wpływ genotypu linii męskosterylnych z cytoplazmą Pampa na poziom płodności ich mieszańców z restorerami wyprowadzonymi z hodowlanych populacji żyta.
3. Znajomość zróżnicowania linii męskosterylnych pod względem wpływu na męską płodność mieszańców stwarza możliwość odpowiedniego ich wykorzystania w programie hodowli mieszańców żyta, do identyfikacji efektywnych restorerów lub tworzenia płodnych mieszańców eksperymentalnych.

LITERATURA

- Chen L. W. 1981. Inheritance of male sterility in maize. *Hereditas* 3, 3: 32 — 35.
- Geiger H. H., Miedaner T. 1996. Genetic basis and phenotypic stability of male-fertility restoration in rye. *Vortr. Pflanzenzüchtg.* 35: 27 — 38.
- Geiger H. H., Bausback G. A. 1979. Untersuchungen über die Eignungspollensterilen Roggens zur parasitischen Mutterkornherzeugung. *Z. Pflanzenzüchtg.* 83, 2: 163 — 175.
- Geiger H. H., Morgenstern K. 1975. Angewandt-genetische Studien zur Cytoplasmatischen Pollensterilität bei Winterroggen. *Theor. Appl. Genet.* 46: 269 — 276.
- Geiger H. H., Schnell F. W. 1970. Cytoplasmic male sterility in rye (*Secale cereale* L.). *Crop Sci.* 10: 590 — 593.
- Geiger H. H., Yuan Y., Miedaner T., Wilde P. 1995. Environmental sensitivity of cytoplasmic-genic male sterility (CMS) in *Secale cereale* L. In: Genetic Mechanisms for Hybrid Breeding. Kück U. and G. Wricke (eds). *Adv. Plant Breed.* 18: 7 — 17, Paul Parey Sci. Publ., Berlin, Hamburg.
- Góral H., Pojmaj M. S., Pojmaj R. 2007. Frekwencja genotypów dopełniających i restorujących dla systemu cms *T. timopheevi* u pszenżyta ozimego. *Biul. IHAR* 244: 155-160.
- Kolasińska I. 1975. Badania nad przywracaniem płodności pyłku liniom męskosterylnym pszenicy *Triticum aestivum* L. z cytoplazmą *T. timopheevi*. *Hod. Rośl. Aklim.* 19, 3: 223 — 244.
- Kolasińska I. 2001. Przywracanie płodności pyłku u mieszańców żyta CMS-Pampa × restorer. *Biul. IHAR* 218/219: 341 — 350.
- Kolasińska I. 2003. Male fertility restoration of rye crosses in the Pampa cytoplasm. *Plant Breed. Seed Sci.* 47, 1/2: 33 — 37.
- Kolasińska I. 2009. Genetyczno-hodowlane aspekty wykorzystania systemu CMS-Pampa w hodowli heterozyjnej żyta. Monografie i Rozprawy Naukowe nr 31, IHAR Radzików.
- Łapiński B., Matusiak J. 2011. Ocena nowych materiałów do hodowli heterozyjnej heksaploidalnego pszenżyta ozimego z żytnią cytoplazmą typu Pampa. *Biul. IHAR* 260/261: 173 — 182.
- Madej L. 1976. Charakterystyka genetyczna trzech źródeł męskiej jałowości żyta (*Secale cereale* L.). *Hod. Rośl. Aklim. Nasien.* 20: 157 — 174.
- Madej L., Osiński R., Jagodziński J. 1995. Ocena płodności mieszańców żyta. *Biul. IHAR* 195/196: 283 — 290.
- Ma Z. Q., Sorrells M. E. 1995. Genetic analysis of fertility restoration in wheat using restriction fragment length polymorphisms. *Crop Sci.* 35, 4: 1137 — 1143.
- Maan S. S., Lucken K. A., Bravo J. M. 1984. Genetic analysis of male-fertility restoration in wheat. I. Chromosomal localization of *Rf* genes. *Crop Sci.* 24: 17 — 20.
- Miedaner T., Glass C., Dreyer F., Wilde P., Wortmann H., Geiger H. H. 2000. Mapping of genes for male-fertility restoration in ‘Pampa’ CMS winter rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* 101: 1226 — 1233.
- Miedaner T., Wilde P., Wortmann H. 2005. Combining ability of non-adapted sources for male-fertility restoration in Pampa CMS of hybrid rye. *Plant Breed.* 124: 39 — 43.
- Morgenstern K. 1983. Ausprägung der cytoplasmatisch-genischen Pollensterilität (CMS) bei Roggen in Abhängigkeit von Plasmotyp und Genotyp. Dissertation, Univ. Hohenheim, Stuttgart.
- Ruebenbauer T., Kubara-Szpunar Ł., Pająk K. 1984. Testing of a hypothesis concerning interaction of genes with mutated cytoplasm controlling male sterility of the „Pampa” type in rye (*Secale cereale* L.). *Genet. Pol.* 25, 1: 1 — 16.
- Sage G. C. M. 1976. Nucleo-cytoplasmic relationships in wheat. *Adv. Agron.* 28: 267 — 300.
- Scoles G. J., Evans L. E. 1979. The genetics of fertility restoration in cytoplasmic male sterile rye. *Can. J. Gen. Cytol.* 21, 3: 417 — 422.
- Stracke S., Schilling A. G., Forster J., Weiss C., Glass C., Miedaner T., Geiger H. H. 2003. Development of PCR-based markers linked to dominant genes for male-fertility restoration in Pampa CMS of rye (*Secale cereale* L.). *Theor. Appl. Genet.* 106, 7: 1184 — 1190.
- Ubysz-Borucka L., Mądry W., Muszyński S. 1985. Podstawy statystyczne genetyki cech ilościowych w hodowli roślin. Wydawn. SGGW-AR, Warszawa.
- Wilson J. A. 1968. Problems in hybrid wheat breeding. *Euphytica* 1: 13 — 33.

HELENA KUBICKA¹**DARIUSZ GOZDOWSKI²****JERZY PUCHALSKI¹****WIESŁAW ŁUCZAK¹**¹ Polska Akademia Nauk Ogród Botaniczny — Centrum Zachowania Różnorodności Biologicznej w Powsinie² Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego

Wielocechowa ocena zróżnicowania form lokalnych żyta o różnym pochodzeniu geograficznym pod względem cech morfologicznych i użytkowych

Multivariate evaluation of variability of local rye accessions from different geographical regions based on morphological and agricultural traits

W latach 2007–2009 oceniano 250 form lokalnych żyta ozimego (*Secale cereale* L), pochodzących z Portugalii, Brazylii, Macedonii i Serbii pod względem 16 cech morfologicznych i użytkowych w porównaniu do odmiany Dańkowskie Złote. Największe zróżnicowanie form lokalnych dotyczyło następujących cech: długość źdźbła i kłosa, masy 1000 ziaren i liczby ziaren z kłosa. Na podstawie analizy składowych głównych stwierdzono najwyższe współczynniki korelacji dla długości źdźbła i kłosa z pierwszą składową (PC1), zatem można stwierdzić, że te cechy w największym stopniu dyskryminowały badaną grupę form lokalnych. Na podstawie analizy skupień metodą Warda wydzielono 5 grup genotypów form lokalnych żyta podobnych wielocechowo. Najliczniej reprezentowana grupa (104 genotypy) składała się głównie z form lokalnych pochodzących z Portugalii (85 form), oraz polskiej odmiany Dańkowskie Złote. Grupa ta charakteryzowała się na tle innych grup przeciętną długością źdźbła i kłosa, względnie niewielką długością liścia podflagowego i dość dużą masą tysiąca ziaren. Najmniejsza grupa liczyła 3 genotypy, do której zaliczono tylko trzy formy lokalne, po jednej z Macedonii, Portugalii i Serbii. Grupa ta charakteryzowała się najmniejszą długością źdźbła, dość długimi kłosami oraz najdłuższymi liśćmi podflagowymi oraz największą masą tysiąca ziaren.

Słowa kluczowe: analizy statystyczne, cechy, formy lokalne, zmienność, żyto

In 2007–2009, 250 local forms of winter rye (*Secale cereale* L) were evaluated. These forms came from Portugal, Brazil, Macedonia and Serbia. In the study, 16 morphological and agricultural traits were evaluated and compared with those of the Dankowskie Złote cultivar control. The highest differentiation among the local forms concerned the following traits: stem length and head length, mass of 1000 grains and number of grains per head. On the basis of the results of the principle component analysis, the highest correlations were observed between the lengths of stem and head and the first

principal component (PC1); it means that these traits most strongly discriminated the investigated group of local forms. On the basis of Ward's cluster analysis 5 groups of local genotypes, according to five traits, were distinguished. The largest group (104 genotypes) consisted mostly of local forms of Portuguese origin (85 forms), as well as Polish genotype Dankowskie Złote. That group was characterized by a moderate lengths of stem and head, relatively small length of sub-flag leaf and large mass of 1000 grains. The smallest group consisted of 3 genotypes, one per Macedonia, Portugal and Serbia. This group was characterized by the smallest length of stem, quite large head and the longest sub-flag leaf as well as the highest mass of thousand grains.

Key words: local genotypes, multivariate analysis, rye, , traits, variability

WSTĘP

Jedną z ważniejszych roślin zbożowych uprawianych w Polsce jest żyto (*Secale cereale* L.). Zaletami tego gatunku są niskie wymagania glebowe, znaczna odporność na choroby i szkodniki oraz wysoka zimotrwałość. Uprawiane jest głównie w Europie Środkowej, Północnej i Wschodniej. Pomimo zmniejszającej się powierzchni uprawy znaczenie tego gatunku jest nadal bardzo duże. Spowodowane jest to prozdrowotnymi walorami ziarna żyta. Chleb wypiekany z mąki żytniej zawiera wiele cennych witamin z grupy B. Według Mazura i Adlercreutza (2000) w Finlandii dzięki spożywaniu chleba razowego, który zawiera oprócz witamin i błonnika, także lignany (związki należące do antyoksydantów roślinnych), obniżyła się zachorowalność na nowotwory przewodu pokarmowego i jelita grubego.

Hodowla nowych odmian żyta o zmienionym składzie jakościowym ziarna i wysokiej produktywności, jest możliwa, dzięki wprowadzaniu do uprawy odmian mieszańcowych żyta. Przy ich tworzeniu wykorzystywane są cechy, które występują u form lokalnych, czy gatunków dzikich np., odporność na choroby czy cytoplazmatyczna męska sterylność (Geiger i Miedaner, 1996). O znaczeniu form lokalnych w skracaniu cyklu hodowlanego u innych gatunków roślin zbożowych, donoszą Perez de la Vega i in. (1991) u owsa oraz Guzman i in. (2009) u pszenicy. Również w hodowli odmian mieszańcowych żyta, formy lokalne odgrywają dużą rolę, zwłaszcza, jako źródło odporności na choroby i niekorzystne warunki środowiskowe (Geiger i Miedaner, 2009). Zanim formy lokalne zostaną wykorzystane w hodowli jako źródło cennych genów, należy poznać ich zróżnicowanie genetyczne (Ram i in., 2007). Im większa zmienność genetyczna form lokalnych, tym większa ich przydatność w hodowli odmian.

W związku z tym, że w Ogrodzie Botanicznym — CZRB PAN zgromadzono bogatą kolekcję form lokalnych (ponad 1200 obiektów), celem pracy było określenie stopnia zmienności fenotypowej u 250 form lokalnych żyta pod względem 16 wybranych cech morfologicznych i użytkowych w porównaniu do wzorca — odmiany Dańkowskie Złote oraz ocena zróżnicowania genetycznego tych form metodami statystycznymi w zależności od pochodzenia geograficznego.

MATERIAŁY I METODY

W latach 2007–2009 obserwowano 250 form lokalnych żyta (*S. cereale* L.) z kolekcji zgromadzonej w Ogrodzie Botanicznym w Warszawie w porównaniu z odmianą wzorcową Dańkowskie Złote. Wybrane formy lokalne pochodziły z Portugalii (130 obiektów), Macedonii (50), Serbii (39) i Brazylii (31).

Na nieizolowanych poletkach o powierzchni 1,5 m² wysiewano ręcznie po ok. 350 nasion w rozstawie 2,5 × 15 cm, a na co dziesiąte poletko wysiano jako wzorzec odmianę Dańkowskie Złote. Wykonano łącznie obserwacje i pomiary 16 cech morfologicznych i użytkowych: wschody roślin (skala 1–9), przezimowanie roślin (skala 1–9), długość okresu wegetacji (liczba dni od siewu do dojrzałości woskowej), długość okresu nalewania ziarniaków (liczba dni od kwitnienia do dojrzałości woskowej), a na 30 losowo wybranych roślinach z każdego poletka w fazie dojrzałości woskowej określano wysokość roślin (cm), długość kłosa (cm), długość liścia podflagowego (cm), oraz liczbę ziarniaków w kłosie;. W trakcie okresu wegetacji oceniano w skali 1–9 stopień porażenia roślin wybranymi patogenami: pleśnią śniegową (*Fusarium nivale* f. sp. graminicola (Fr.) Snyder, et. Hans.), rynchosporiozą (*Rhynchosporium secalis*), rdzą żdźbłową (*Puccinia graminis* Pers.), rdzą brunatną (*Puccinia dispersa* Ericsson), mączniakiem prawdziwym (*Erysiphe graminis* DC) oraz określano stopień porażenia kłosów sporzyszem (*Claviceps purpurea* Tul.) (szt/m²). Po ręcznym zbiorze kłosów z poletek wymłócono je mechanicznie i oznaczano masę 1000 ziaren (g) oraz zdolność kiełkowania (%). Obliczono średnie wartości tych cech z trzech lat badań dla genotypów form lokalnych pochodzących z różnych krajów i porównano do wzorca odmiany Dańkowskie Złote.

Do analiz statystycznych wybrano 5 cech, tj.: długość żdźbła, długość kłosa, długość liścia podflagowego, liczbę ziarniaków w kłosie i masę 1000 ziaren. Wartości średnie badanych cech zostały porównane za pomocą dwuczynnikowej analizy wariancji (czynniki: obiekt i rok) i procedury Tukeya porównań wielokrotnych przy poziomie $\alpha = 0,05$. Ponadto, wykonano ocenę wielocechowego zróżnicowania badanych form i oceniono współzależności między badanymi cechami. W tym celu wykonano analizę skupień metodą Warda oraz analizę składowych głównych, w której oceniano zróżnicowanie obiektów. Określono również współzależności między badanymi cechami z użyciem analizy korelacji (Quinn i Keough, 2002; Rencher, 2002). Analizy statystyczne wykonano w programie Statistica 7.1 (StatSoft, 2005).

WYNIKI I DYSKUSJA

W pracy badano zmienność cech użytkowych i morfologicznych u 250 form lokalnych pochodzących z różnych krajów w czasie 3-letnich polowych doświadczeń. Na podstawie analizy wariancji i porównań wielokrotnych oceniano wartości średnie cech uwzględnianych w analizie (tab. 1). Najniższą wysokością roślin charakteryzowała się odmiana Dańkowskie Złote i różniła się statystycznie istotnie w porównaniu z średnią wysokością roślin dla obiektów pochodzących z pozostałych krajów. Najwyższe średnie wartości wysokości roślin stwierdzono natomiast dla form pochodzących z Macedonii i

Serbii. Największą średnią długość liścia podflagowego zanotowano u form pochodzących z Macedonii, zaś obiekty pochodzące z pozostałych krajów nie różniły się pod względem tej cechy.

Tabela 1

Wartości średnie i zakres zmienności badanych cech dla poszczególnych krajów pochodzenia
Mean values and range of investigated traits in rye for the following countries of origin

Pochodzenie Origin	Wysokość roślin Height of plant (cm)	Długość liścia podflagowego Length of subflag leaf (cm)	Długość kłosa Length of spike (cm)	Liczba ziarniaków w kłosie (szt.) Number of kernels per spike	MTZ (g) Weight of 1000 seeds (g)
Brazylia (BRA)	176,3c* (163–209)	19,1a (15–25)	8,97b (6,8–11)	40,5b (22–60)	29,5a (22–41)
Macedonia (MKD)	179,6d (146–201)	19,5b (15–25)	9,11b (7,2–11,5)	33,8a (20–58)	29,3a (20,9–53,6)
Portugalia (PRT)	170,7b (134–201)	19,1a (15–25)	8,76a (7–12)	35,9a (13–57)	32,8b (23–49)
Serbia (SRB)	179,1d (142–208)	19,0a (14–27)	8,99b (7–12)	34,8a (6–53)	29,6a (21–56)
Polska (PL) (Dańkowskie Złote)	150,6a (132–158)	18,3a (16–24)	8,17a (7–10)	46,0b (35–53)	39,7c (35–50)

* Te same litery przy wartościach średnich oznaczają grupy jednorodne, czyli nie różniące się statystycznie

* The same letters next to mean values denote homogenous groups, it means statistically insignificant difference

W przypadku średniej długości kłosa wydzielono dwie grupy jednorodne tj. obiekty pochodzące z Portugalii i polska odmiana Dańkowskie Złote o krótszych kłosach, natomiast obiekty pochodzące z pozostałych 3 krajów charakteryzowały się statystycznie istotnie dłuższymi kłosami. Największą średnią liczbą ziarniaków w kłosie charakteryzowała się odmiana Dańkowskie Złote, przy czym nie stwierdzono statystycznie istotnej różnicy z obiektami pochodzącymi z Brazylii, średnie dla pozostałych 3 krajów pochodzenia były istotnie niższe. Masa tysiąca ziaren była największa dla odmiany Dańkowskie Złote i różniła się istotnie z pozostałymi obiektami. Potwierdzają to wcześniejsze wyniki uzyskane przez Kubicką i in. (2006), że cechami w największym stopniu różnicującymi linie wsobne, odmiany i formy lokalne żyta pochodzenia tureckiego są: wysokość roślin, długość kłosa, liczba ziaren w kłosie i masa 1000 ziaren. Podobnie Persson i in. (2006) porównując zmienność pomiędzy formami lokalnymi z krajów skandynawskich a odmianami uprawnymi żyta stwierdzili, że największe różnice dotyczyły wysokości roślin i masy 1000 ziaren.

W tabeli 2 przedstawiono zakres zmienności i średnie wartości pozostałych badanych cech: wschody, przezimowanie oraz odporności na choroby takie jak: pleśń śniegowa, rynchosporioza, rdza żdźbłowa i brunatna, mączniak prawdziwy i sporysz. Różnice w wartościach średnich odchylen obserwowano pomiędzy obiektami w zależności od pochodzenia. W przypadku wymienionych cech najwyższe średnie odchylenia zanotowano dla form lokalnych pochodzących z Serbii i Macedonii. Analizowane formy lokalne żyta niezależnie od roku uprawy miały nieco krótszy okres wegetacji oraz okres nalewania ziarniaków w stosunku do kontroli. Najwcześniej dojrzewały formy portugalskie (o 6 dni

wcześniej od wzorca), one też miały najkrótszy okres nalewania ziarniaków (średnio o 4 dni).

Tabela 2

Średnie wartości pozostałych badanych cech i zakres zmienności u żyta
Mean values of investigated traits and variability range in rye

Cecha Trait	PRT	BRA	SRB	MKD	DZ (wzorzec; control)
Wschody Emergence	8,7b*	8,4a	8,5ab	8,5ab	9,0c
Przezimowanie Winterhardiness	5–9	6–9	6–9	5–9	–
	8,7b	8,4a	8,5ab	8,5ab	9,0c
	8–9	7–9	9	7–9	8–9
Długość okresu wegetacji Period of vegetation	279a	282c	283c	282b	285d
	273–285	277–285	279–287	278–286	281–295
Długość okresu nalewania ziarniaków Period of seed development	41a	44b	41a	42ab	44ab
	37–44	41–43	40–44	41–43	42–47
Zdolność kiełkowania Germination capacity	95,1a	95,6a	95,3a	94,9a	96,4b
	84–100	90–100	91–100	90–100	93–99
Odporność na pleśń śniegową Resistance to snow mould	8,9a	8,9a	8,9a	9,0a	8,9a
	7–9	7–9	8–9	7–9	7–9
Odporność na Rynchosporiozę Resistance to rhynchosporiosis	8,7b	8,7b	8,4a	8,7b	8,6ab
	7–9	7–9	6–9	7–9	6–9
Odporność na rdzę żdźbłową Resistance to stem rust	7,7b	7,8b	7,4a	7,5a	8,2c
	5–9	6–9	5–8	6–8	7–9
Odporność na rdzę brunatną Resistance to brown rust	7,4b	7,4b	6,9a	6,9a	7,5b
	5–9	5–9	3–8	5–8	6–8
Odporność na mączniaka prawdziwego Resistance to powdery mildew	7,91a	8,06ab	8,14bc	8,05ab	8,43c
	4–9	6–9	6–9	5–9	7–9
Stopień porażenia sporyszem (roślin/m ²) Ergot contamination level	3,7ab	6,8c	4,9b	4,5b	2,3a
	0–22,67	0–26,67	0–48,0	0–26,67	0–21,33

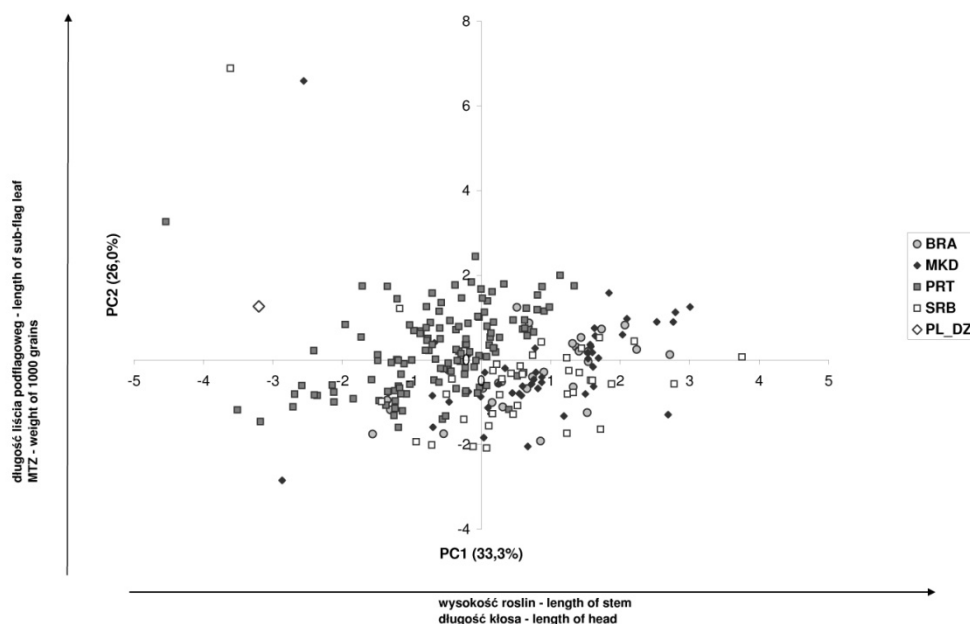
* Te same litery przy wartościach średnich oznaczają grupy jednorodnie, czyli nie różniące się statystycznie

* The same letters next to mean values denote homogenous groups, it means statistically insignificant difference

Inną badaną cechą była zdolność kiełkowania. Ziarniaki odmiany Dańkowskie Złote kiełkowały w granicach 93–99%, Podobną zdolność kiełkowania ziarna powyżej 90% zanotowano również u wszystkich form lokalnych. Formy lokalne ze względu na gorsze osadzanie ziaren w kłosach były silniej porażone przez grzyba *Claviceps purpurea* w porównaniu z wzorcem. Najwyższa wartość tej cechy wystąpiła u form z Brazylii i wynosiła średnio 6,8, przy zakresie zmienności od 0 do 26,67. Średnia wartość tej cechy dla odmiany Dańkowskie Złote wynosiła 2,3 przy zróżnicowaniu od 0 do 21,33, zaś dwukrotnie wyższy zakres zmienności tej cechy zanotowano u form serbskich (0–48). Formy lokalne żyta charakteryzowały się dużą zmiennością pod względem 16 badanych cech morfologicznych i użytkowych i mogą one stanowić cenne źródło wielu genów.

Dla wielocechowego scharakteryzowania ocenianych obiektów wykonano analizę składowych głównych. Ze względu na to, że dwie pierwsze składowe główne (PC1 i PC2) wyjaśniały łącznie blisko 60% (odpowiednio 33,3% i 26,0% pierwsza i druga składowa główna) zmienności badanych cech, to możliwe jest zobrazowanie zmienności badanych

obiektów z użyciem wykresu dwuwymiarowego. Wartości dwóch pierwszych składowych głównych (PC1 i PC2) dla poszczególnych obiektów przedstawiono na rysunku 1.



Rys. 1. Badane obiekty w układzie dwóch pierwszych składowych głównych (PC1 i PC2)
Fig. 1. The investigated accessions in the plot of first two principal components

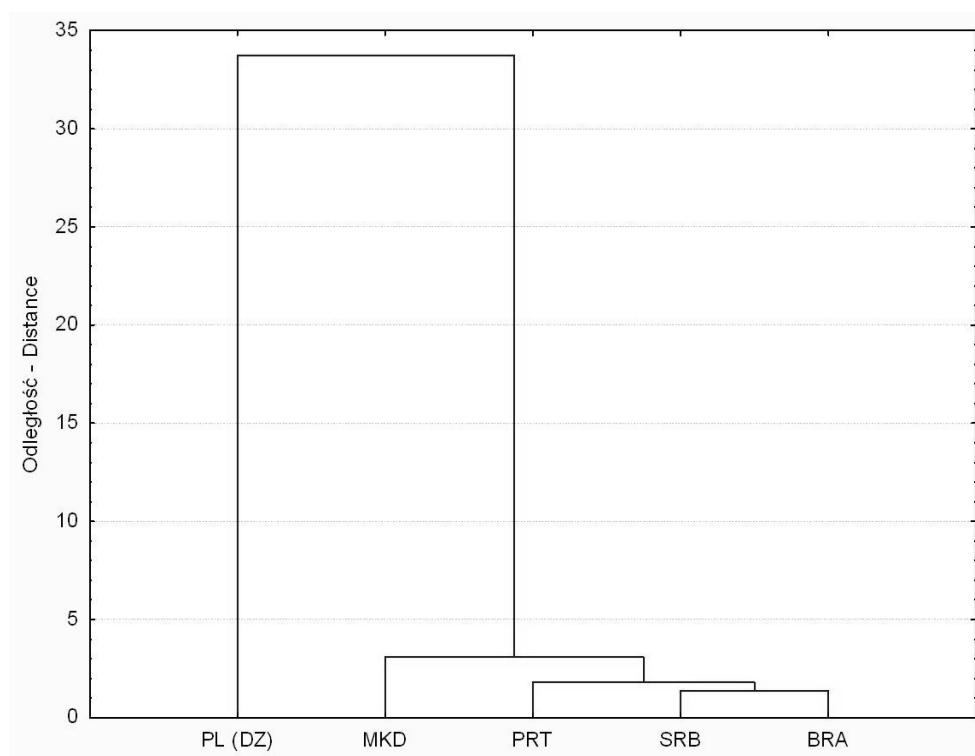
W związku z tym, że pierwsza składowa główna jest silnie dodatnio skorelowana z wysokością roślin i długością kłosów oraz umiarkowanie silnie z liczbą ziarniaków w kłosie, to można powiedzieć, że z prawej strony znajdują się formy lokalne o wyższych wartościach tych cech, a z lewej strony formy o mniejszych wartościach tych cech. Można, zatem stwierdzić, że większość form lokalnych pochodzących z Brazylii, Macedonii i Serbii miało wysokie wartości tych cech, a formy lokalne pochodzące z Portugalii względnie niskie wartości. MTZ była umiarkowanie silnie ujemnie skorelowana z pierwszą składową główną i jednocześnie silnie dodatnio z drugą składową główną, zatem formy lokalne u góry wykresu z lewej strony charakteryzują się wysokimi wartościami tej cechy, a formy lokalne po przeciwnej stronie wykresu (z lewej strony u dołu) mają niskie wartości MTZ (tab. 3). Okazało się, że odmiana wzorcowa DZ miała względnie wysoką masę 1000 ziarniaków, a prawie wszystkie formy obcego pochodzenia miały znacznie niższe wartości MTZ. Wyjątkiem były formy lokalne MKD-V/12, PRT- 55/1977 i SRB-19/72 o dużej MTZ. Ze względu na odmienne pochodzenie badanych form lokalnych mogą one znaleźć zastosowanie w polskiej nowoczesnej hodowli odmian żyta jako donory genów wysokiej

masy 1000 ziaren. O wszechstronnym zastosowaniu form lokalnych ryżu z obszaru indyjskiego jako źródła genów wielu cech ilościowych donoszą Frey i in. (1984) oraz Siddiq i in. (2005). Podkreślają oni, że bogata zmienność cech ilościowych przydatnych we współczesnej hodowli pozostaje nadal niewykorzystana z form lokalnych.

Tabela 3

Współczynniki korelacji między poszczególnymi cechami i wartościami PC1 i PC2
Correlation coefficients between particular traits and values PC1 and PC2

Cecha Trait	PC1	PC2
Wysokość roślin (cm) Height of plant	0,78	-0,17
Długość liścia podługowego (cm) Length of subflag leaf	0,21	0,80
Długość kłosa (cm) Length of spike	0,71	0,37
Liczba ziarniaków w kłosie Number of kernels per spike	0,51	0,09
MTZ Weight of 1000 seeds (g)	-0,49	0,70



Rys. 2. Dendrogram na podstawie analizy skupień przeprowadzonej na wartościach średnich dla obiektów o różnym pochodzeniu

Fig. 2. Dendrogram on the basis of cluster analysis conducted on mean values for accessions of different origin

Na podstawie analizy skupień wykonanej na średnich wartościach dla obiektów z poszczególnych krajów pochodzenia możemy stwierdzić, że najbardziej podobnymi obiektami pod względem średnich pięciu cech uwzględnianych w analizie były obiekty pochodzące z Serbii i Brazylii, nieco bardziej różniły się obiekty pochodzenia portugalskiego, a najbardziej odległą grupą były obiekty pochodzenia macedońskiego. Odmiana Dańkowskie Złote była zdecydowanie różniącą się formą od wszystkich pozostałych obiektów (rys. 2). Ze względu na to, że obiekty wewnątrz poszczególnych grup były dość silnie zróżnicowane przeprowadzono również analizę skupień na średnich wartościach pięciu cech dla poszczególnych obiektów. Ze względu na dużą liczbę obiektów dendrogram ten nie jest prezentowany w niniejszej pracy.

Na podstawie analizy skupień wydzielono 5 grup podobnych wielocechowo. W tabeli 4 przedstawiono przynależność form o różnym pochodzeniu do poszczególnych grup, natomiast w tabeli 5 zamieszczono średnie wartości badanych cech dla tych grup.

Tabela 4

**Liczba obiektów zaliczonych do poszczególnych grup z podziałem na kraj pochodzenia
Number of accessions classified in particular groups dependent on origin**

Grupa Group	BRA	MKD	POL	PRT	SRB	Suma — Total
1	17	17	-	4	15	53
2	9	1	1	85	8	104
3	4	4	-	25	4	37
4	1	27	-	15	11	54
5	-	1	-	1	1	3
Razem Total	31	50	1	130	39	251

Tabela 5

**Średnie wartości wybranych cech dla grup obiektów wydzielonych w analizie skupień
Means for some traits for the groups distinguished in cluster analysis**

Cecha Trait	Grupa Group				
	1	2	3	4	5
Długość żdźbła Height of plant (cm)	180,8	171,2	169,2	178,6	158,5
Długość kłosa Length of spike (cm)	9,5	8,9	8,1	8,8	9,3
Długość liścia podflagowego Length of subflag leaf (cm)	19,7	18,8	18,4	19,6	22,8
Liczba ziarniaków w kłosie Number of kernels per spike	40,4	38,6	30,5	31,3	18,5
Masa 1000 ziaren Weight of 1000 seeds (g)	29,5	32,3	30,8	30,2	48,8

Najliczniej reprezentowana grupa, która jest oznaczona nr 2 (104 genotypy) składała się głównie z form lokalnych pochodzących z Portugalii (85 form), kilkunastu obiektów o innym pochodzeniu, w tym polskiej odmiany Dańkowskie Złote. Grupa ta charakteryzowała się na tle innych grup przeciętną długością źdźbła i kłosa, względnie niewielką długością liścia podflagowego i dość dużą masą tysiąca ziaren. Grupami o dość dużej liczebności obiektów były 1 i 4, liczące odpowiednio 53 i 54 obiekty. Grupa 1 zawierała obiekty o największej wysokości roślin i najdłuższych kłosach, największej liczbie ziaren w kłosie i jednocześnie najmniejszej MTZ. W grupie tej znalazła się większość obiektów pochodzących z Brazylii (17 spośród 31), dość duża liczba obiektów pochodzących z Macedonii i Serbii i niewielka liczba obiektów z Portugalii. Grupa nr 4 zawierała obiekty charakteryzujące się dużą wysokością roślin, względnie krótkimi kłosami, małą liczbą ziarniaków w kłosie i małą MTZ. Najmniejsza grupa liczyła 3 genotypy, do której zaliczono tylko trzy formy lokalne, po jednej z Macedonii, Portugalii i Serbii. Grupa ta charakteryzowała się najmniejszą długością źdźbła, dość długimi kłosami oraz najdłuższymi liśćmi podflagowymi oraz największą MTZ. Podobnie Rama i in. (2007) wydzielili 5 grup jednorodnych spośród form lokalnych ryżu pochodzących z terenów Indii przy zastosowaniu markerów mikrosatelitarnych.

Ze względu na wzajemne skorelowanie niektórych z badanych cech (tab. 6), np. dodatnie skorelowanie wysokości roślin z długością liścia podflagowego oraz ujemne skorelowanie wysokości roślin z MTZ, średnie wartości jednej z cech wiązały się zwykle z wysokimi lub niskimi wartościami innych cech. Jednym z najbardziej widocznych przykładów takich zależności jest wysoka MTZ u obiektów charakteryzujących się małą wysokością roślin oraz dużą długością liścia podflagowego.

Tabela 6

Wartości współczynników korelacji między badanymi cechami
Values of correlation coefficients between investigated features

	Wysokość roślin Height of plant (cm)	Długość liścia podflagowego Length of subflag leaf (cm)	Długość kłosa Length of spike (cm)	Liczba ziarniaków w kłosie Number of kernels per spike
Długość liścia podflagowego Length of subflag leaf (cm)	0,11			
Długość kłosa Length of spike (cm)	0,29*	0,27		
Liczba ziarniaków w kłosie Number of kernels per spike	0,20*	-0,03	0,26	
MTZ Weight of 1000 seeds (g)	-0,37*	0,24*	-0,11	-0,01

* Statystycznie istotna zależność przy poziomie istotności 0,05

*Significant correlation at the level $\alpha = 0.05$

Według wielu badaczy (Ram i in., 2006; Kubicka i in., 2006) formy lokalne ryżu, czy żyta odgrywają ważną rolę w zachowaniu zmienności fenotypowej u tych gatunków i powinny być na szeroką skalę wykorzystane w hodowli mieszańcowej np. jako źródło męskiej sterylności, odporności na choroby czy tolerancji na suszę. Jednak zróżnicowanie

genetyczne form lokalnych, aby mogło być wykorzystane w hodowli musi być zidentyfikowane, nie tylko za pomocą charakterystyki fenotypów, ale również przy użyciu najnowocześniejszych technik molekularnych DNA. Wysokie plonowanie obecnych odmian jest ograniczane przez zwiększoną frekwencję homozygot, dlatego w większym stopniu winny być wprowadzane formy lokalne, charakteryzujące się wysoką heterozygotycznością. Sanni i in. (2008), uważają, że powinny być ciągle tworzone kolekcje form lokalnych ryżu i sukcesywnie ewaluowane przez hodowców, ponieważ są integralną częścią wstępnej hodowli odmian u tego gatunku.

WNIOSKI

1. Wielowymiarowe analizy statystyczne pozwoliły na scharakteryzowanie zmienności badanych form lokalnych o różnym pochodzeniu i pogrupowanie obiektów podobnych wielocechowo pod względem cech użytkowych.
2. Badane formy lokalne żyta charakteryzują się znacznym zróżnicowaniem genetycznym i dzięki temu mogą być w przyszłości wykorzystane w praktycznej hodowli, jako źródło interesujących cech.
3. Większość ocenianych obiektów pochodzenia zagranicznego charakteryzowała się znacznie mniej korzystnymi pod względem wartości użytkowej wielkościami badanych cech w porównaniu z odmianą Dańkowskie Złote, przy czym występowały również pojedyncze obiekty wyróżniające się pod względem cech użytkowych i mogą one stanowić hodowlane materiały wyjściowe.

LITERATURA

- Frey K. J., Cox T. S., Rogers D. M., Barmel-Cox P. 1984. Increasing cereal yields with genes from wild and weedy species. In: Chopra V.L., Joshi B. C., Sharma R. P., Bansal H. C., eds. Genetics: new frontiers. Proc. 15th Int. Genet. Congr. Oxford & IBH Publishing Co., New Delhi, India: 37 — 43.
- Geiger H.H., Miedaner T. 1996. Genetic basis and phenotypic stability of male-fertility restoration in rye. Vortr. Pflanzenzucht., Heft 36: 27 — 38.
- Geiger H. H., Miedaner T. 2009. Rye Breeding. In: Cereals. Handbook of plant breeding. Ed. M. J. Carena. Springer, USA.
- Guzmán C., Caballero L., Alvarez J.B. 2009. Variation in Spanish cultivated einkorn wheat (*Triticum monococcum* l. ssp. *monococcum*) as determined by morphological traits and waxy protein. Genet. Resour. Crop Evol., 56: 601 — 604.
- Kubicka H., Puchalski J., Niedzielski M., Łuczak W., Martyniszyn A. 2006. Gromadzenie i ocena zasobów genowych żyta. Biul. IHAR 240/241: 141 — 149.
- Perez De La Vega M., Gomez C., Cabo D., Vences F.J., Saenz De Miera L.E. 1991. Genetic variability of a Spanish *Avena* germplasm collection. Vortr. Pflanzenzucht., Heft 20: 22 — 27.
- Persson K., Von Bothmer R., Gullord M., Gunnarsson E. 2006. Phenotypic variation and relationships in landraces and improved varieties of rye (*Secale cereale* l.) from northern Europe. Gen. Res. and Crop Evol., 53: 857 — 866.
- Quinn, G. P., Keough, M. J. 2002. Experimental Design and Data Analysis for Biologists. Cambridge, Cambridge University Press.
- Ram S. G., Thiruvengadam V., Vinod K. K. 2007. Genetic diversity among cultivars, landraces and wild relatives of rice as revealed by microsatellite markers. J. Appl. Genet., vol. 48 (4): 337 — 345.
- Rencher A. 2002. Methods of multivariate analysis. Second edition. New York : John Wiley.

- Sanni K.A., Fawole I., Guei R.G., Ojo D.K., Somado E.A., Tia D.D., Ogunbayo S.A., Sanchez I. 2008. Geographical patterns of phenotypic diversity in *Oryza sativa* landraces of Côte d'Ivoire. *Euphytica* 160: 389 — 400.
- Siddiq E. A., Saxena S., Malik S. S. 2005. Plant Genetic resources: food grain crops. In: Dhillon B. S., Saxena S., Agrawal A., Tyagi R.K., eds. Indian Society of Plant Genetic Resources, New Delhi, Narosa Publishing House, New Delhi, India: 27 — 57.
- StatSoft, Inc. 2005. STATISTICA data analysis software system, version 7.1. www.statsoft.com.

BEATA MYŚKÓW**ANNA ŁAŃ****MONIKA HANEK**

Katedra Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin

Zachodniopomorski Uniwersytet Technologiczny w Szczecinie

Wpływ sposobu zapylenia żyta na mapowanie QTL dla porastania przedżniwnego*

Analysis of the impact of pollination method on the results of mapping QTL for pre-harvest sprouting in rye

Mapa genetyczna populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL) wyprowadzonych z pokolenia F₂ mieszańca żyta S120×S76 posłużyła do identyfikacji *loci* cech ilościowych (QTL) związanych z porastaniem przedżniwnym (PHS). Mapa siedmiu chromosomów żyta o łącznej długości 962 cM składała się z 1285 markerów DArT (markery molekularne wykorzystujące enzymy restrykcyjne i metodę hybrydizacji na mikropłytkach) oraz 62 *loci* uzyskanych z użyciem metody PCR (łańcuchowa reakcja polimerazy). Materiałem badawczym były linie RIL pochodzące z doświadczeń polowych prowadzonych w Szczecinie, na terenie hali wegetacyjnej ZUT w latach 2007–2010. Część kłosów poszczególnych RIL izolowano, podczas gdy pozostałe pozostawiano do swobodnego przepylania. PHS oceniano po kilkudniowym zraszaniu dojrzałych, ściętych kłosów wodą i oznaczano jako procent ziaren skielkowanych. Oceny fenotypowej dokonano na kłosach poddawanych samozapyleń (I) w czterech latach, a w dwóch latach (2008, 2010) także na kłosach nieizolowanych (N). Celem pracy było porównanie lokalizacji QTL porastania wskazanej w wyniku oceny kłosów izolowanych i nieizolowanych. Na mapie wykryto łącznie 33 QTL przedżniwnego porastania, rozlokowane na wszystkich chromosomach. Na podstawie wyników z 2008 roku zmapowano po sześć różnych i jeden wspólny QTL dla wariantów oceny z kłosami samo- i obcozapylonymi. W 2010 roku stwierdzono obecność jednego QTL dla kłosów izolowanych, pokrywającego się z jednym z sześciu wykrytych w tym roku dla kłosów nieizolowanych. Nie stwierdzono żadnego pokrywającego się przedziału QTL w dwóch sezonach (2008 i 2010), niezależnie od typu zapłodnienia badanych roślin. Lokalizacja niektórych QTL z obu wariantów została potwierdzona na podstawie analiz z innych lat. Stwierdzono, że materiał roślinny do analizy QTL porastania przedżniwnego żyta mogą stanowić kłosy poddane obcozapyleń, w uzupełnieniu lub zamiennie z kłosami samozapylonymi.

Słowa kluczowe: *loci* cech ilościowych (QTL), obcozapyleń, porastanie przedżniwne (PHS), samozapyleń, żyto

Rye mapping population of S120×S76 cross consisting of 143 genotypes of RIL-F₈ generation and it has been used to analyze pre-harvest sprouting. The map of seven rye chromosomes was together 962

* Praca finansowana z projektu MNiSW, NN 310 067639

cM long and contained 1285 DArT and 62 PCR markers. Plant material was grown in an experimental field of the West Pomeranian University of Technology in Szczecin, Poland, in four years (2007–2010). PHS was measured as a percentage of germinating seeds *per* total number of seeds in the ear, after watering of mature, harvested spikes. Each RIL was represented by several self-pollinated spikes (6 for most genotypes) every season and by several open-pollinated spikes in two years (2008, 2010). The objective of the research was to determine the positions of QTL for pre-harvest sprouting on rye genetic map of RIL population using spikes of two types of pollinating and comparing them together. There were jointly 33 QTL for PHS detected, that were spread on all chromosomes. Data from 2008 based on isolated and non-isolated spikes allowed to map 12 different (six for each variant) and one coinciding QTL. There was one QTL detected with the use of isolated spikes in 2010 and it overlapped with one of six QTL revealed on the basis of non-isolated spikes in this year. Localization of some of these QTL was confirmed by QTL analysis from other seasons. There was no overlapping QTL between 2008 and 2010, regardless the method of plant pollinating. It was suggested that open-pollinated spikes could be used to study QTL for PHS equally well as the self-pollinated plants or as a complementary plant material.

Key words: open-pollination, pre-harvest sprouting (PHS), Quantitative Trait *Loci* (QTL), rye, self-pollination

WSTĘP

Według szacunkowej oceny straty plonu zbóż spowodowane porastaniem przedzirnynym (PHS) sięgają w Polsce średnio 5–10% ogólnej produkcji, jednak w niektórych latach, kiedy pogoda jest wyraźnie niekorzystna mogą przybrać rozmiary klęski (Czarnocki i in., 2007). Uzyskanie odmian odpornych na kielkowanie ziaren w kłosach jest jednym z głównych kierunków w programach hodowli żyta. Podatność na porastanie zależy od wielu różnych cech, z których część warunkowana jest genotypem rośliny matecznej — morfologia kłosa, struktura i skład okrywy owocowo-nasiennej (King i Wettstein-Knowles, 2000), a część genotypem rośliny potomnej — procesy metaboliczne zachodzące w zarodku (Suzuki i in., 2000).

Dotychczasowe prace zmierzające do poznania genetycznego podłoża PHS u żyta dotyczyły głównie lokalizacji na mapach genetycznych *loci* cech ilościowych (QTL) kontrolujących tę cechę. Materiał do badań stanowiły trzy mieszańce międzyliniowe; wszystkie analizy wykonywano w oparciu o ocenę kłosów poddawanych samozapyleniu (Myśków i in., 2004; Masojć i Milczarski, 2005; Twardowska i in., 2005; Masojć i in., 2007; Masojć i in., 2009; Masojć i Milczarski, 2009; Myśków i in., 2010). Izolowanie kłosów przed kwitnieniem zapewnia znajomość genotypów wszystkich tkanek ziarniaka podnosząc precyzję badań genetycznych. Jednak w komercyjnej hodowli żyta ocena odporności na porastanie u rodów i odmian jest wykonywana na kłosach pochodzących ze swobodnego przepylenia i wyniki takiej oceny w sposób zadowalający charakteryzują materiały hodowlane. Niniejsza praca miała za zadanie sprawdzenie czy izolowanie kłosów objętych fenotypowaniem jest niezbędne w badaniach nad genetycznym podłożem PHS. W tym celu wykorzystano populację RIL żyta, mieszańca S120×S76, która posłużyła do identyfikacji QTL badanej cechy na mapie genetycznej tej populacji. Do oceny PHS używane były kłosy poddane samozapyleniu i równocześnie część kłosów nieizolowanych. Uzyskane w ten sposób dane zastosowano do lokalizacji QTL.

W badaniach z zastosowaniem materiałów roślinnych o zaawansowanym poziomie chowu wsobnego analizowane genotypy w obrębie pojedynczej linii są identyczne lub prawie identyczne. Dopuszczenie do obcozapylenia linii wsobnych sprawia, że genotyp rośliny potomnej różni się od matecznej. Ponieważ PHS w dużej mierze jest uzależnione od cech morfologicznych, to wpływ obcozapylenia na zmianę wyników oceny porostania w obrębie poszczególnych linii, dotyczyć może tylko procesów warunkowanych przez geny zarodka, bo morfologia rośliny matecznej, poddawanej ocenie nie ulega zmianie. Spodziewanym wynikiem jest więc wykrycie przynajmniej części QTL (tych związanych z cechami morfologicznymi kłosa lub całej rośliny) wspólnych dla obu grup kłosów.

Celem pracy było porównanie lokalizacji QTL porostania przedźniwnego wskazanej w wyniku oceny kłosów izolowanych i nieizolowanych oraz stwierdzenie czy wyniki uzyskane z użyciem do analizy QTL kłosów linii wsobnych ulegających swobodnemu przepyleciu są porównywalne z wynikami otrzymywanymi przy wykorzystaniu roślin samozapylanych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał roślinny stanowiły 143 RIL wyprowadzone z pokolenia F_2 mieszańca żyta S120×S76. Linie rodzicielskie różniły się istotnie pod względem wrażliwości na porostanie. Każdy RIL był potomstwem pojedynczej rośliny pokolenia F_2 . Ocenom fenotypowym poddawano rośliny pokoleń S_6 – S_9 , pochodzące z doświadczeń polowych prowadzonych w Szczecinie, na terenie hali wegetacyjnej ZUT w latach 2007–2010. PHS oceniano po kilkudniowym zraszaniu dojrzałych, ściętych kłosów wodą i oznaczano jako procent ziaren skielkowanych. Dla każdego RIL pobierano kilka-kilkanaście kłosów i wyliczano średnią wartość PHS. Oceny fenotypowej dokonano na kłosach poddawanych samozapyleciu (I), a w dwóch latach także na kłosach pozostawionych do swobodnego przepylecia (N). Wartości średnie z obu wariantów (I i N) w danym sezonie oznaczano symbolem tego roku (2008, 2010). Liczebności przebadanych kłosów przedstawiono w tabeli 1. W roku 2009 doświadczenie przeprowadzono w dwóch powtórzeniach oceniając tylko kłosy izolowane (2009I-1, 2009I-2), a identyfikację QTL przeprowadzono w oparciu o wyniki średnie z obu powtórzeń (2009I).

Rozkład wartości cechy w poszczególnych powtórzeniach i korelacja między różnymi wariantami ocen fenotypowych oceniane były przy użyciu wersji 9,0 pakietu Statistica (<http://www.statsoft.com>). Do ustalenia zgodności z rozkładem normalnym wykorzystano test Kołmogorowa-Smirnowa. Analizie poddawano średnie wartości porostania poszczególnych RIL.

Do identyfikacji *loci* cech ilościowych (QTL) związanych z PHS posłużyła mapa genetyczna populacji RIL (Mysków, 2012) o łącznej długości 962cM. Mapa składała się z 1285 markerów DArT oraz 62 markerów uzyskanych z użyciem metody PCR a średnia odległość między *loci* wynosiła 0,714cM.

Tabela 1

Liczebności kłosów wykorzystanych do oceny porastania przedźniwnego w populacji mapującej typu RIL u żyta (mieszaniec S120×S76)
Number of spikes used to evaluate the pre-harvest sprouting in a RIL mapping population of rye (cross S120×S76)

Sposób zapylenia roślin Method of plant pollination	Rok Year	Liczba RIL poddanych ocenie Number of analyzed RILs	Liczba kłosów ocenionych w całej populacji mapującej Number of spikes examined in mapping population	Liczba kłosów ocenionych w poszczególnych RIL Number of spikes examined in every RIL
Samozapylanie Self-pollination (I)	2007	65	128	2
	2008	133	704	6
	2009	143	1486	12 (6+6)
	2010	134	725	6
Obcozapylanie Open-pollination (N)	2008	142	710	5
	2010	123	734	6

Analiza QTL przeprowadzona została przy użyciu wersji 2.51 programu Windows QTL Cartographer (<http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>, Wang i in., 2007), z zastosowaniem metody CIM (composite interval mapping) (Zeng, 1994) i testu permutacji (Doerge i Churchill, 1996). Do ustalenia poziomu LOD istotnego dla każdego wariantu danych wykonywano 1000 permutacji, przy $p = 0,05$. Wyznaczony poziom LOD mieścił się w zakresie 2,0-2,4; najczęściej przyjmował wartość 2,2.

WYNIKI

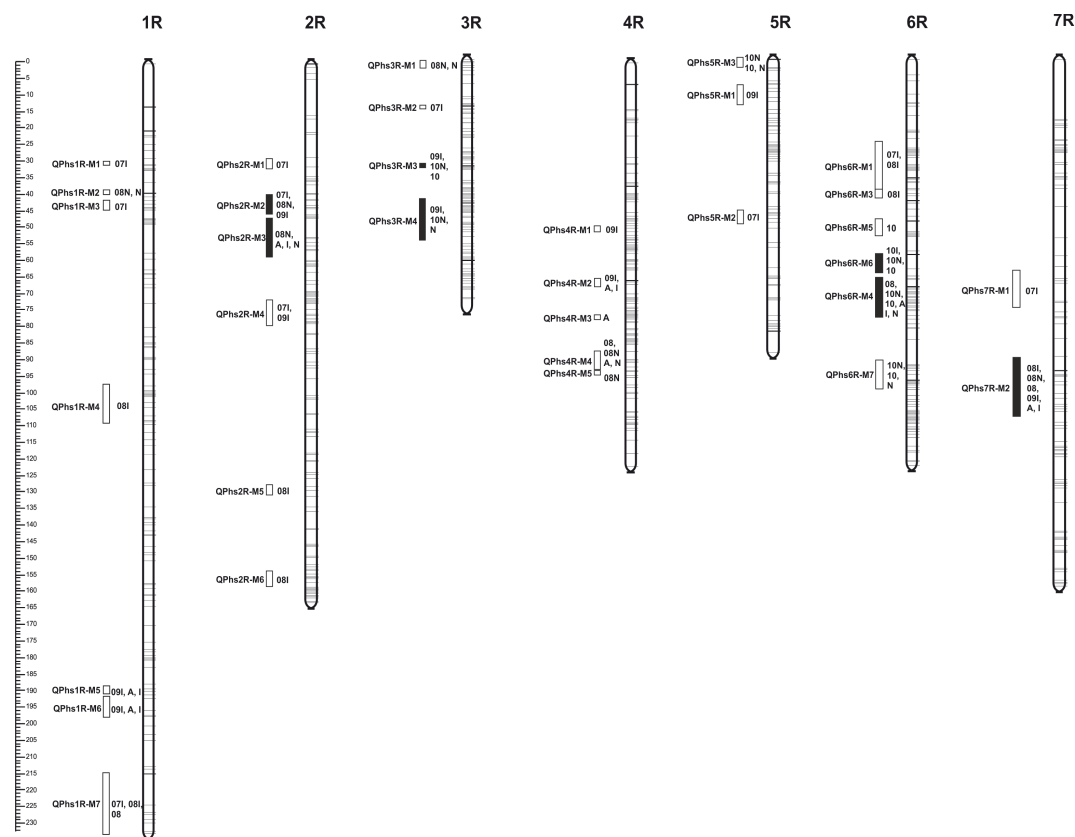
Linie rodzicielskie badanego mieszańca różnią się istotnie średnimi wartościami porastania: S120 – 68,1% ($\pm 1,3$), S76 – 25,6% ($\pm 1,3$). Zakres zmienności cechy w populacji mapującej RIL wahał się od 0% do 100%, a średnie wartości w różnych latach wynosiły 28%-49%. Większość wariantów oceny PHS (poza dwoma: 2008I, 2008), charakteryzowało się rozkładem wartości nie odbiegającym istotnie od rozkładu normalnego.

Na mapie zlokalizowanych jest łącznie 33 QTL (te same przedziały zidentyfikowane w kilku powtórzeniach traktowano jako jeden QTL). Analiza QTL z wykorzystaniem danych z roku 2008 wykazała obecność sześciu QTL charakterystycznych tylko dla wariantu z kłosami izolowanymi (I) i tyle samo dla wariantu z kłosami nieizolowanymi (N). Wykryto ponadto jeden region wspólny dla obu wariantów. Jeden z QTL dla N potwierdzony został w analizach z innych lat (2007, 2009), a kolejne dwa wykazane zostały również przy użyciu danych uśrednionych dla wszystkich sezonów i wariantów (rys. 1).

Analiza z użyciem wyników oceny porastania z 2010 roku pozwoliła na wykrycie jednego QTL dla wariantu z kłosami izolowanymi, pokrywającego się z regionem dla wariantu z kłosami nieizolowanymi. Wyniki oceny PHS na kłosach z roślin obcozapłodnionych pozwoliły dodatkowo wykryć pięć QTL, z których dwa były potwierdzeniem analiz z 2009 roku dla wariantu kłosów izolowanych, a kolejny QTL został potwierdzony w wyniku analizy przeprowadzonej na podstawie wartości średnich (rys. 1).

Korelacja między wariantem I i N w roku 2008 wyniosła 0,66; w roku 2010 osiągnęła wartość 0,62, a między wariantami I i N wyliczonymi jako średnie wartości ze wszystkich

lat była równa 0,78. Wszystkie wymienione wartości były istotne statystycznie. Dla porównania, korelacja między dwoma powtórzeniami doświadczenia z roku 2009 wyliczona na podstawie oceny kłosów izolowanych była również istotna statystycznie, ale wyraźnie niższa od wyżej podanych - wynosiła 0,43.



Rys. 1. Mapa genetyczna populacji RIL mieszańca żyta S120xS76, z QTL kontrolującymi PHS, wykrytymi na podstawie ocen z lat 2007–2010 kłosów izolowanych (07I–10I), nieizolowanych (08N, 10N), oraz wartości średnich ogółem (A), średnich z obu wariantów dla lat (08, 10) lub średnich z lat dla każdego z wariantów (I, N). Liczby 07–10 oznaczają rok doświadczenia. Czarne prostokąty oznaczają QTL wykryte na podstawie oceny kłosów nieizolowanych oraz izolowanych

Fig. 1. Genetic map of rye (RIL population of hybrid S120xS76), with QTL controlling PHS, detected based on assessments of isolated spikes from the years 2007 to 2010 (07I–10I), non-isolated spikes (08N, 10N), and mean values of total (A), mean from both variants for years (08, 10) or the average of the years for each of the variants (I, N). Numbers 07–10 indicate the year of experiment. Black rectangles indicate QTL common for non-isolated- and isolated spikes

Wszystkie wartości korelacji dla doświadczeń z kłosami izolowanymi poddanymi ocenie w różnych latach były niższe od tych wyliczonych między wariantami I–N i wahały się w przedziale od 0,24 do 0,60. Niższy wynik (0,54) osiągnął też współczynnik korelacji dla wariantów z kłosami nieizolowanymi z lat 2008 i 2010 (tab. 2).

Tabela 2

Korelacje wartości porastania populacji RIL między różnymi wariantami doświadczenia (symbole liczbowe oznaczają rok doświadczenia, litera I oznacza kłosy samozapylane, N — kłosy obcozapylane, brak I lub N oznacza średnie z obu wariantów). Współczynniki korelacji są istotne przy $p < 0,05$

Correlations of pre-harvest sprouting value in RIL population between the different variants of the experiment (numbers mean the year, letter I—self-pollinated ears, N — open-pollinated ears, lack of the letter — average values). The correlation coefficients are significant with $P < 0.05$

08	08I	08N	09I	09I-1	09I-2	10	10I	10N	07-10	07-10I	07-10N	
0,44	0,39	0,43	0,50	0,47	0,37	0,30	0,24	0,34	0,52	0,54	0,42	07I
	0,89	0,92	0,72	0,54	0,66	0,54	0,48	0,52	0,87	0,84	0,80	08
		0,66	0,60	0,44	0,58	0,45	0,40	0,44	0,75	0,77	0,61	08I
			0,70	0,50	0,66	0,54	0,45	0,54	0,84	0,76	0,88	08N
				0,82	0,86	0,61	0,55	0,55	0,89	0,92	0,71	09I
					0,43	0,46	0,43	0,43	0,70	0,74	0,53	09I-1
						0,55	0,48	0,49	0,79	0,81	0,65	09I-2
							0,92	0,89	0,83	0,77	0,79	10
								0,62	0,74	0,75	0,59	10I
									0,78	0,65	0,90	10N
										0,97	0,90	07-10
											0,78	07-10I

DYSKUSJA

Analiza QTL porastania na mapie mieszańca S120×S76 pozwoliła na wykrycie 33 QTL (Myśków i in., 2011; Myśków, 2012). Analiza z wykorzystaniem danych dla wariantów z kłosami izolowanymi nie wykazała pełnej zgodności z wynikami oceny wariantów z kłosami nieizolowanymi.

W przypadku analizy QTL możliwe są dwa podstawowe rodzaje błędów. Błąd I typu, kiedy QTL nie istnieje, ale mimo to jego (rzekoma) obecność zostaje wykazana i błąd II typu, kiedy QTL jest obecny w genomie, ale nie zostaje wykryty (Doerge i Churchill, 1996). Wykluczając zmienność wynikającą z wpływu środowiska, różnice między lokalizacją QTL wykrywanych w tym samym materiale sugerują obecność któregoś z wymienionych rodzajów błędów. Pozostaje do ustalenia, z którym błędem mamy do czynienia i jaka jest jego przyczyna.

W badaniach PHS powszechnie przyjęto stosowanie oceny kłosów poddanych samozapyleniu (Myśków i in., 2004; Masojć i Milczarski, 2005; Twardowska i in., 2005; Masojć i in., 2007; Masojć i in., 2009; Masojć i Milczarski, 2009; Myśków i in., 2010). Zaobserwowane w prezentowanych badaniach rozbieżności wyników uzyskanych po ocenie kłosów izolowanych i nieizolowanych mogłyby więc sugerować, że ocena roślin pozostawionych do swobodnego zapylenia może być głównym źródłem wyżej wspomnianych dwóch rodzajów błędów. Jednak poza obszarami wspólnymi dla N i I w poszczególnych sezonach, na podstawie N identyfikowane były takie QTL, które potwierdzały wyniki analiz z innych lat oraz wyniki uzyskane przy użyciu danych uśrednionych ze wszystkich sezonów i wariantów. To wskazuje na niewykrywanie pewnych QTL na podstawie badania kłosów izolowanych (błąd II typu) i świadczy o tym, że ocena kłosów nieizolowanych może stanowić uzupełnienie lub nawet może w

niektórych przypadkach zastąpić ogólnie przyjętą metodę przygotowania materiału roślinnego do oceny PHS, przez doprowadzanie do samozapłodnienia roślin.

Trudno wskazać jakąkolwiek regułę, określającą przyczyny powtarzalności QTL lub jej braku. Uzyskane wyniki nie pozwalają stwierdzić, czy odrębne regiony QTL wykryte z użyciem I lub N są rezultatem identyfikowania grup genów kontrolujących cechy wpływające na PHS w odmienny sposób (np. cechy morfologiczne lub biochemiczne). Pojawianie się pojedynczych QTL charakterystycznych tylko dla jednego ze sposobów zapłodnienia roślin może być wynikiem błędów I typu i dotyczyć może zarówno QTL identyfikowanych przy użyciu N jak też I.

Prawdopodobnie na różnice w lokalizacji QTL, poza warunkami środowiska i zmiennością genotypową istotny wpływ może mieć liczebność prób wykorzystanych do badań. O wpływie liczebności prób na wyniki świadczą wartości współczynników korelacji — najniższe stwierdzano dla porównań z danymi z roku 2007 (najmniejsze liczebności prób), najwyższe zaś dla zestawień z średnimi z 2009 roku (najliczniejsze próby). W pracy Mysków (2012) wykazano, że wielkość minimalna próby niezbędna do przeprowadzenia precyzyjnej oceny porostania przedźniwnego ustalona z uwzględnieniem wariancji wyliczonej dla czterech linii wsobnych żyta, przy dopuszczalnym błędzie równym 10% wynosiła 5–13 kłosów, w zależności od badanej linii.

Pracochłonny sposób analizy PHS w całej populacji mapującej sprawia, że trudno jest spełnić kryterium wymaganej liczebności próby, o czym świadczą metodyki badań wielu różnych zespołów, zakładające użycie do analiz porostania stosunkowo niewielkiej liczby kłosów. Zespół z Chin (Ren i in., 2008) analizując populacje F₂ i RIL pszenicy poddawał ocenie 3 kłosy, Liu i współautorzy (2008) badali po 5 kłosów każdej rekombinacyjnej linii wsobnej pszenicy, a w badaniach Masojcia i współautorów (2007) oceniano po 3 kłosy poszczególnych linii RIL żyta. W prezentowanych badaniach dla większości wariantów doświadczenia oceny PHS dokonywano na 6 kłosach. Mimo liczniejszej reprezentacji prób w porównaniu z innymi badaniami, nadal nie uzyskiwano gwarancji miarodajnej oceny każdej z RIL, wobec wymaganej minimalnej liczebności wynoszącej w niektórych przypadkach nawet 13 kłosów (Mysków, 2012). Mniejsza dokładność oceny cechy mogła stanowić źródło mniejszej precyzji w lokalizacji QTL i prowadzić do pojawienia się przypadkowych różnic między wynikami uzyskanymi dla I oraz N.

Interesujące wydają się wyniki porównania ocen fenotypowych porostania z różnych lat i wariantów doświadczeń wykonane dla populacji mapującej S120×S76. Korelacja między wariantami I-N w obu latach badań była wyższa od korelacji dla wariantów I-I lub N-N z różnych lat. Wartości te były wyższe nawet od zależności między dwoma powtórzeniami doświadczenia prowadzonymi w tym samym roku dla kłosów wyłącznie izolowanych. To wskazywałoby, że sposób zapylania roślin w stopniu nie większym niż inne czynniki środowiska wpływa na ocenę porostania.

Porównanie regionów zawierających *loci* kontrolujące PHS, mimo widocznych różnic, nie pozwala na stwierdzenie, że obcozapłodnienie wpływa istotnie na zmianę wyników analizy QTL. Stwierdzono bowiem jednakową liczbę regionów zawierających *loci* kontrolujące PHS (I) wspólnych dla różnych lat badań oraz wspólnych dla 2 wariantów (N i I). QTL o lokalizacji wykazanej tylko w jednym sezonie, niezależnie od typu zapylenia

roślin poddawanych ocenie fenotypowej, mogą być wynikiem współdziałania genotypów z warunkami środowiska chociaż nie można też wykluczyć, że niektóre z nich są rezultatem trudnych do uniknięcia błędów w analizie QTL.

Mimo, że wyniki analiz QTL z użyciem do badań materiałów przygotowanych według dwóch wariantów zapłodnienia nie pokrywają się w pełni, nie można potraktować oceny N jako dającej nieprawidłowe wyniki. Prawdopodobnie zwiększenie powtarzalności QTL kontrolujących porastanie przedźniwne żyta w różnych latach można byłoby uzyskać przez zwiększenie liczebności prób badanych, co niestety wiązałoby się z wydłużeniem czasochłonnego procesu oceny fenotypowej. Prezentowane wyniki sugerują jednak, że w zamian za to można byłoby uprościć jeden z etapów prac polowych przygotowania materiału do oceny PHS, unikając zakładania izolatorów i wykorzystując do badań kłosa ulegające swobodnemu zapyleniu. Jako wiarygodne QTL należałoby wówczas traktować te, które wykrywane są w różnych środowiskach i sezonach wegetacyjnych, ale to podejście jest właściwe także w przypadku badania roślin poddawanych chowowi wsobnemu.

LITERATURA

- Czarnocki S., Starczewski J., Garwacka A. 2007. Wpływ wybranych czynników agrotechnicznych na skłonność do porastania ziarna pszenicy jarej. *Acta Agrophysica* 10 (3): 533 — 541.
- Doerge R.W., Churchill G. A. 1996. Permutation tests for multiple loci affecting a quantitative character. *Genetics* 142: 285 — 294.
- King R. W., von Wettstein-Knowles P. 2000. Epicuticular waxes and regulation of ear wetting and pre-harvest sprouting in barley and wheat. *Euphytica* 112: 157 — 166.
- Liu S., Cai S., Graybosch R. A., Chen C. , Bai G. 2008. Quantitative trait *loci* for resistance to pre-harvest sprouting in US hard white winter wheat Rio Blanco. *Theor. Appl. Genet.* 117 (5): 691 — 699.
- Masojć P., Milczarski P. 2005. Mapping QTLs for alpha-amylase activity in rye grain. *J. Appl. Genet.* 46: 115 — 123.
- Masojć P., Milczarski P. 2009. Relationship between QTLs for preharvest sprouting and alpha-amylase activity in rye grain. *Mol Breeding* 23: 75 — 84.
- Masojć P., Banek-Tabor A., Milczarski P., Twardowska M. (2007) QTLs for resistance to preharvest sprouting in rye (*Secale cereale* L.). *J. Appl. Genet.* 48: 211 — 217.
- Masojć P., Lebiecka K., Milczarski P., Wiśniewska M., Łań A., Owsianicki R. 2009. Three classes of *loci* controlling preharvest sprouting of rye (*Secale cereale* L.) discerned by means of bidirectional selective genotyping (BSG). *Euphytica* 170: 123 — 129.
- Myśków B., Stojalowski S., Milczarski P., Masojć P. 2004. Wykorzystanie mapy sprzężeń markerów RAPD do identyfikacji genów odporności na porastanie u żyta (*Secale cereale* L.). *Annales UMCS Sec. E.* 59 (3): 1289 — 1296.
- Myśków B., Stojalowski S., Milczarski P., Masojć P. 2010. Mapping of sequence specific markers and loci controlling pre-harvest sprouting and alpha-amylase activity on the genetic map of F₂ (S120×S76) rye (*Secale cereale* L.) population. *J. Appl. Genet.* 51 (3): 283 — 287.
- Myśków B. 2012. Identyfikacja *loci* cech ilościowych (QTL) kontrolujących wczesność i podatność na porastanie u żyta (*Secale cereale* L.) z wykorzystaniem zagęszczonych map genetycznych populacji rekombinacyjnych linii wsobnych (RIL). Wydawnictwo Uczelniane Zachodniopomorskiego Uniwersytetu Technologicznego w Szczecinie, ISBN 978-83-7663-103-5.
- Myśków B., Stojalowski S., Łań A., Bolibok-Bragoszewska H., Rakoczy-Trojanowska M., Kilian A. 2011. Detection of the QTL for α -amylase activity on high-density genetic map of rye and comparing their localization to loci controlling preharvest sprouting and earliness. *Molecular Breeding*, DOI: 10.1007/s11032-011-9627-1.

- Ren X.-B., Lan X. J., Liu D.-C., Wang J.-L., Zheng Y.-L. 2008. Mapping QTLs for pre-harvest sprouting tolerance on chromosome 2D in a synthetic hexaploid wheat×common wheat cross. *J. Appl. Genet.* 49 (4): 333 — 341.
- Suzuki T., Matsuura T., Kawakami N., Noda K. 2000. Accumulation and leakage of abscisic acid during embryo development and seed dormancy in wheat. *Plant Growth Regul.* 30: 253 — 260.
- Twardowska M., Masojć P., Milczarski P. 2005. Pyramiding genes affecting sprouting resistance in rye by means of marker assisted selection. *Euphytica* 143: 257 — 260.
- Wang S., Basten C. J., Zeng Z.-B. 2007. Windows QTL Cartographer 2.5. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC. (<http://statgen.ncsu.edu/qtlcart/WQTLCart.htm>).
- Zeng Z.-B. 1994. Precision mapping of quantitative trait *loci*. *Genetics* 136: 1457 — 1468.

WANDA KOCIUBA¹**ANETA KRAJEK¹****KRZYSZTOF UKALSKI²**¹ Instytut Genetyki, Hodowli i Biotechnologii Roślin, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie² Katedra Ekonometrii i Statystyki, Zakład Biometrii Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Ocena stabilności wybranych cech plonotwórczych polskich odmian pszenżyta ozimego

Stability estimation of selected yielding traits of Polish winter triticale varieties

Celem przeprowadzonych badań była ocena stabilności na warunki pogodowe 36 polskich odmian pszenżyta ozimego pod względem masy ziaren z kłosa oraz masy tysiąca ziaren. Jedno-powtórzeniowe doświadczenia polowe przeprowadzono w latach 2001 – 2004 w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie, w Czesławicach k/Nałęczowa. Zastosowano metodę graficzną biplot typu GGE, współczynnik regresji Eberharta – Russella, miarę ekowalencji Wricke’a, i złożony miernik stabilności Hansona. Odmianami stabilnymi na warunki pogodowe osiągającymi wysokie wartości masy ziaren z kłosa były: Piano, Vero i Tornado. Niestabilne, pod względem masy ziaren z kłosa, odmiany Mundo i Fidelio osiągały większe wartości tej cechy w niekorzystnych warunkach pogodowych. Pod względem masy 1000 ziaren, odmianami stabilnymi i osiągającymi duże wartości badanej cechy były Ugo, Typo, Debo i Piano. Natomiast odmiana Lasko o najwyższych wartościach masy 1000 ziaren była odmianą niestabilną. Odmiany Piano, Ego i Tornado były stabilne i przyjmowały duże wartości obu badanych cech plonotwórczych.

Słowa kluczowe: biplot typu GGE, ekowalencja Wricke’a, pszenżyto ozime, stabilność, współczynnik regresji Eberharta – Russella, złożony miernik stabilności Hansona

The objective of this study was to evaluate stability of yielding traits of Polish cultivars of winter triticale depending on weather conditions. Grain weight per spike and 1000 grains weight of 36 cultivars were taken into account. Four-year (2001–2004) one-replication field experiments were conducted at the Experimental Field Station of the University of Life Sciences in Czesławice near Nałęczów, Poland. The graphical GGE biplot method, Eberhart – Russell regression coefficient, Wricke’s ecovalence and Hanson’s composite parameter of stability were used. Cultivars Piano, Vero and Tornado were stable in diverse weather conditions with high grain weight per spike. Cultivars Mundo and Fidelio were unstable but their grain weight per spike increased with deteriorating weather conditions. Cultivars Ugo, Typo, Debo and Piano were stable with high 1000 grains weight. Cultivar Lasko was unstable but achieved the highest 1000 grains weight. Cultivars Piano, Ego and Tornado were stable regarding both tested yielding traits.

Key words: biplot GGE, Eberhart-Russell regression coefficient, Hanson’s composite parameter of stability, stability, winter triticale, Wricke’s ecovalence

WSTĘP

Zmienność środowiskowa ma istotny wpływ na wartości cech plonotwórczych odmian pszenżyta ozimego $\times$ *Triticosecale* Wittm. Jako środowisko można rozumieć zarówno rejon uprawy jak również lata uprawy. Do analizy wpływu zmienności środowiskowej na plonowanie w pierwszym przypadku prowadzone są serie doświadczeń jednorocznych lub wieloletnich w różnych miejscowościach, w drugim w kilku latach w jednej miejscowości. W niniejszej pracy przez zmienność środowiskową będziemy rozumieć zmieniające się warunki pogodowe w latach.

Badania stabilności plonowania jako reakcji odmian na warunki środowiska są ciągłym wyzwaniem dla badaczy. Wynika to przede wszystkim z powodu występowania interakcji genotypowo-środowiskowej (genotype $\times$ environment G $\times$ E). Pierwsze metody pozwalające na oszacowanie wielkości interakcji G $\times$ E zostały zaproponowane przez Yatesa i Cochran (1938), Wricke'a (1962), następnie zmodyfikowane przez Finlaya i Wilkinson (1963), Eberharta i Russella (1966), Perkinsa i Jinksa (1968) oraz przez Hansona (1970). Kolejne parametry pozwalające na określenie wpływu interakcji G $\times$ E były wprowadzone przez Shuklę (1972) i Kanga (1993). Statystyczne metody wielowymiarowe również okazały się przydatne do badania interakcji G $\times$ E (Lin i in., 1986). Podejście wielowymiarowe w ostatnich 20 latach zostało rozwinięte zwłaszcza poprzez wykorzystanie wykresów typu biplot. Gauch (1992) zaproponował badanie interakcji G $\times$ E na podstawie modelu z addytywnymi składnikami głównymi i multiplikatywnym składnikiem interakcji (AMMI), natomiast Yan i in. (2000) zaproponowali model ze wszystkimi składnikami addytywnymi, tzw. biplot typu GGE.

Większość metod badania stabilności wymaga układu danych z powtórzeniami w każdym roku. W przypadku doświadczeń jednopowtórzeniowych, nie jest możliwe wykorzystanie wielu ze stosowanych miar stabilności. Z powyższych względów, w badanej kolekcji zastosowano następujące metody i miary pozwalające określić wielkość interakcji G $\times$ E: wykres biplot typu GGE, wykresy regresji oraz współczynnika regresji b_i na podstawie modelu Eberharta i Russella, miarę ekowalencji Wricke'a W_i i złożony miernik stabilności Hansona D_i .

Celem pracy jest: (i) ocena stabilności 36 odmian pszenżyta ozimego w zmieniających się warunkach pogodowych w latach pod względem masy ziaren z kłosa (MZK) oraz masy tysiąca ziaren (MTZ) z wykorzystaniem wybranych metod i miar, (ii) pokazanie podobieństw i różnic w interpretacji stabilności pomiędzy zastosowanymi metodami i miarami.

MATERIAŁ I METODY

Material

Materiał badawczy stanowiło 36 odmian pszenżyta ozimego $\times$ *Triticosecale* Wittm. zarejestrowanych przez COBORU w latach 1982–1999: Almo, Alzo, Bogo, Chrono, Dagro, Debo, Disco, Domino, Ego, Eldorado, Falko, Fidelio, Grado, Kitaro, Lamberto, Lasko, Malno, Marko, Moniko, Moreno, Mundo, Nemo, Ordo, Origo, Piano, Pinokio,

Prado, Prego, Presto, Pronto, Purdy, Tewo, Tornado, Typo, Ugo, Vero. Doświadczenie jednopowtórzeniowe na poletkach o powierzchni 2 m² przeprowadzono w latach 2001–2004 w Gospodarstwie Doświadczalnym Uniwersytetu Przyrodniczego w Czesławicach k/Nałęczowa. Ze względu na jednorodne warunki siedliskowe i agrotechniczne w czasie prowadzenia doświadczenia przyjęto, że zmienność warunków środowiskowych wynikała jedynie ze zróżnicowania warunków pogodowych w badanych latach. Stąd podjęte badania dotyczą stabilności ważnych dla pszenżyta cech plonotwórczych na warunki pogodowe: masy ziaren z kłosa (MZK) oraz masy tysiąca ziaren (MTZ).

Metody statystyczne

Ze względu na jednopowtórzeniowy układ doświadczalny w każdym roku do oceny stabilności MZK i MTZ wykorzystano metody:

— 1. wykres biplot typu GGE oparty na modelu:

$$X_{ij} - \mu - E_j = G_i + GE_{ij}, \quad (1)$$

gdzie X_{ij} jest wartością cechy dla i -tego genotypu i j -tego środowiska (roku), μ jest średnią ogólną, E_j jest głównym efektem j -tego środowiska (roku), G_i jest głównym efektem i -tego genotypu, GE_{ij} (jest błędem w modelu) jest głównym efektem interakcji i -tego genotypu oraz j -tego środowiska (roku).

Wykres biplot typu GGE wymaga wyznaczenia wartości pierwszych dwóch składowych głównych. Można je obliczyć na podstawie analizy składowych głównych PCA (Principal Components Analysis) (Gabriel, 1971) lub wykorzystując metodę SVD (singular value decomposition) (Rao, 1973). Technika tworzenia oraz szeroka interpretacja wykresów biplot typu GGE została podana w pracach Ukalskiego i in. (2010 a, 2010 b);

— 2. analiza regresji według modelu Eberharta – Russella:

$$Y_{ij} = \frac{X_{i\bullet}}{g} + b_i P_j \quad (2)$$

gdzie Y_{ij} jest szacowaną wartością średnią i -tego genotypu oraz j -tego środowiska (roku), iloraz $X_{i\bullet}/g$ jest wartością średnią i -tego genotypu poprzez badane środowiska (lata), g jest liczbą genotypów, b_i jest współczynnikiem regresji Eberharta – Russella, P_j jest indeksem j -tego środowiska (Sharma, 2006) i równa się:

$$P_j = \frac{X_{\bullet j}}{e} - \mu, \text{ z warunkiem } \sum_{j=1}^e P_j = 0 \quad (3)$$

gdzie iloraz $X_{\bullet j}/e$ jest wartością średnią j -tego środowiska (roku) poprzez badane genotypy, e jest liczbą środowisk (lat),

Z powodu danych jednopowtórzeniowych nie można wyznaczyć średniego kwadratu odchyleń od regresji $s_{d_i}^2$ jak również wariancji stabilności Shukli σ_i^2 (Shukla, 1972);

— 3. wykres współczynnika regresji b_i Eberharta – Russella względem indeksu genotypowego P_i . Gdzie P_i jest indeksem i -tego genotypu (Sharma, 2006) i równa się:

$$P_i = \frac{X_{i\bullet}}{g} - \mu, \text{ z warunkiem } \sum_{i=1}^g P_i = 0 \quad (4)$$

— 4. miarę ekwalencji Wricke'a W_i :

$$W_i = \sum_j (X_{ij} - \frac{X_{i\bullet}}{g} - \frac{X_{\bullet j}}{e} - \mu)^2 \quad (5)$$

— 5. złożony miernik stabilności Hansona D_i :

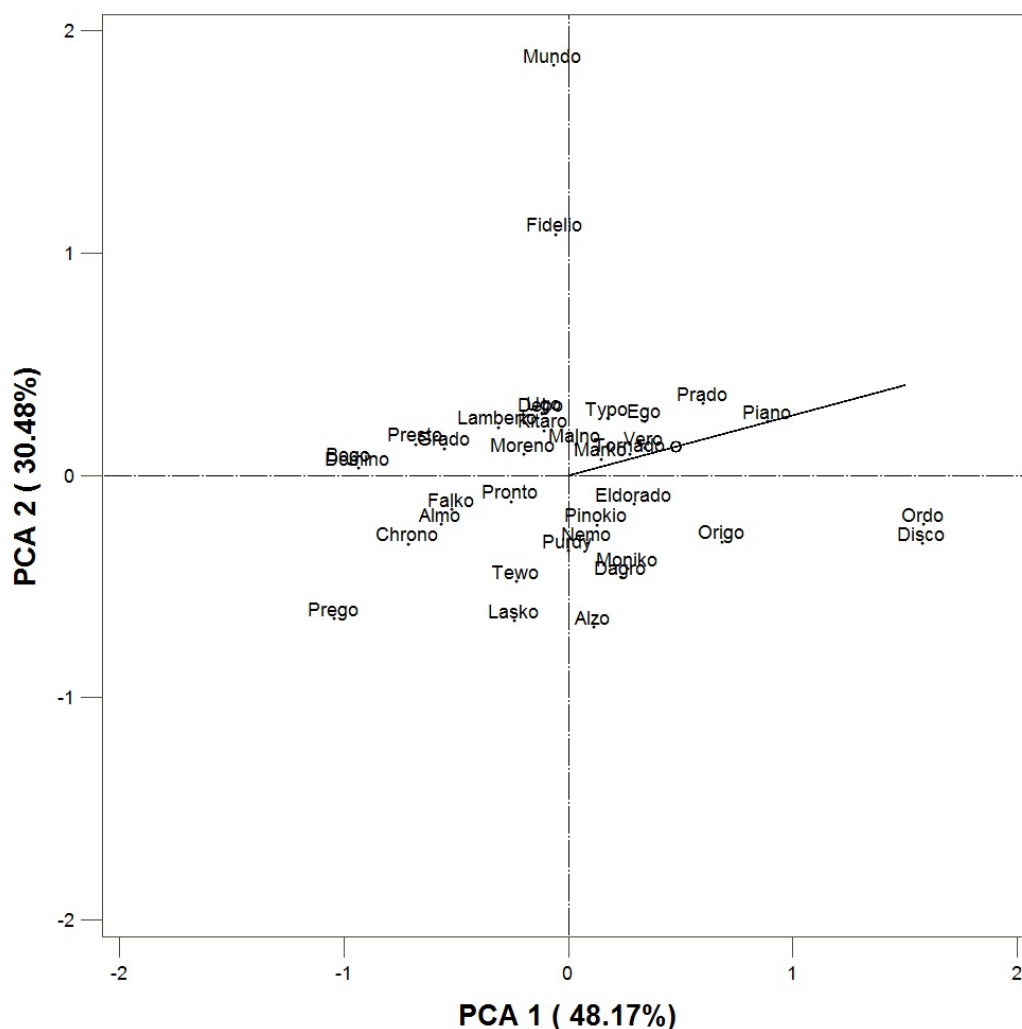
$$D_i = \sqrt{\sum_{j=1}^e \left[X_{ij} + \mu - \frac{X_{i\bullet}}{g} - \frac{X_{\bullet j}}{e} - b_i \left(\frac{X_{\bullet j}}{e} - \mu \right) \right]^2} \quad (6)$$

Obliczenia wartości składowych głównych wykonano za pomocą procedury PRINCOMP programu SAS (SAS Institute Inc., 2008). Otrzymane wyniki dla dwóch pierwszych składowych głównych sprawdzono metodą SVD (Rao, 1973), wykorzystując funkcję SVD programu SAS. Wykresy biplot typu GGE, wykresy regresji oraz współczynników regresji dla modelu Eberharta i Russella wykonano za pomocą procedury GPLOT i makra %ANNOMAC programu SAS (SAS Institute Inc., 2008).

WYNIKI I DYSKUSJA

Analizę składowych głównych wykonano oddzielnie dla każdej z badanych cech. Dla MZK pierwsze dwie składowe główne wyjaśniły łącznie 78,65% procent zmienności całkowitej, z czego składowa główna PCA1 — 48,17%, składowa główna PCA2 — 30,48% (rys. 1). Analogiczne wyniki dla MTZ wyniosły odpowiednio: PCA1 — 58,34%, PCA2 — 30,07%, w sumie 88,41% (rys. 2). Dla obu cech pierwsze dwie składowe główne wyjaśniają więcej niż 70% całkowitej zmienności pomiędzy badanymi odmianami. Wartość 70% została zaproponowana jako graniczna (Jolliffe, 1972) przy ustalaniu potrzebnej ilości składowych głównych do wykonania rzetelnej analizy danych. Zatem można uznać, że wnioski wynikające z wykresów biplot typu GGE dla MZK i MTZ są wystarczająco dokładne.

Na podstawie wyników analizy składowych głównych wykonano wykresy biplot typu GGE (rys. 1, 2). Na każdym wykresie narysowano linię przechodzącą przez początek układu współrzędnych i przez punkt otoczony małym okręgiem. Punkt ten oznacza średnią wartość cechy w całym badanym okresie. Narysowana linia pokazuje średnią zmianę wartości badanej cechy poprzez lata i poziom najlepszej stabilności (minimalny, a nawet zerowy wpływ interakcji genotypowo-środowiskowej).



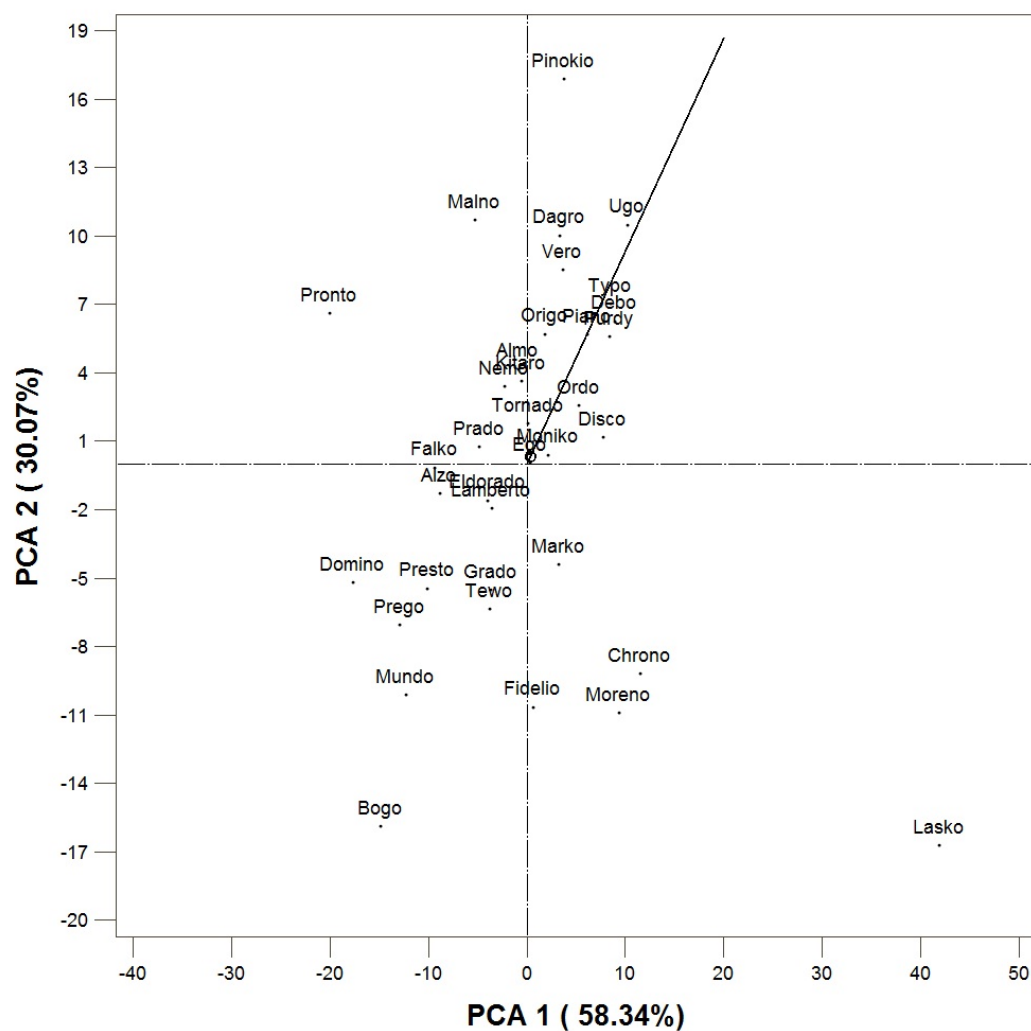
Rys. 1. Biplot GGE dla masy ziaren z kłosa 36 odmian pszenżyta ozimego
Fig. 1. GGE biplot of grain weight per spike for 36 winter triticale varieties

W pierwszej kolejności zostaną przedstawione wyniki dotyczące masy ziaren z kłosa MZK. W celu przedstawienia sposobu interpretacji wykresu biplot wyróżniono następujące grupy odmian (rys. 1):

- grupa I [odmiany o dużych wartościach MZK (wartości PCA1 większe od 0) i stabilne (położone blisko linii przechodzącej przez punkt średniej wartości cechy]: Piano, Vero,
- grupa II [odmiany o małych wartościach MZK (wartości PCA1 mniejsze od 0) i stabilne]: Almo, Chrono,

- grupa III [odmiany o dużych wartościach MZK i niestabilne (położone dalej od linii przechodzącej przez punkt średniej wartości cechy)]: Mundo, Fidelio, Ordo, Disco,
- grupa IV [odmiany o małych wartościach MZK i niestabilne]: Lasko.

Stabilność pozostałych odmian pod względem MZK podano w tabeli 1.



Rys. 2. Biplot GGE dla masy 1000 ziaren 36 odmian pszenżyta ozimego
Fig. 2. GGE biplot of 1000-grains weight for 36 winter triticale varieties

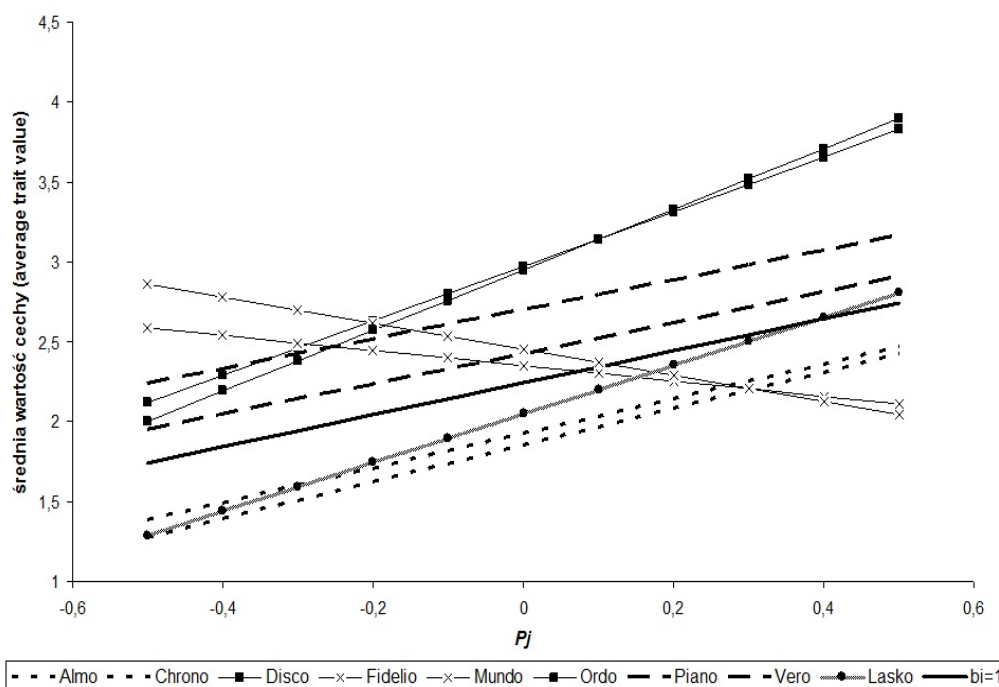
Tabela 1

Parametry stabilności dla 36 odmian pszenżyta ozimego dla masy ziaren z kłosa (MZK) i masy 1000 ziaren (MTZ). ¹ S — stabilna, NS — niestabilna, AS — „średnio” stabilna
Stability parameters of grain weight per spike (MZK) and 1000-grains weight (MTZ) for 36 winter triticale varieties; ¹ S — stable, NS — unstable, AS — “average” stable

Odmiana Variety	Biplot typu GGE GGE biplot				Regresja Eberhart – Russella Eberhart – Russell regression				Ekowalencja Wricke’a Wricke ecovalance		Współczynnik Hansona Hanson’s parameter	
	wartość cechy trait’s value		stabilność stability		b_i		P_i		W_i [%]		D_i	
	MZK	MTZ	MZK	MTZ	MZK	MTZ	MZK	MTZ	MZK	MTZ	MZK	MTZ
Almo	N ²	S	S ¹	AS	1,09	1,36	-0,32	0,22	0,39	2,73	0,73	8,68
Alzo	S	N	NS	AS	1,86	0,63	-0,02	-3,64	4,44	2,39	0,78	7,28
Bogo	N	N	AS	AS	0,63	0,78	-0,49	-11,18	2,09	1,66	0,82	17,65
Chrono	N	W	S	NS	1,15	1,22	-0,39	1,48	0,13	2,93	0,91	15,88
Dagro	S	S	AS	AS	1,58	1,78	0,06	3,86	1,85	3,09	0,53	16,29
Debo	S	W	AS	S	0,66	1,27	-0,02	4,90	0,71	3,27	0,31	13,76
Disco	W	W	NS	AS	1,71	0,48	0,73	3,57	4,00	3,20	2,61	6,69
Domino	N	N	AS	AS	0,58	-0,50	-0,42	-7,35	2,95	2,17	0,80	14,99
Ego	W	S	S	S	0,77	1,30	0,21	-0,03	0,44	2,69	0,40	2,01
Eldorado	W	S	AS	AS	1,14	0,91	0,13	-2,00	0,60	2,52	0,42	4,04
Falko	N	N	S	AS	1,22	1,32	-0,27	-3,46	1,71	2,35	0,82	12,08
Fidelio	W	S	NS	AS	-0,48	1,31	0,11	-2,88	10,73	2,43	1,22	14,41
Grado	N	S	AS	AS	0,55	0,25	-0,24	-2,96	1,26	2,50	0,50	5,51
Kitaro	S	S	AS	AS	0,83	1,17	-0,04	1,00	1,12	2,82	0,40	4,15
Lamberto	N	S	AS	S	0,36	-0,33	-0,09	-1,26	4,86	2,76	0,82	8,89
Lasko	S	W	NS	NS	1,52	1,51	-0,19	9,37	3,05	4,24	0,87	49,79
Malno	S	N	S	NS	0,86	1,92	0,06	1,29	1,42	2,81	0,45	14,16
Marko	S	S	S	AS	0,80	1,99	0,03	-1,02	6,55	2,53	0,95	9,26
Moniko	W	S	AS	S	1,31	1,11	0,06	0,26	4,15	2,76	0,77	7,20
Moreno	S	W	S	NS	0,90	1,18	-0,07	-0,49	0,98	2,71	0,39	14,44
Mundo	W	N	NS	S	-0,82	0,40	0,21	-7,20	25,84	2,07	1,91	9,94
Nemo	S	S	AS	AS	1,41	1,17	0,01	0,11	0,90	2,73	0,35	4,44
Ordo	W	W	NS	AS	1,89	0,84	0,71	2,73	5,62	3,06	2,82	5,83
Origo	W	S	AS	AS	1,60	0,71	0,28	2,95	1,92	3,10	1,04	5,52
Piano	W	W	S	S	0,93	1,48	0,46	4,25	0,22	3,16	0,86	13,31
Pinokio	S	S	AS	NS	1,28	0,88	0,06	6,90	1,83	3,58	0,52	16,59
Prado	W	S	AS	AS	0,90	0,84	0,33	-1,39	0,39	2,60	0,64	4,82
Prego	N	N	AS	AS	1,42	0,84	-0,59	-7,64	0,89	1,98	1,72	13,91
Presto	N	N	AS	AS	0,61	0,29	-0,29	-5,13	1,53	2,27	0,58	6,70
Pronto	N	N	S	NS	1,29	0,42	-0,14	-4,32	1,80	2,44	0,62	20,37
Purdy	S	W	AS	AS	1,50	1,58	-0,04	5,12	1,29	3,25	0,44	17,15
Tewo	S	S	AS	AS	1,62	1,37	-0,19	-3,77	2,39	2,29	0,85	10,94
Tornado	W	S	S	S	0,96	1,27	0,13	0,57	0,37	2,76	0,34	2,85
Typo	S	W	AS	S	0,84	1,27	0,11	5,20	0,69	3,30	0,36	13,74
Ugo	S	W	AS	S	0,58	1,23	-0,02	7,12	0,90	3,53	0,35	17,90
Vero	W	S	S	AS	0,95	0,73	0,18	4,85	0,01	3,32	0,35	9,04
Min.					-0,82	-0,5	-0,59	-11,18	0,01	1,66	0,31	2,01
Max.					1,89	1,99	0,73	9,37	25,84	4,24	2,82	49,79

² – N – niska, low; S – średnia, average; W – wysoka, high

Dla wydzielonych za pomocą metody biplot grup odmian I–IV wykonano wykres funkcji regresji według modelu Eberharta i Russella (rys. 3). Nie prezentujemy wykresu dla wszystkich odmian ze względu na jego nieczytelność.

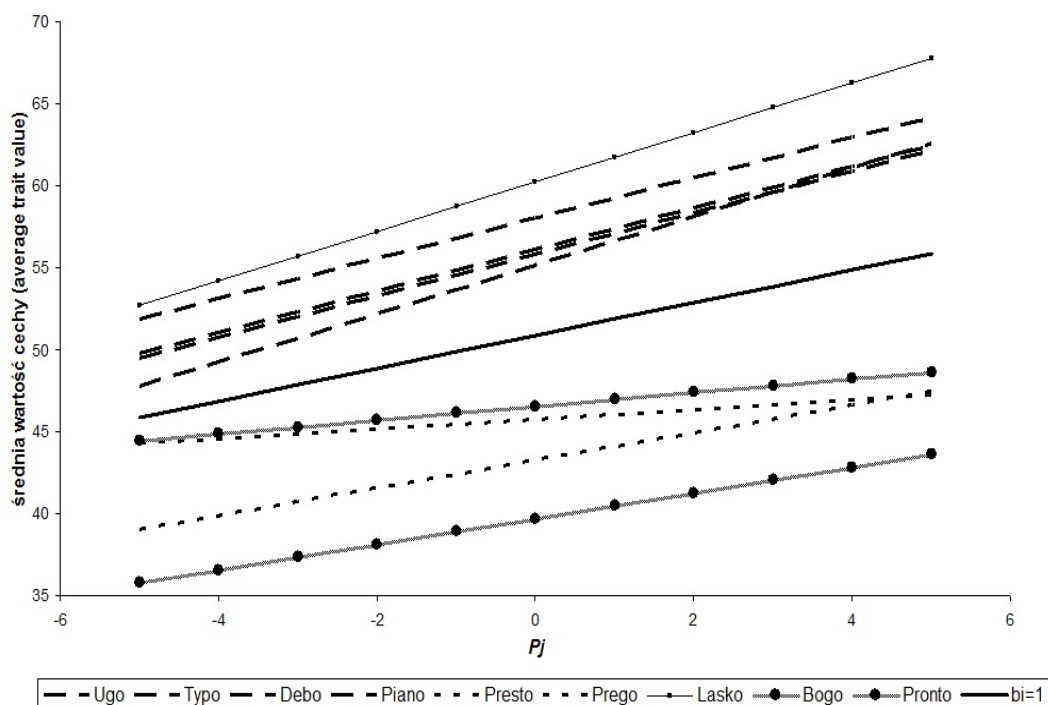


Rys. 3. Wykres regresji Eberhart – Russella dla masy ziaren z kłosa dla wybranych odmian pszenżyta ozimego

Fig. 3. Eberhart – Russell regression plot of grain weight per spike for chosen winter triticale varieties

Interpretacja wykresu polega na porównaniu przebiegu prostych regresji dla odmian do prostej regresji dla $b_i=1$ (przypadek idealnej stabilności poprzez badane lata). Wyznaczone linie dla odmian Piano i Vero (grupa I) są prawie równoległe do linii $b_i=1$, zatem są to odmiany stabilne, a także są położone powyżej niej, co oznacza, że charakteryzują się wartościami MZK powyżej średniej ogólnej w kolejnych latach. Proste regresji dla odmian Almo i Chrono (grupa II) są również prawie równoległe do linii $b_i=1$ (są to odmiany stabilne), ale są położone poniżej niej, zatem odmiany te przyjmują wartości MZK poniżej średniej ogólnej w kolejnych latach. Proste regresji dla odmian Mundo, Fidelio, Ordo i Disco (grupa III) nie są równoległe do linii $b_i=1$ (są to odmiany niestabilne). Dodatkowo Disco i Ordo osiągają coraz większe wartości MZK dla kolejnych lat (zwiększające się pochylenie linii w stosunku do linii $b_i=1$), w których warunki pogodowe sprzyjają wzrostowi wartości MZK dla wszystkich odmian (co pokazuje pochylenie linii $b_i=1$). Natomiast MZK odmian Mundo i Fidelio jest coraz mniejsza (dla tych odmian $b_i<0$), co wskazuje na to, że odmiany te osiągają duże wartości MZK w niekorzystnych warunkach pogodowych. Odmiany niestabilne, o małych wartościach MZK reprezentuje odmiana

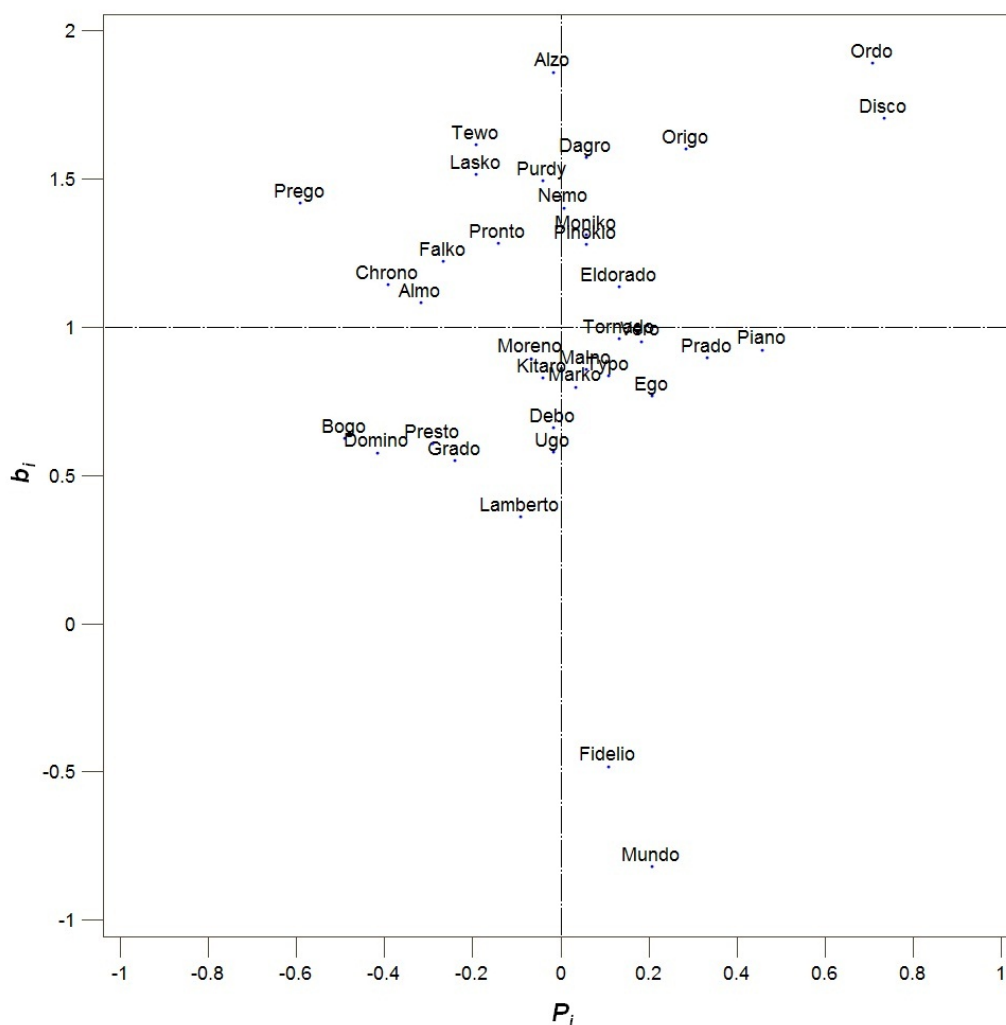
Lasko (grupa IV). Prosta regresji dla tej odmiany w większej części przebiega pod linią $b_i=1$ i ma od niej większe nachylenie.



Rys. 4. Wykres regresji Eberhart – Russella dla masy 1000 ziaren dla wybranych odmian pszenżyta ozimego

Fig. 4. Eberhart – Russell regression plot of 1000-grains weight for chosen winter triticale varieties

Na wykresie współczynników regresji Eberharta – Russella względem indeksu genotypowego P_i (rys. 5) odmiany stabilne są położone blisko linii poziomej dla współczynnika regresji $b_i=1$. Dla odmiany osiągających wysokie wartości badanej cechy wartości indeksów genotypowych P_i są dużo większe od 0. Natomiast dla odmian o niskich wartościach cechy $P_i < 0$. Odmiany Piano i Vero (grupa I) są stabilne (leżą blisko linii poziomej $b_i=1$) i przyjmują duże wartości MZK ($P_i > 0$). Odmiany z grupy III są najbardziej oddalone od linii $b_i=1$, ale ich położenie jest różne. Dla odmian Ordo i Disco współczynniki regresji $b_i > 1$, co wcześniej zostało zinterpretowane przy wykresach regresji Eberharta – Russella (rys. 3), natomiast dla odmian Mundo i Fidelio $b_i < 1$ (również w tym przypadku opis pozostaje taki sam, jak dla wykresów regresji). Wartości b_i i P_i dla wszystkich odmian umieszczono w tabeli 1.



Rys. 5. Porównanie wartości współczynnika regresji Eberharta – Russella b_i z indeksem genotypowym P_i dla masy ziaren z kłosa dla 36 odmian pszenżyta ozimego

Fig. 5. The comparison between Eberhart – Russell regression coefficient b_i and genotype index P_i of grain weight per spike for 36 winter triticale varieties

Miara ekowalencji Wricke'a W_i (tab. 1) pokazuje udział każdej odmiany w całkowitej sumie kwadratów dla interakcji genotypowo-środowiskowej $G \times E$. W celu uproszczenia interpretacji wyników wartości W_i przedstawiono w procentach (Sharma, 2006). Wartości W_i bliskie 0% wskazują odmiany stabilne. Dla odmian z grup I–IV, wskazanych jako stabilne pod względem MZK przez wyżej opisane miary, otrzymano wyniki: Piano ($W_i=0,22\%$), Vero ($W_i=0,01\%$), Almo ($W_i=0,39\%$), Chrono ($W_i=0,13\%$), co potwierdza

stabilność tych odmian na warunki pogodowe. Natomiast dla odmian wskazanych wyżej jako niestabilne otrzymano wartości: Mundo ($W_i = 25,84\%$), Fidelio ($W_i = 10,73\%$), Ordo ($W_i = 5,62\%$), Disco ($W_i = 4,00\%$), Lasko ($W_i = 3,05\%$), co potwierdza wcześniej uzyskane wyniki. Wartości ekowalencji Wricke'a (W_i) dla pozostałych odmian zamieszczono w tabeli 1.

Złożony miernik stabilności Hansona D_i (tab. 1) pokazuje dla każdej odmiany różnicę pomiędzy zmiennością pochodzącą od interakcji genotypowo-środowiskowej $G \times E$ a wyrażoną poprzez wartości współczynnika regresji Eberharta i Russella b_i . Im wartość D_i jest mniejsza na tle wyników dla pozostałych obiektów, tym odmiana jest bardziej stabilna. Dla odmian z grup I i II (stabilnych względem MZK) otrzymano wartości D_i : Piano $D_i = 0,86$, Vero $D_i < 0,01$, Almo $D_i = 0,06$, Chrono $D_i = 0,03$, co potwierdza stabilność tych odmian określoną również za pomocą tego parametru. Dla odmian niestabilnych (grupa III i IV) stwierdzono odpowiednio: Mundo $D_i = 3,46$, Fidelio $D_i = 1,4$, Ordo $D_i = 0,82$, Disco $D_i = 0,58$, Lasko $D_i = 0,87$. Wyliczone wartości złożonego miernika stabilności Hansona D_i dla pozostałych odmian przedstawiono w tabeli 1.

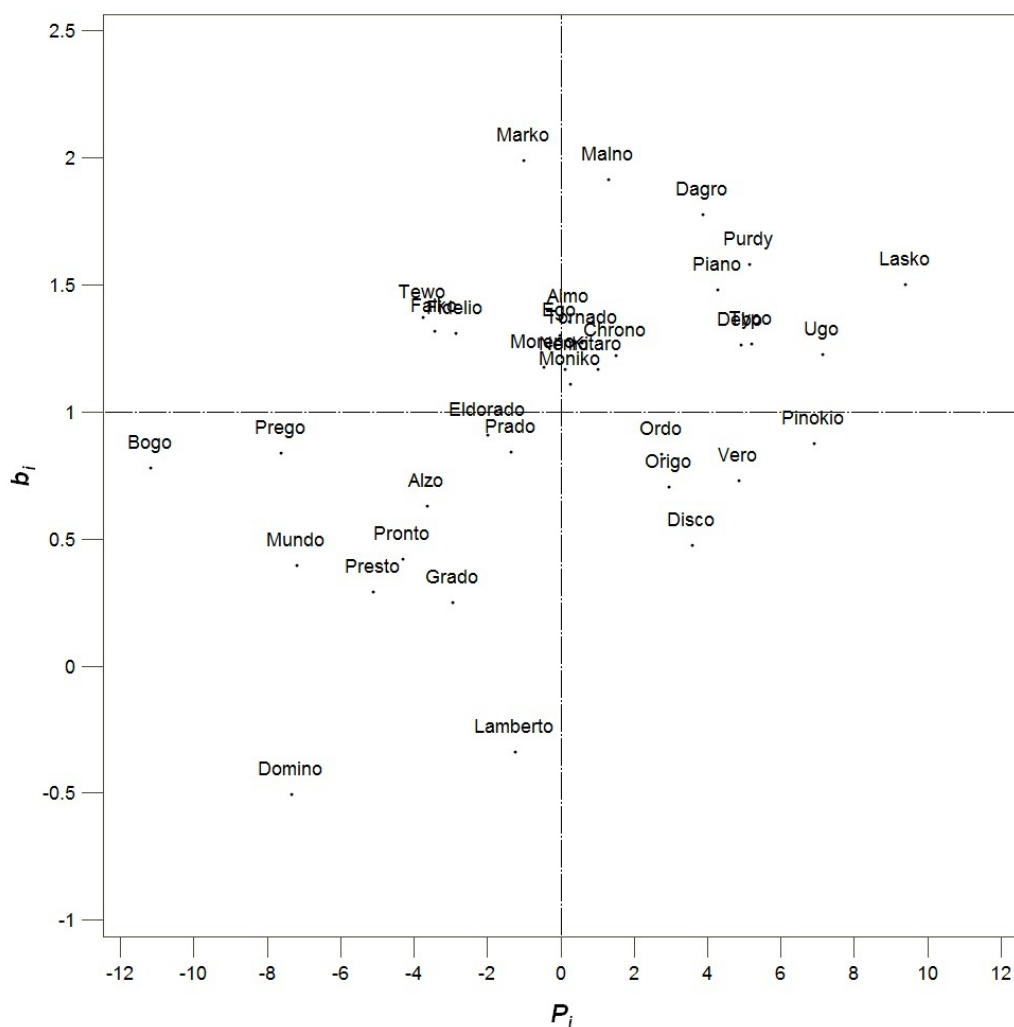
Wyniki uzyskane czterema prezentowanymi metodami badania stabilności MZK dla odmian z grup I–IV są całkowicie zbieżne. Jednakże odmiany, których położenie na wykresie biplot typu GGE nie wskazuje jednoznacznie na ich stabilność lub niestabilność, mogą zostać określone jako stabilne lub niestabilne przez pozostałe parametry prezentowane w pracy. Przykładem jest odmiana Lamberto, której położenie na wykresie biplot dla MZK wskazuje na jej „średnią” stabilność (oznaczenie AS w tab. 1), natomiast wartości współczynnika regresji Eberharta i Russella $b_i = 0,36$ oraz ekowalencji Wricke'a $W_i = 4,86\%$ wskazują na jej labilność.

Dla masy 1000 ziaren MTZ, analogicznie jak dla MZK, wyznaczono cztery grupy odmian na podstawie wykresu biplot typu GGE (rys. 2):

- grupa I (odmiany o dużych wartościach MTZ i stabilne): Ugo, Typo, Debo, Piano,
- grupa II (odmiany o małych wartościach MTZ i stabilne): Presto, Prego,
- grupa III (odmiany o dużych wartościach MTZ i niestabilne): Lasko,
- grupa IV (odmiany o małych wartościach MTZ i niestabilne): Bogo, Pronto.

Wykres funkcji regresji według modelu Eberharta – Russella (rys. 4) oraz wykres regresji Eberharta – Russella względem indeksu genotypowego P_i (rys. 6) dla wydzielonych grup odmian I–IV nie potwierdzają całkowicie wyników uzyskanych za pomocą metody biplot. Wyniki dotyczące grupy I są zbieżne. Dla odmiany Prego z grupy II wyniki są zgodne, natomiast odmiana Presto według regresji Eberharta – Russella jest niestabilna. Podobnie częściowa niezgodność wystąpiła w grupie IV. Odmiana Bogo według regresji Eberharta – Russella jest odmianą stabilną, podobnie jak odmiana Lasko określona przez biplot jako bardzo niestabilna.

Wartości ekowalencji Wricke'a W_i (tab. 1) dla wszystkich badanych odmian są dość wyrównane (min $W_i = 1,7\%$, max $W_i = 4,2\%$). Odmiany z grupy I zostały uznane jako „średnio” stabilne, a z grupy II i IV jako stabilne. Natomiast wartość W_i dla odmiany Lasko potwierdza wynik uzyskany na podstawie biplotu typu GGE.



Rys. 6. Porównanie wartości Współczynnika regresji Eberharta – Russella b_i z indeksem genotypowym P_i dla masy 1000 ziaren dla 36 odmian pszenżyta ozimego

Fig. 6. The comparison between Eberhart – Russell regression coefficient b_i and genotype index P_i of 1000-grains weight for 36 winter triticale varieties

Złożony miernik stabilności Hansona D_i (tab. 1) nie potwierdza stabilności odmian z grupy I oraz odmiany Prego z grupy II. Natomiast potwierdza niestabilność odmian z grupy III i IV.

Wartości wyznaczanych parametrów stabilności dla pozostałych odmian są podane w tabeli 1.

Metody badania stabilności dają często rozbieżne wyniki (Becker i Leon, 1988). W celu rzetelnej oceny stabilności obiektów wskazane jest jednocześnie stosowanie kilku miar opartych na różnych modelach statystycznych. Do analizy tych samych danych doświadczalnych badacze zwykle stosują kilka metod jednowymiarowych łącząc metody parametryczne z nieparametrycznymi (Bhargava i in., 2008; Bujak i in., 2008; Mohammadi i Amri, 2008; Mut i in., 2010; Ukalska i in., 2011). Metody jednowymiarowe badania stabilności są dosyć często stosowane. Jak pokazano w pracy metody jednowymiarowe z powodzeniem można łączyć również z metodami wielowymiarowymi. Takie podejście zastosowali Alwala i in. (2010), którzy analizowali podobieństwo wyników uzyskanych metodą biplot GGE z modelem regresji Eberharta – Russella.

WNIOSKI

1. Wśród 36 odmian pszenżyta ozimego zarejestrowanych przez COBORU w latach 1982–1999 odmianami stabilnymi na warunki pogodowe osiągającymi wysokie wartości masy ziaren z kłosa były: Piano, Vero i Tornado. Natomiast odmiany Mundo, Fidelio, Ordo i Disco były niestabilne, ale charakteryzowały się dużymi wartościami masy ziaren z kłosa.
2. Odmiany Mundo i Fidelio niestabilne pod względem masy ziaren z kłosa osiągały większe wartości tej cechy w niekorzystnych warunkach pogodowych.
3. Pod względem masy 1000 ziaren, odmianami stabilnymi i osiągającymi duże wartości badanej cechy były Ugo, Typo, Debo i Piano. Natomiast odmiana Lasko o najwyższych wartościach masy 1000 ziaren była odmianą niestabilną.
4. Odmiana Piano była stabilna i przyjmowała duże wartości obu badanych cech plonotwórczych. Podobnie stabilne odmiany Ego i Tornado przyjmujące duże wartości masy ziaren z kłosa i średnie wartości masy 1000 ziaren.
5. Zastosowane metody badania stabilności nie zawsze dają zgodne wyniki, gdyż oparte są na dwóch różnych modelach: modelu addytywnym będącym podstawą dla wykresów biplot typu GGE i miary ekowalencji Wricke’a oraz modelu Eberharta – Russella, który wykorzystywany jest przez złożony miernik stabilności Hansona. Przy wyznaczaniu obiektów stabilnych wskazane jest korzystanie z kilku metod badania stabilności. Jak pokazano w pracy metody jednowymiarowe można stosować jednocześnie z metodami wielowymiarowymi.

LITERATURA

- Alwala S., Kwolek T., McPherson M., Pellow J., Meyer D. 2010. A comprehensive comparison between Eberhart and Russell joint regression and GGE biplot analyses to identify stable and high yielding maize hybrids. *Field Crops Research* 119: 225 — 230.
- Bhargava A., Shukla S., Ohri D. 2008. Genotype $\times$ environment interaction studies in *Chenopodium album* L.: an underutilized crop with promising potential. *Communications in Biometry and Crop Science* 3 (1): 3 — 15.
- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2008. Ocena stabilności plonowania odmian żyta ozimego na podstawie parametrycznych i nieparametrycznych metod. *Biul. IHAR* 250: 189 — 201.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36 — 40.

- Finlay K. W., Wilkinson G. N. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding programmes. J. Agric. Res. 14: 742 — 754.
- Gabriel K. R. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. Biometrika 58: 453 — 467.
- Gauch jr. H. G. 1992. Statistical analysis for regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs. Elsevier, Amsterdam, The Netherlands.
- Hanson W. D. 1970. Genotypic stability. Theor. Appl. Genet. 40: 226 — 231.
- Jolliffe I. T. 1972. Discarding variables in a principal component analysis. I: Artificial data. applied statistics 21: 160 — 173.
- Kang M. S. 1993. Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: consequences for growers. Agron. J. 85: 754 — 757.
- Lin C. S., Binns M. R., Lefkovitch L. P. 1986. Stability analysis: where do we stand. Crop Sci. 26: 894 — 900.
- Mohammadi R., Amri A. 2008. Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. Euphytica 159: 419 — 432.
- Mut Z., Gülümser A., Sirat A. 2010. Comparison of stability statistics for yield in barley (*Hordeum vulgare* L.). African Journal of Biotechnology 9 (11): 1610 — 1618.
- SAS Institute Inc., 2008. SAS/STAT® 9.2 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Perkins J. M., Jinks J. L. 1968. Environmental and genotype-environmental components of variability III. Multiple lines and crosses. Heredity 23: 339 — 356.
- Rao C. R. 1973. Linear Statistical Inference and Its Applications. John Wiley & Sons, Inc., New York.
- Sharma J. R. 2006. Statistical and biometrical techniques in plant breeding. New Age International.
- Shukla G. K. 1972. Some aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. Heredity 28: 237 — 245.
- Ukalska J., Śmiałowski T., Ukalski K. 2011. Porównanie parametrycznych i nieparametrycznych miar stabilności na podstawie wyników doświadczeń wstępnych z żytem ozimym. Biul. IHAR 260/261: 263 — 272.
- Ukalski K., Śmiałowski T., Ukalska J. 2010 a. Analysis of oat yield environments using graphical GGE method. Colloquium Biometricum 40: 81 — 93.
- Ukalski K., Śmiałowski T., Ukalska J. 2010 b. Analiza plonowania i stabilności genotypów owsa za pomocą metody graficznej typu GGE. Żywność. Nauka, Technologia, Jakość R. 17, 3: 127 — 140.
- Wricke G., 1962. Über eine Methode zur Erfassung der Ökologischen Streubreite in Feldversuchen. Z. Pflanzenzucht. 47: 92 — 96.
- 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.
- Yates F., Cochran W. G. 1938. The analysis groups of experiments. J. Agric. Sci. 28: 556 — 580.

HENRYK BUJAK¹**ANNA TRATWAŁ**²**FELICYTA WALCZAK**²¹ Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu² Instytut Ochrony Roślin — PIB w Poznaniu

Reakcja odmian pszenżyta ozimego na warunki środowiskowe Wielkopolski przy dwóch poziomach intensywności agrotechniki*

The reaction of winter triticale varieties, grown using two levels of cultivation intensity, to Wielkopolska environmental conditions

W ramach Porejestrowanego Doświadczalnictwa Odmianowego w Wielkopolsce podjęto próbę analizy interakcji odmian pszenżyta ozimego z warunkami glebowo-klimatycznymi dla plonu oraz masy tysiąca ziaren. Materiałem badawczym były odmiany przyjęte do doświadczeń w latach 2008–2010. Doświadczenia polowe z badanymi odmianami zostały założone w siedmiu miejscowościach (Kościelna Wieś, Nowa Wieś Ujska, Winna Góra, Choryń, Borowo, Bobrowniki, Śrem) na dwóch poziomach agrotechniki — standardowym (a1) i intensywnym (a2). Do analizy interakcji genotypowo-środowiskowej wybrano 10 odmian, które powtarzały się we wszystkich latach badań. Wyniki z poszczególnych lat i miejscowości poddano obliczeniom statystycznym dla serii doświadczeń odmianowych. Na podstawie przeprowadzonych badań stwierdzono istotne zróżnicowanie plonu oraz masy tysiąca ziaren odmian pszenżyta ozimego, zróżnicowanie lat, miejscowości oraz istotną interakcję genotypowo-środowiskową na obydwu poziomach agrotechniki. Zarówno w standardowych, jak i intensywnych warunkach agrotechniki, najwyższą plonującą była odmiana Algoso.

Słowa kluczowe: interakcja genotypowo-środowiskowa, masa 1000 ziaren, odmiana, plonowanie, pszenżyto ozime, stabilność plonowania

Within the Post-Registration Trials in Wielkopolska we made an attempt to analyze the effects of interaction between triticale varieties and soil and climatic conditions on yield and 1000 grain weight. The research materials were varieties admitted to experiments in the years 2008–2010. Field experiments with these varieties were established in seven locations (Kościelna Wieś, Nowa Wieś Ujska, Winna Góra, Choryń, Borowo, Bobrowniki, Śrem) at two levels of cultivation intensity — standard (a1) and intensive (a2). For analysis of genotype-environment interactions we selected 10 varieties that were repeated in all the years. Results from all experiments were statistically analyzed according to the method for a series of varietal experiments. We found significant differences in yield and 1000 grain weight of winter triticale varieties, the years and locations differed from each other and

* Praca wykonana w ramach Krajowego Programu Porejestrowanego Doświadczalnictwa Odmianowego koordynowanego przez COBORU

we detected a significant genotype-environment interactions at both levels of cultivation. Variety Algo produced the highest yield in both standard and intensive crop management conditions.

Key words: 1000 grain weight, cultivar, genotype-environment interaction, winter triticale, yield, yielding stability

WSTĘP

Badania prowadzone w systemie Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) ukierunkowane są na potrzeby praktyki rolniczej. Głównym celem badań PDO jest ułatwienie rolnikom trafnego doboru najwartościowszych odmian do uprawy, dostosowanych do lokalnych warunków. Dzięki wynikom uzyskiwanym z wielu miejscowości przez okres co najmniej trzech lat zainicjowany został proces tworzenia „List Zalecanych Odmian” (LZO) do uprawy na obszarze każdego województwa. Listy te zawierają od kilku do kilkunastu odmian danego gatunku rośliny uprawnej, które w trakcie, co najmniej dwuletniego okresu badań w województwie okazały się najwartościowsze i najbardziej dostosowane do lokalnych warunków gospodarowania. Rolnicy mają zapewnioną ciągłą informację o wartości gospodarczej odmian, w tym również ich reakcji na różne czynniki agrotechniczne, co znacznie ułatwia plantatorom wybór właściwych odmian uprawianego gatunku rośliny uprawnej (Gacek, 1998; Gacek i Behenke, 2006).

Wyniki prowadzonych badań pozwalają ponadto na analizę interakcji genotypowo-środowiskowej oraz podział odmian pod względem ich stabilności plonowania w różnych warunkach glebowo-klimatycznych. W tym celu wykorzystuje się zarówno parametryczne, jak i nieparametryczne metody szacowania stabilności, jednak najlepsze wydają się te, które łączą ocenę zmienności plonowania oraz średnie plony badanych odmian (Bujak i in., 2008 a, 2008 b; Bujak i Tratwal, 2011; Iwańska i in., 2009; Mądry 2002; 2003; Rajfura i Mądry, 2001).

W literaturze można znaleźć szereg prac dotyczących badania interakcji genotypowo-środowiskowych różnych gatunków roślin uprawnych, między innymi, pszenicy (Drzazga i in., 2009; Derejko i in., 2011; Iwańska i in., 2009; Rajfura i Mądry, 2001; Weber i Zalewski, 2006; Weber i in., 2009; 2011 a, 2011 b), żyta (Bujak i in., 2006 a,b, 2008 a,b; Bujak i Dopierała, 2007; Dopierała i in., 2003), rzepaku (Bujak i in., 2006 b, 2008 c) oraz jęczmienia (Bujak i in., 2003;), natomiast brak jest prac, w których poruszana jest ta tematyka dotyczących pszenżyta.

Celem badań była analiza interakcji odmian pszenżyta ozimego z warunkami glebowo-klimatycznymi Wielkopolski dla plonu i masy tysiąca ziaren oraz próba oceny stabilności plonowania badanych odmian.

MATERIAŁ I METODY

Materiałem badawczym były odmiany pszenżyta ozimego przyjęte do badań w ramach Porejestrowego Doświadczalnictwa Odmianowego (PDO) na terenie województwa wielkopolskiego. Ścisłe doświadczenia polowe były zakładane na terenie siedmiu miejscowości w kolejnych trzech sezonach wegetacyjnych (2007/08, 2008/09, 2009/2010), metodą split-block w dwóch powtórzeniach. Stosowano dwa poziomy intensywności

uprawy standardowy (a1) i intensywny (a2). Warunki glebowe pomiędzy poszczególnymi miejscowościami były zróżnicowane, a gleby zaliczono do klas bonitacyjnych od II do IVa: Kościelna Wieś — klasa bonitacyjna gleb IIIa, Bobrowniki — klasa bonitacyjna gleb IVa, Śrem — klasa bonitacyjna gleb IIIb, Nowa Wieś Ujska — klasa bonitacyjna gleb IVa, Borowo — klasa bonitacyjna gleb II, Choryń — klasa bonitacyjna gleb IIIa, Winna Góra — klasa bonitacyjna gleb IIIa.

W tabelach 1 i 2 zestawiono średnie miesięczne temperatury i sumy opadów w poszczególnych miejscowościach w latach 2007–2010. W sezonie wegetacyjnym 2007/08 siewy odmian pszenżyta ozimego przeprowadzono w korzystnych warunkach agrometeorologicznych, co sprzyjało kiełkowaniu i wzrostowi roślin. Warunki w zimie 2007/2008 na ogół były sprzyjające, duże spadki temperatury były krótkotrwałe i nie wyrządziły większych szkód. Niekorzystnie na zasiewy wpłynęły duże niedobory wilgoci przy intensywnym nasłonecznieniu i wysokich temperaturach powietrza od końca maja i w czerwcu, a intensywne opady deszczu, również o charakterze burzowym, w okresie żniw powodowały opóźnienia i utrudniały zbiór.

Tabela 1

Średnia miesięczna temperatura powietrza (w °C) w sezonach wegetacyjnych 2007–2010
Average month air temperature (°C) in vegetation seasons 2007–2010

Miejscowość Location	2007					2008						
	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Kościelna Wieś	19,0	13,4	8,0	2,5	0,8	2,4	3,7	4,6	8,9	14,3	19,2	20,0
Nowa Wieś Ujska	18,1	12,6	7,2	2,0	1,0	1,5	3,6	3,5	7,7	13,6	17,4	18,8
Winna Góra	18,4	12,9	7,5	2,2	0,8	1,6	3,5	3,8	8,1	13,8	18,2	19,6
Choryń	18,9	12,9	7,4	2,3	1,0	1,9	3,9	4,1	8,5	14,2	18,5	19,5
Borowo	19,9	13,9	8,3	2,7	1,4	2,2	4,1	4,0	8,8	14,6	19,0	20,2
Bobrowniki	17,8	12,4	7,0	1,9	0,8	1,1	3,4	3,2	7,6	13,3	17,5	18,7
Śrem Wójtostwo	19,0	13,7	8,2	2,6	1,2	2,4	4,1	4,3	8,9	14,7	19,1	20,3
	2008					2009						
	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Kościelna Wieś	19,1	13,4	9,7	5,9	1,7	-3,1	-0,5	3,3	10,5	13,3	15,3	19,2
Nowa Wieś Ujska	17,7	12,5	8,7	4,5	0,5	-3,1	-1,1	3,0	10,5	12,5	15,0	19,0
Winna Góra	18,4	12,9	9,1	5,3	1,0	-3,3	-0,4	3,6	11,1	13,3	15,8	19,3
Choryń	18,5	13,1	9,3	5,2	1,2	-3,1	-0,4	3,8	11,2	13,5	15,9	19,1
Borowo	18,9	13,2	9,7	5,4	1,0	-2,9	-0,2	4,2	11,7	14,1	16,3	19,1
Bobrowniki	17,4	12,6	8,2	4,6	0,5	-3,6	-0,9	3,1	10,1	12,5	15,1	18,9
Śrem Wójtostwo	19,4	13,5	9,8	5,7	1,3	-2,9	-0,1	4,0	11,5	13,8	16,1	20,2
	2009					2010						
	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Kościelna Wieś	18,6	15,0	7,1	5,8	-0,8	-7,4	-1,6	3,5	8,9	12,4	17,2	21,0
Nowa Wieś Ujska	18,8	14,3	6,5	5,7	-1,2	-7,7	-2,1	2,6	7,9	11,0	16,8	21,8
Winna Góra	18,9	14,6	7,1	5,8	-1,1	-7,3	-2,1	3,3	8,6	11,9	17,4	22,0
Choryń	18,8	15,1	7,2	6,1	-0,6	-7,2	-2,0	3,2	8,4	11,8	18,2	22,3
Borowo	19,8	15,5	7,5	6,6	-0,7	-7,0	-1,6	3,7	9,1	12,2	18,1	22,3
Bobrowniki	18,6	13,7	6,7	5,4	-1,3	-7,5	-1,8	2,5	7,8	11,2	16,5	21,5
Śrem Wójtostwo	19,7	15,5	7,4	6,4	-0,8	-6,8	-1,5	3,8	9,2	12,4	18,0	22,4

W drugim roku badań (sezon 2008/2009) siewy odmian pszenżyta ozimego przeprowadzono w okresie zróżnicowanych, ale na ogół korzystnych warunkach agrometeorologicznych. Warunki agrometeorologiczne w zimie 2008/2009 na ogół były sprzyjające i nie wyrządziły znaczących uszkodzeń roślinom. Niedostateczne uwilgotnienie gleby od

połowy kwietnia spowodowało pogorszenie stanu roślin. W pierwszej połowie czerwca napływ chłodnego powietrza przyczynił się do przejściowego zwolnienia tempa wzrostu i rozwoju odmian pszenżyta ozimego, jednak występujące od trzeciej dekady maja i w czerwcu opady poprawiły stan uwilgotnienia gleby i wpłynęły na dobry rozwój roślin.

Tabela 2

Średnia miesięczne opady (mm) w sezonach wegetacyjnych 2007–2010
Average month rainfall (mm) in vegetation seasons 2007–2010

Miejscowość Location	2007					2008						
	VIII	IX	X	XI	XII	I	II	III	IV	V	VI	VII
Kościelna Wieś	45	13	19	29	14	47	22	50	34	11	7	39
Nowa Wieś Ujska	59	43	18	46	35	61	24	49	83	9	18	44
Winna Góra	65	21	13	53	31	88	22	41	34	16	6	73
Choryń	49	35	15	33	30	72	23	42	41	11	8	52
Borowo	46	25	13	32	24	74	25	36	39	19	10	45
Bobrowniki	33	39	26	42	38	70	25	49	54	10	16	72
Śrem Wójtostwo	48	23	15	34	26	72	23	34	38	17	12	46
2008						2009						
Kościelna Wieś	78	28	59	17	14	16	22	30	-	56	95	86
Nowa Wieś Ujska	136	45	54	34	29	17	27	46	1	72	99	86
Winna Góra	71	17	70	16	20	22	29	42	4	70	77	93
Choryń	70	19	62	18	21	20	29	39	5	72	81	91
Borowo	61	16	60	17	20	22	30	40	15	77	102	98
Bobrowniki	83	25	61	22	27	21	25	51	7	96	75	100
Śrem Wójtostwo	62	16	61	18	20	23	33	44	16	75	100	99
2009						2010						
Kościelna Wieś	25	51	71	35	33	34	9	39	25	148	55	84
Nowa Wieś Ujska	30	42	69	43	34	18	17	48	31	153	36	112
Winna Góra	19	42	38	41	35	23	17	36	28	92	24	80
Choryń	35	41	45	41	39	29	19	41	29	98	21	95
Borowo	41	45	49	44	42	31	21	44	31	129	22	104
Bobrowniki	20	34	54	40	30	24	20	44	37	83	12	96
Śrem Wójtostwo	42	46	48	43	41	30	19	44	30	131	23	105

W sezonie wegetacyjnym 2009/10 siewy przeprowadzono w niekorzystnych warunkach agrometeorologicznych z uwagi na niedobór opadów. Warunki wilgotnościowe na początku października nadal nie sprzyjały kiełkowaniu i wschodom roślin. Dopiero opady w drugiej połowie października, oraz stosunkowo wysokie temperatury w listopadzie i pierwszej połowie grudnia sprzyjały rozwojowi roślin. Warunki agrometeorologiczne w zimie były również sprzyjające wegetacji pszenżyta ozimego z uwagi na grubą pokrywę śnieżną, jednak niekorzystny wpływ na stan plantacji miały krótkie okresy ociepleń, w wyniku których topniejący śnieg tworzył trudno przepuszczalną warstwę. Intensywne opady deszczu w maju 2010 były niekorzystne dla wegetacji i rozwoju roślin. Warunki wilgotnościowe na początku czerwca były sprzyjające dla wzrostu i rozwoju roślin, ale pod koniec miesiąca, w wyniku niedoboru opadów oraz wysokiej temperatury powietrza następowało szybkie wyczerpywanie zapasów wody w glebie i zasychanie roślin.

W poszczególnych latach w doświadczeniach uczestniczyło od 16 do 18 odmian. W celu uzyskania układu ortogonalnego, do analizy interakcji odmian ze środo-

wiskami, wybrano 10 odmian (Moderato, Algos, Magnat, Pawo, Witon, Todan, Baltiko, Grenado, Trismart, Trimester), które brały udział w doświadczeniach we wszystkich latach badań. W sezonie 2009/2010 doświadczenie zostało założone metodą bloków niekompletnych, dlatego do dalszych analiz wykorzystano dane poprawione po analizie wariancji dla metody split-block w blokach niekompletnych. Analizę interakcji odmian ze środowiskami glebowo-klimatycznymi dla plonu i masy tysiąca ziaren wykonano zgodnie z metodyką dla odmianowych doświadczeń wielokrotnych opracowaną przez Calińskiego i in. (1987 a,b). Środowisko w analizie interakcji genotypowo-środowiskowej określone zostało poprzez wyniki plonowania z danej miejscowości w określonym roku badań. Wyniki analizowano oddzielnie dla standardowego i intensywnego poziomu agrotechniki. Wyniki plonów i masy tysiąca ziaren zostały opracowane z wykorzystaniem programu komputerowego SERGEN 4.0 (Caliński i in., 2003), a obliczenia wykonano zgodnie z metodyką dla doświadczeń wielokrotnych, które dają pełniejszą wiedzę o zachowaniu się genotypów w miejscowościach reprezentatywnych dla danego środowiska oraz ich reakcji na zmienne warunki pogodowe (Elandt, 1956; Caliński, 1967; Kaczmarek, 1986; Mądry, 2010). Obliczono średnie wartości badanych cech dla odmian, ich efekty główne oraz interakcje efektów z latami, miejscowościami i środowiskami. Przeprowadzono również analizę struktury interakcji odmian ze środowiskami.

WYNIKI I DYKUSJA

W tabeli 3 przedstawione zostały średnie plony odmian pszenżyta ozimego oraz plony w poszczególnych miejscowościach i ich średnie. Na standardowym poziomie agrotechniki najwyższe plony uzyskały Trimester, Algos i Todan, a najniższe Magnat, Baltiko i Grenado. Analizując dane z poszczególnych miejscowości wysokie plony, przekraczające 80 dt/ha, uzyskano w Choryni, Śremie, Kościelnej Wsi i Borowie. Miejscowością, w której odmiany plonowały najslabiej były Bobrowniki.

W warunkach intensywniej agrotechniki odmiany plonowały wyżej o 16,12 dt/ha, a najlepszą z nich była Algos, której średni plon z wszystkich lat i miejscowości wynosił 96,4 dt/ha. Najniżej plonującą odmianą było Grenado. Również na tym poziomie agrotechniki najniższe plony uzyskano w Bobrownikach, natomiast wysokie, przekraczające 100 dt/ha, uzyskano w miejscowościach Śrem, Borowo oraz Kościelna Wieś.

W tabeli 4 przedstawiono masy tysiąca ziaren badanych odmian pszenżyta ozimego. Odmianami odznaczającymi się wysoką masą tysiąca ziaren na standardowym poziomie agrotechniki były Todan, Trismart, Trimester i Algos, najniższą zaś Grenado. Bardzo niska masa tysiąca ziaren w Bobrownikach miała wpływ na niskie plony uzyskane w tej miejscowości na obydwu poziomach agrotechniki. Trismart był odmianą, która w warunkach intensywniej uprawy wykształciła najdorodniejsze ziarno uzyskując średnią masę tysiąca ziaren na poziomie 47,7g.

Tabela 3

Średnie plony (dt·ha⁻¹) odmian pszenżyta ozimego w poszczególnych miejscowościach w latach 2008–2010

Mean yield (dt ha⁻¹) of winter triticale cultivars in different sites in years 2008–2010

Poziom agrotechniki Level of cultivation	Odmiana Cultivar	Miejscowość (klasa bonitacyjna gleb) Site (soil type)							
		Kościelna Wieś (IVa)	Nowa Wieś Ujska (IVa)	Winna Góra (IIIa)	Choryń (IIIa)	Borowo (II)	Bobrowni ki (IVa)	Śrem (IIIb)	Średnia Mean
Poziom standardowy (a1) Standard level of cultivation (a1)	Moderato	78,10	87,77	67,94	88,34	80,99	48,17	84,82	76,59
	Algoso	81,61	84,89	77,31	86,33	90,08	54,89	77,66	78,97
	Magnat	76,73	80,92	71,72	78,84	74,81	50,39	73,63	72,43
	Pawo	87,20	69,71	74,64	84,03	91,51	52,53	85,49	77,87
	Witon	86,23	77,83	72,32	77,18	80,27	55,48	80,13	75,63
	Todan	84,03	84,08	75,35	83,78	84,27	57,99	81,82	78,76
	Baltiko	79,59	76,19	70,74	71,69	73,33	54,19	81,57	72,47
	Grenado	76,97	62,85	71,14	83,92	69,00	46,21	91,47	71,65
	Trismart	78,54	73,86	71,44	81,12	81,42	62,57	72,53	74,50
	Trimester	85,20	82,50	76,33	85,26	87,19	53,59	85,83	79,41
	Średnia dla miejscowości Mean in site	81,42	78,06	72,89	82,05	81,29	53,60	81,49	75,83
	NIR _{0,05} LSD _{0,05}	6,97	4,08	16,36	14,49	10,20	5,23	10,17	
Poziom intensywny (a2) Intensive level of cultivation (a2)	Moderato	95,29	94,67	77,26	99,69	98,96	52,48	110,00	89,76
	Algoso	108,91	95,12	88,82	100,10	117,76	61,04	103,17	96,41
	Magnat	104,75	88,63	85,27	100,34	105,86	61,97	106,69	93,36
	Pawo	99,25	85,34	81,52	95,37	110,93	59,60	103,93	90,85
	Witon	111,32	86,44	76,92	93,22	110,60	69,73	109,41	93,95
	Todan	103,54	90,37	85,60	95,41	99,98	61,54	108,95	92,20
	Baltiko	99,87	87,72	82,77	95,54	106,57	62,44	111,37	92,33
	Grenado	97,66	73,18	88,98	93,95	96,36	52,55	104,37	86,72
	Trismart	103,20	85,61	85,34	97,97	105,08	69,39	101,76	92,62
	Trimester	99,92	91,12	82,89	99,88	98,19	57,97	108,87	91,26
	Średnia dla miejscowości Mean in site	102,37	87,82	83,53	97,15	105,03	60,87	106,85	91,95
	NIR _{0,05} LSD _{0,05}	7,15	4,27	13,11	10,37	10,89	5,64	10,67	

NIR_{0,05} = 1,56 dla oceny zróżnicowania plonowania odmian na standardowym poziomie uprawy (a1)

LSD_{0,05} = 1.56 to assess the diversity in yield of cultivars at standard level of cultivation (a1)

NIR_{0,05} = 1,30 dla oceny zróżnicowania plonowania między miejscowościami na standardowym poziomie uprawy (a1)

LSD_{0,05} = 1.30 to assess yield differences between locations at standard level of cultivation (a1)

NIR_{0,05} = 1,42 dla oceny zróżnicowania plonowania odmian na intensywnym poziomie uprawy (a2)

LSD_{0,05} = 1.42 to assess the diversity in yield of cultivars at intensive level of cultivation (a2)

NIR_{0,05} = 1,09 dla oceny zróżnicowania plonowania między miejscowościami na intensywnym poziomie uprawy (a2)

LSD_{0,05} = 1.09 to assess yield differences between locations at intensive level of cultivation (a2)

Tabela 4

Średnie masy tysiąca ziaren (g) odmian pszenżyta ozimego w poszczególnych miejscowościach w latach 2008–2010

Mean 1000 grain weight (g) of winter triticale cultivars in different sites in years 2008–2010

Poziom agrotechniki Level of cultivation	Odmiana Cultivar	Miejscowość (klasa bonitacyjna gleby) Site (soil type)							
		Kościelna Wieś (IVa)	Nowa Wieś Ujska (IVa)	Winna Góra (IIIa)	Choryń (IIIa)	Borowo (II)	Bobrowni ki (IVa)	Śrem (IIIb)	Średnia Mean
Poziom standardowy (a1) Standard level of cultivation (a1)	Moderato	36,6	39,5	41,5	38,8	34,1	20,4	38,7	35,7
	Algozo	42,2	44,2	49,4	46,4	41,3	24,0	44,7	41,7
	Magnat	43,4	43,2	46,3	44,3	44,1	23,6	41,4	40,9
	Pawo	42,8	43,3	39,5	44,7	39,8	22,0	42,2	39,2
	Witon	35,1	36,9	39,9	39,1	34,0	22,5	35,8	34,8
	Todan	44,7	47,9	41,6	50,9	45,5	25,2	51,4	43,9
	Baltiko	39,4	40,0	43,1	39,0	35,8	22,1	35,2	36,4
	Grenado	35,1	33,6	37,9	33,5	31,7	22,0	33,5	32,5
	Trismart	47,1	43,9	49,7	49,5	45,7	23,5	45,6	43,6
	Trimester	44,0	46,1	46,6	48,7	47,0	22,8	46,5	43,1
Średnia dla miejscowości Mean in site		41,0	41,8	43,6	43,5	39,9	22,8	41,5	39,2
NIR _{0,05} LSD _{0,05}		1,0	1,3	9,7	4,6	4,3	0,8	0,7	
Poziom intensywny (a2) Intensive level of cultivation (a2)	Moderato	40,1	40,7	38,0	37,3	39,0	19,1	40,4	36,4
	Algozo	45,5	44,4	49,1	44,8	47,7	24,0	47,5	43,3
	Magnat	46,1	43,9	45,2	48,2	49,3	24,7	48,0	43,6
	Pawo	45,1	43,3	41,8	42,5	42,2	21,3	45,5	40,2
	Witon	40,8	37,4	40,1	38,8	37,9	23,1	41,9	37,2
	Todan	48,4	44,4	44,8	47,9	43,4	23,3	53,7	43,7
	Baltiko	42,5	42,0	44,9	42,9	43,6	21,8	43,8	40,2
	Grenado	38,1	35,2	36,7	34,7	35,3	21,5	37,4	34,1
	Trismart	52,0	46,4	52,4	51,0	50,9	25,3	55,6	47,7
	Trimester	47,6	43,8	46,2	46,0	38,7	23,1	50,9	42,3
Średnia dla miejscowości Mean in site		44,6	42,2	43,9	43,4	42,8	22,7	46,5	40,9
NIR _{0,05} LSD _{0,05}		1,6	1,0	5,9	4,4	3,4	2,8	2,7	

NIR_{0,05} = 0,7 dla oceny różnicowania masy 1000 ziaren odmian na standardowym poziomie uprawy (a1)

LSD_{0,05} = 0,7 to assess the diversity of 1000 grain weight between cultivars at standard level of cultivation (a1)

NIR_{0,05} = 0,6 dla oceny różnicowania plonowania między miejscowościami na standardowym poziomie uprawy (a1)

LSD_{0,05} = 0,6 to assess 1000 grain weight differences between locations at standard level of cultivation (a1)

NIR_{0,05} = 0,7 dla oceny różnicowania plonowania odmian na intensywnym poziomie uprawy (a2)

LSD_{0,05} = 0,7 to assess the diversity of 1000 grain weight between cultivars at intensive level of cultivation (a2)

NIR_{0,05} = 0,6 dla oceny różnicowania plonowania między miejscowościami na intensywnym poziomie uprawy (a2)

LSD_{0,05} = 0,6 to assess 1000 grain weight differences between locations at intensive level of cultivation (a2)

Średnie kwadraty z analizy wariancji przedstawione w tabeli 5 wykazały istotne różnicowanie plonu i masy tysiąca ziaren dla wszystkich badanych czynników, tj. lat, miejscowości, środowisk i odmian. Wykazano również istotną interakcję odmian z latami, miejscowościami i środowiskami. Istotna regresja odmian względem środowiska wystąpiła dla plonu na standardowym poziomie agrotechniki oraz masy tysiąca ziaren na obydwu poziomach. Stwierdzono także istotne odchylenia od regresji.

Tabela 5

Średnie kwadraty dla źródeł zmienności w łącznej analizie wariancji (2008–2010)
Analysis of variance mean squares for assessed traits (2008–2010)

Źródło zmienności Source of variability	Liczba stopni swobody df	Plon ziarna Grain yield		Masa 1000 ziaren 1000 grain weight	
		poziom standardowy (a1) standard level of cultivation (a1)	poziom intensywny (a2) intensive level of cultivation (a2)	poziom standardowy (a1) standard level of cultivation (a1)	poziom intensywny (a2) intensive level of cultivation (a2)
Lata Years	2	1695,73**	1505,06*	700,58*	778,15*
Miejscowości Sites	6	3197,72*	7912,54**	1610,37**	1983,8**
Środowiska Environments	12	804,73**	889,27**	117,89**	125,77**
Odmiany Cultivars	9	182,28**	140,86**	351,39**	352,92**
Odmiany × Lata Cultivars × year interaction	18	182,63**	153,55**	38,22	30,55
Odmiany × Miejscowości Cultivars × site interaction	54	78,21*	66,20**	17,84*	14,53**
Odmiany × Środowiska Cultivars × environment interaction	108	54,98**	52,40**	9,62**	12,40**
Regresja względem środowiska Regression on explanatory variable	9	47,88*	31,94	12,9*	20,56**
Odchylenie od regresji Regression deviation	99	55,63**	54,27**	9,32**	11,66**
Błąd doświadczeń Error	189	13,13	10,85	2,33	2,38

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

W tabeli 6 przedstawiono ocenę efektów głównych plonu ziarna dla odmian pszenżyta ozimego i ich interakcje z latami, miejscowościami i środowiskami przy obydwóch poziomach agrotechniki. Efekt główny stanowi odchylenie wartości danej cechy dla odmiany od średniej ogólnej. Na standardowym poziomie agrotechniki odmiany Algos, Trimester i Magnat uzyskały statystycznie istotne wartości efektów głównych. Dwie pierwsze z nich można uznać za odmiany wysoko plonujące, ponieważ efekty te przyjmują wartości dodatnie, natomiast Magnat plonował poniżej średniego plonu wszystkich odmian w doświadczeniu. Odmiany Witon i Grenado wykazały statystycznie istotną interakcję efektów głównych z latami badań, natomiast dla żadnej z odmian nie stwierdzono interakcji z miejscowościami. Badane odmiany, z wyjątkiem Algos, charakteryzowały się statystycznie istotną na poziomie $\alpha=0,01$ interakcją ze środowiskami, co powoduje, że ich reakcja na zmienne środowiska glebowo-klimatyczne jest różna.

Na intensywnym poziomie agrotechniki odmianą wysoko plonującą była również Algos, która uzyskała statystycznie istotną dodatnią wartość efektu głównego, natomiast Grenado plonowało poniżej przeciętnej z doświadczenia. Na tym poziomie agrotechniki wszystkie odmiany wykazały statystycznie istotną interakcję ze środowiskami.

Tabela 6

**Ocena efektów głównych plonu odmian pszenżyta ozimego i ich interakcji ze środowiskami
(2008–2010)**
**Estimation of main effects on yield of winter triticale cultivars and their interaction with environments
(2008–2010)**

Odmiana Cultivar	Ocena efektu głównego Estimation of main effect	Statystyka F dla — Statistic F for :			
		efektu głównego main effect	interakcji z latami interaction with years	interakcji z miejscowościami interaction with sites	interakcji za środowiskami interaction with environments
wariant standardowy (a1) — standard variant (a1)					
Moderato	0,76	0,20	2,28	1,72	5,07**
Algoso	3,14	9,88**	0,84	2,61	1,77
Magnat	-3,39	6,49*	2,04	1,01	3,15**
Pawo	2,04	1,98	1,73	2,29	3,74**
Witon	-0,20	0,02	4,22*	0,71	3,20**
Todan	2,93	3,41	2,70	0,19	4,48**
Baltiko	-3,36	4,22	0,76	0,92	4,78**
Grenado	-4,18	3,43	7,54**	2,06	9,03**
Trismart	-1,33	0,80	2,50	1,98	3,96**
Trimester	3,58	8,42*	2,17	0,31	2,71**
Wartość krytyczna dla $\alpha=0,05$		4,75	3,89	3,00	1,80
Critical value $\alpha=0.05$					
poziom intensywny (a2) — intensive level of cultivation (a2)					
Moderato	-2,18	1,87	0,35	2,12	5,48**
Algoso	4,47	6,08*	0,20	1,22	7,06**
Magnat	1,41	1,54	5,93*	0,14	2,77**
Pawo	-1,10	0,79	0,90	0,93	3,27**
Witon	2,00	1,74	1,08	2,37	4,94**
Todan	0,25	0,05	1,48	0,75	3,07**
Baltiko	0,38	0,05	1,12	0,30	5,70**
Grenado	-5,22	7,13*	11,55**	1,47	8,24**
Trismart	0,68	0,20	0,92	1,08	4,96**
Trimester	-0,69	0,36	1,04	1,47	2,81**
Wartość krytyczna dla $\alpha = 0,05$		4,75	3,89	3,00	1,80
Critical value $\alpha = 0.05$					

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

Wśród badanych odmian, jedynie dla Algoso na standardowym poziomie agrotechniki stwierdzono statystycznie istotny współczynnik regresji względem środowiska dla plonu (tab. 7). Wartość współczynnika regresji jest dodatnia, dlatego można ją uznać za odmianę intensywną, czyli zwiększającą poziom plonowania w miarę poprawy warunków glebowo-klimatycznych. Pozostałe odmiany niezależnie od zastosowanego poziomu agrotechnicznego wykazały istotne odchylenie od regresji. Są to zatem odmiany o nieokreślonej reakcji na warunki glebowo-klimatyczne środowiska (tab. 7).

Efekty główne dla masy tysiąca ziaren, na standardowym poziomie agrotechniki, przyjmują statystycznie istotne wartości dla badanych odmian pszenżyta ozimego z wyjątkiem Pawo. Odmiany Trismart, Trimester, Todan, Algoso i Magnat uzyskały

dotądnie wartości efektu głównego, czyli uzyskały masę tysiąca ziaren wyższą od przeciętnej, natomiast pozostałe wartości ujemne (tab. 8).

Tabela 7

Testowanie regresji odmian pszenżyta ozimego względem środowiska dla plonu ziarna (2008–2010)
Testing of regression interaction for winter triticale cultivars regarding to environment for grain yield (2008–2010)

Odmiany Cultivar	Współczynnik — Coefficient of		Statystyka F dla — Statistic F for	
	regresji regression	determinacji (%) determination	regresji regression	determinacji (%) determination
poziom standardowy (a1) — standard level of cultivation (a1)				
Moderato	0,248	8,25	0,99	5,07**
Algoso	0,374	53,85	12,84**	0,89
Magnat	0,152	5,01	0,58	3,27**
Pawo	0,082	1,23	0,14	4,03**
Witon	-0,276	16,15	2,12	2,93**
Todan	0,046	0,32	0,03	4,87**
Baltiko	-0,049	0,35	0,04	5,16**
Grenado	-0,110	0,90	0,10	9,77**
Trismart	-0,315	17,01	2,26	3,58**
Trimester	-0,153	5,89	0,69	2,79**
Wartość krytyczna dla α = 0,05			4,84	1,84
Critical value $\alpha = 0.05$				
intensywny (a2) — intensive level of cultivation (a2)				
Moderato	0,154	3,92	0,45	5,75**
Algoso	0,244	7,65	0,91	7,11**
Magnat	-0,180	10,65	1,31	2,70**
Pawo	-0,127	4,49	0,52	3,41**
Witon	-0,134	3,33	0,38	5,21**
Todan	0,197	11,49	1,43	2,97**
Baltiko	0,173	4,76	0,55	5,92**
Grenado	-0,106	1,25	0,14	8,87**
Trismart	-0,020	0,07	0,01	5,40**
Trimester	-0,199	12,83	1,62	2,67**
Wartość krytyczna dla α = 0,05			4,84	1,84
Critical value $\alpha = 0.05$				

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

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

Wykazano statystycznie istotną interakcję efektów głównych masy tysiąca ziaren z latami badań dla odmian Algoso, Pawo, Baltiko, Grenado i Trimester, natomiast interakcje z miejscowościami wykazały jedynie trzy odmiany, tj. Pawo, Baltiko i Grenado. Badane odmiany, z wyjątkiem Pawo i Baltiko, charakteryzowały się istotną interakcją ze środowiskami glebowo-klimatycznymi, czyli różnie reagowały na warunki klimatyczne i glebowe w poszczególnych miejscowościach w kolejnych latach badań. Na poziomie intensywnej agrotechniki Magnat i Todan charakteryzowały się wyższą masą tysiąca ziaren, o czym świadczą statystycznie istotne i dodatnie wartości efektu głównego. Spośród badanych odmian, jedynie Baltiko i Grenado, wykazały istotną interakcję z latami badań, natomiast żadna z odmian nie wykazała statystycznie istotnej interakcji z miejscowościami. Odmianę Pawo można uznać za stabilną pod względem masy tysiąca ziaren, ponieważ nie

wykazuje ona interakcji z latami, miejscowościami i środowiskami, jednak wartość tej cechy jest na średnim poziomie (tab. 8).

Tabela 8

Ocena efektów głównych masy tysiąca ziaren odmian pszenżyta ozimego i ich interakcji ze środowiskami (2008–2010)
Estimation of main effects 1000 grain weight of winter triticale cultivars and their interaction with environments (2008–2010)

Odmiana Cultivar	Ocena efektu głównego Estimation of main effect	Statystyka F dla — Statistic F for :			
		efektu głównego main effect	interakcji z latami interaction with years	interakcji z miejscowościami interaction with sites	interakcji ze środowiskami interaction with environments
poziom standardowy (a1) — standard level of cultivation (a1)					
Moderato	-3,51	27,73**	0,67	0,69	4,44**
Algoso	2,58	18,40**	8,40**	1,09	3,62**
Magnat	1,75	8,16*	1,48	0,81	3,76**
Pawo	0,01	0,00	6,78*	4,76*	1,20
Witon	-4,41	45,01**	1,00	1,31	4,34**
Todan	4,70	21,09**	0,74	2,01	10,51**
Baltiko	-2,77	55,26**	4,38*	4,99**	1,40
Grenado	-6,68	112,38**	14,64**	3,24*	3,98**
Trismart	4,39	52,01**	2,40	1,90	3,71**
Trimester	3,93	35,47**	7,25**	1,65	4,36**
Wartość krytyczna dla $\alpha = 0,05$		4,75	3,89	3,00	1,80
Critical value $\alpha = 0.05$					
poziom intensywny (a2) — intensive level of cultivation (a2)					
Moderato	-4,49	65,30**	3,66	1,34	3,03**
Algoso	2,41	4,09	2,12	0,34	13,93**
Magnat	2,77	36,08**	0,98	2,04	2,88*
Pawo	-0,65	3,82	1,50	1,57	1,10
Witon	-3,71	23,85**	1,72	0,84	5,68**
Todan	2,83	11,85**	0,15	1,30	6,65**
Baltiko	-0,68	3,02	10,66**	1,80	1,49
Grenado	-6,78	95,69**	6,57*	2,02	4,71**
Trismart	6,85	53,57	2,73	1,00	8,61**
Trimester	1,45	5,03	0,59	2,56	4,12**
Wartość krytyczna dla $\alpha = 0,05$		4,75	3,89	3,00	1,80
Critical value $\alpha = 0.05$					

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

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

Analizując wartości współczynników regresji dla odmian względem środowiska nie stwierdzono odmian, które zwiększającą masę tysiąca ziaren w miarę polepszania warunków glebowo-klimatycznych, czyli takich, które można byłoby uznać za intensywne. Występują natomiast pojedyncze odmiany, które obniżają wartość tej cechy, czyli można je uznać jako ekstensywne, o czym świadczą istotnie różne od zera wartości współczynników regresji. Do takich odmian w warunkach standardowej agrotechniki można zaliczyć odmianę Witon, a w warunkach intensywnych Moderato. Poza odmianami

Pawo i Baltiko, dla wszystkich pozostałych uzyskano istotne odchylenie regresji względem środowiska (tab. 9).

Tabela 9

Testowanie regresji odmian pszenżyta ozimego względem środowiska dla masy tysiąca ziaren (2008–2010)

Testing of regression interaction for winter triticale cultivars regarding to environment for 1000 grain weight (2008–2010)

Odmiana Cultivar	Współczynnik — Coefficient of		Statystyka F dla — Statistic F for	
	regresji regression	determinacji (%) determination	regresji regression	determinacji (%) determination
poziom standardowy (a1) — standard level of cultivation (a1)				
Moderato	-0,032	0,13	0,01	4,84**
Algoso	-0,042	0,28	0,03	3,94**
Magnat	-0,018	0,05	0,01	4,10**
Pawo	0,140	9,24	1,12	1,19
Witon	-0,573	42,64	8,18*	2,71**
Todan	0,335	5,99	0,70	10,78**
Baltiko	-0,186	13,98	1,79	1,31
Grenado	-0,299	12,70	1,60	3,79**
Trismart	0,382	22,11	3,12	3,16**
Trimester	0,294	11,19	3,39	4,23**
Wartość krytyczna dla $\alpha = 0,05$			4,84	1,84
Critical value $\alpha = 0.05$				
poziom intensywny (a2) — intensive level of cultivation (a2)				
Moderato	-0,448	38,91	7,01*	2,02*
Algoso	-0,319	4,29	0,49	14,54**
Magnat	-0,314	20,14	2,77	2,51**
Pawo	0,042	0,94	0,10	1,19
Witon	-0,220	5,03	0,58	5,88**
Todan	0,544	26,19	3,90	5,36**
Baltiko	-0,188	14,02	1,79	1,40
Grenado	-0,006	0,00	0,00	5,14**
Trismart	0,577	22,77	3,24	7,25**
Trimester	0,332	15,75	2,06	3,79**
Wartość krytyczna dla $\alpha = 0,05$			4,84	1,84
Critical value $\alpha = 0.05$				

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

** istotność na poziomie $\alpha = 0,01$; significant at $\alpha = 0.01$

Stwierdzony znaczny udział wariancji lat, miejscowości oraz interakcji odmian pszenżyta ze środowiskami glebowo-klimatycznymi w warunkach Polski znajduje odzwierciedlenie w badaniach przeprowadzonych w oparciu o wyniki doświadczeń porejestrowych innych gatunków (Bujak i in., 2006 a; 2006 b; 2007; 2008 c; Bujak i Tratwal, 2011; Drzazga i in., 2009; Derejko i in., 2009; Mądry, 2003; Weber i in., 2009; 2011 a; 2011 b).

W pracy wykazano stabilność plonowania i masy 100 ziaren odmian pszenżyta w warunkach Wielkopolski, opierając się na wielkościach efektów głównych i ich interakcji ze środowiskami oraz wartościach współczynników regresji i badaniach interakcji danej odmiany za pomocą regresji liniowej Eberhatra i Russella (1966), gdzie

zmienną niezależną jest środowisko, wyrażone w postaci odchyłeń średnich dla środowiska od średniej ogólnej, a zmienną zależną ocena efektów interakcyjnych tej odmiany w poszczególnych środowiskach. Nie pozwoliło to jednak na wyróżnienie odmian charakteryzujących się szeroką i wąską adaptacją do określonych rejonów uprawy. Włączenie do analiz struktury interakcji odmian ze środowiskami glebowo-klimatycznymi metod nieparametrycznych w znacznym stopniu ułatwia taki podział (Scapim i in., 2000; Rajfura i Mądry, 2001; Mądry, 2002, 2003; Navabi i in., 2006; Sabaghania i in., 2006; Mohammadi i in., 2007; Mohammadi i Amri, 2008).

Uzyskane wyniki analiz pozwoliły na wyróżnienie wysoko i stabilnie plonujących odmian, co powinno mieć odzwierciedlenie w listach odmian zalecanych do uprawy na obszarze województwa wielkopolskiego. W pracy wyróżniono odmianę Algoso, która wysoko plonuje niezależnie od stosowanej intensywności uprawy oraz przeznaczoną dla gospodarstw o ekstensywnym charakterze produkcji odmianę Trimestr. Ponadto w warunkach standardowej uprawy na poziomie wcześniej wymienionych odmian plonowały także Todan i Pawo. Stosując intensywną agrotechnikę najwyższe plony uzyskano dla odmiany Algoso, a drugą grupę odmian o niższym poziomie plonowania utworzyły Witon, Magnat, Todan, Baltiko i Trismart. Analizując listę odmian rekomendowanych do uprawy na terenie województwa wielkopolskiego utworzoną na podstawie doświadczeń przeprowadzonych w tym samym okresie, można na niej znaleźć odmiany Algoso, Moderato, Grenado, Pawo i Todan (Listy zalecanych odmian do uprawy odmian na obszarze województw, 2010).

Ponieważ hodowla roślin jest procesem dynamicznym, wprowadzającym do produkcji nowe odmiany o zróżnicowanej reakcji na warunki glebowe i klimatyczne, dlatego ważnym staje się konieczność włączania do badań coraz nowszych odmian oraz ich wszechstronna charakterystyka pod kątem interakcji ze środowiskami glebowo-klimatycznymi i stabilności plonowania.

WNIOSKI

1. Wykazano istotne zróżnicowanie odmian, lat, miejscowości i środowisk glebowo-klimatycznych dla plonu oraz masy tysiąca ziaren pszenżyta ozimego. Istotna okazała się również interakcja odmian z latami, miejscowościami i środowiskami. Badane odmiany pszenżyta lepiej plonowały w latach wilgotnych, na glebach żwiłszych, które miały zdolność do magazynowania wody potrzebnej do nalewania się ziarna.
2. Najwyżej plonującą odmianą na obydwu poziomach agrotechniki była odmian Algoso. Na standardowym poziomie agrotechniki do odmian wysoko plonujących zaliczono również Trimestr. Odmiana Trimestr okazała się wysoko plonującą w warunkach standardowej agrotechniki, można ją zatem zaliczyć do genotypów o mniejszych wymaganiach agrotechnicznych i o względnej tolerancji na warunki glebowe i klimatyczne.
3. Wszystkie odmiany, poza Algoso, niezależnie od poziomu agrotechniki, wykazały istotną interakcję efektów głównych ze środowiskami, czyli istotnie reagowały na warunki glebowe i klimatyczne panujące w analizowanym okresie w Wielkopolsce.

4. Spośród badanych odmian w warunkach województwa wielkopolskiego, na uwagę zasługuje Algoso, które jest wysoko plonujące, na poziomie standardowej agrotechniki jest odmianą intensywną i stabilną, a jej plon nie podlega modyfikującemu wpływowi środowiska glebowo-klimatycznego.
5. Odmiany Pawo i Baltiko, na obydwu poziomach agrotechniki, można uznać za stabilne pod względem masy tysiąca ziaren, czyli niewykazujące statystycznie istotnej interakcji ze środowiskami, uzyskały jednak niską wartość tej cechy.

LITERATURA

- Bujak H., Kaczmarek J., Chrzanowska-Drożdż B., Liszewski M. 2003. Interakcja genotypowo-środowiskowa plonowania jęczmienia ozimego na Dolnym Śląsku. Biul. IHAR 226/227: 233 — 241.
- Bujak H., Dopierała A., Dopierała P., Nowosad K. 2006 a. Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej plonu odmian żyta ozimego. Biul. IHAR 240/241: 151 — 160.
- Bujak H., Kotecki A., Kozak M., Malarz W. 2006 b. Zmienność cech użytkowych rzepaku ozimego. Biul. IHAR 240/241: 223 — 229.
- Bujak H., Dopierała P. 2007. Yield stability of winter rye cultivars in Poland. Vorträft für Pflanzenzüchtung, 7: 40 — 49.
- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2008 a. Ocena stabilności plonowania odmian żyta ozimego na podstawie parametrycznych i nieparametrycznych metod. Biul. IHAR 250:189 — 201.
- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J. 2008 b. Zastosowanie metody rang grup jednorodnych i współczynnika zmienności do badania stabilności plonowania odmian żyta. Biul. IHAR 250: 217 — 224.
- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J., Kotecki A. 2008 c. Ocena stabilności plonowania populacyjnych i mieszańcowych odmian rzepaku ozimego. Biul. IHAR 250: 261 — 271.
- Bujak H., Tratwal G. 2011. Ocena stabilności plonowania odmian pszenicy ozimej na podstawie doświadczeń porejestrowych w Polsce. Biul. IHAR 260/261: 69 — 79.
- Caliński T. 1967. Model analizy wariancji dla doświadczeń wielokrotnych. Roczn. Nauk Rol. Seria A, 93: 549 — 579.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 a. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. Biul. Oceny Odm. 10: 35 — 71.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 b. A model for the analysis of series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Example. Biul. Oceny Odm. 10: 35 — 71.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P. 2003. Podręcznik użytkownika programu SERGEN 4. Metodyka statystyczna i obsługa programu SERGEN (Wersja 4 dla Windows) przeznaczonego do analizy serii doświadczeń odmianowych i genetyczno-hodowlanych. Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu.
- Dopierała P., Bujak H., Kaczmarek J., Dopierała A. 2003. Ocena interakcji genotypowo-środowiskowej plonu populacyjnych i mieszańcowych odmian żyta ozimego. Biul. IHAR 230: 235 — 253.
- Derejko A., Mądry W., Gozdowski D., Rozbicki J., Golba J., Piechociński M., Studnicki M. 2011. Wpływ odmian, miejscowości i intensywności uprawy oraz ich interakcji na plon pszenicy w doświadczeniach PDO. Biul. IHAR 259: 131 — 146.
- Drzazga T., Paderewski J., Mądry W., Krajewski P. 2009. Ocena rodzajów reakcji plonowania odmian pszenicy ozimej w doświadczeniach PDO na przestrzenne zmienne warunki przyrodnicze kraju. Biul. IHAR 253: 71 — 82.
- Eberhart S. A. Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci. 6: 36 — 40.
- Elandt R. 1956. O pewnych testach interakcji w doświadczeniach wieloletnich i wielokrotnych. Zagadnienie rejonizacji. Zast. Mat.: 38 — 45.
- Gacek E. 1998. Program porejestrowego doświadczalnictwa odmianowego w Polsce. Hodowla Roślin i Nasiennictwo 3: 32 — 34.
- Gacek E., Behnke M. 2006. Wdrażanie postępu biologicznego do praktyki rolniczej w warunkach gospodarki rynkowej. Biul. IHAR 240/241: 83 — 90.

- Grüneberg W.J., Manrique K., Hang D., Hermann M. 2005. Genotype $\times$ environment interactions for a diverse set of sweet potato clones evaluated across varying ecogeographic conditions in Peru. *Crop Sci.* 45: 2160 — 2171.
- Iwańska M., Mądry W., Rajfura A., Drzazga T. 2009. Porównanie syntetycznych wskaźników stopnia szerokiej adaptacji odmian na przykładzie serii doświadczeń przedrejestranych z pszenicą ozimą. *Biul. IHAR* 253: 31 — 45.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. *Roczn. AR w Poznaniu. Rozprawy Naukowe* 155.
- Listy zalecanych odmian do uprawy odmian na obszarze województw. 2010. Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych Słupia Wielka: 16.
- Mądry W. 2002. Skuteczność kryterium YS Kanga, opartego na średniej i stabilności plonu w wyborze genotypów zbóż o szerokiej adaptacji w rejonie uprawnym. *Roczn. Nauk Rol., seria A*, 116: 11 — 24.
- Mądry W. 2003. Analiza statystyczna miar stabilności na podstawie danych w klasyfikacji genotypy $\times$ środowiska. Cz. II. Model mieszany Shukli i model regresji łącznej. *Coll. Biom.*: 207 — 220.
- Mądry W., Mańkowski D. R., Kaczmarek Z., Krajewski P., Studnicki M. 2010. Metody statystyczne oparte na modelach liniowych w zastosowaniach do doświadczeń, genetyki i hodowli roślin. *Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR* 34/2010: 13 — 163.
- Mohammadi R., Abdulahi A., Haghighparast R., Armian M. 2007. Interpreting genotype $\times$ environment interactions for durum wheat grain yields using nonparametric methods. *Euphytica* 157: 239 — 251.
- Mohammadi R., Amri A. 2008. Comparison of parametric and non-parametric methods for selecting stable and adapted durum wheat genotypes in variable environments. *Euphytica* 159: 419 — 432.
- Navabi A., Yang R. C., Helm J., Spaner D. M. 2006. Can spring wheat — growing mega environments in the Northern Great Plains be dissected for representative locations or niche-adapted genotypes? *Crop Sci.* 46: 1107 — 1116.
- Rajfura A., Mądry W. 2001. Metoda wyboru genotypów o szerokiej adaptacji wykorzystująca zarówno ich średnie w rejonie jak i stabilność plonowania. *Colloquium Biometryczne* 31: 169 — 182.
- Sabaghania N., Dehghani H., Sabaghpour. 2006. Nonparametric methods for interpreting genotype $\times$ environment interaction of lentil genotypes. *Crop Sci.* 46: 1100 — 1106.
- Scapim C. A., Oliveira V. R., Braccinil A. L., Cruz C. D., Andrade C. A. B., Vidigal M. C. G. 2000. Yield stability in maize (*Zea mays* L.) and correlations among the parameters of the Eberhart and Russell, Lin and Binn and Huehn models. *Genet. Mol. Biol.* 23:387 — 393.
- Weber R., Zalewski D. 2006. Wpływ interakcji genotypowo-środowiskowej na plonowanie pszenicy ozimej. *Biul. IHAR* 240/241: 33 — 42.
- Weber R., Zalewski D., Kaczmarek J. 2009. Analiza zmienności masy tysiąca ziaren odmian pszenicy ozimej w seriach doświadczeń PDO na Dolnym Śląsku. *Biul. IHAR* 253: 59 — 70.
- Weber R., Bujak H., Kaczmarek J., Gacek E. 2011 a. Analiza zmienności plonowania odmian pszenicy ozimej w Polsce południowo-zachodniej. *Biul. IHAR* 260/261: 121 — 133.
- Weber R., Zalewski D., Bujak H., Kaczmarek J., Śmiałek E. 2011 b. Interakcja odmian pszenicy ozimej z warunkami środowiska w kształtowaniu plonowania na podstawie wyników PDO na Dolnym Śląsku. *Annales Universitatis Mariae Curie-Skłodowska Lublin, Sectio E*: 1 — 10.

SYLWIA LEWANDOWSKA
RAFAŁ KURIATA
WŁADYSŁAW KADŁUBIEC

Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Wartość hodowlana wybranych linii wsobnych kukurydzy

Breeding value of selected maize inbred lines

W pracy określono genetyczny potencjał krzyżowania z wykorzystaniem ogólnej i swoistej wartości kombinacyjnej 11 linii wsobnych kukurydzy pochodzących z hodowli kobierzyckiej, obecnie Oddział Nasiona Kobierzyc Małopolskiej Hodowli Roślin — HBP Spółka z o.o. Siedem zębkształtnych form matecznych i cztery formy ojcowskie o ziarnie szklistym oceniano na podstawie 28 mieszańców. Krzyżowanie linii w układzie czynnikowym zostało wykonane w 2004 roku na poletkach przestrzennie izolowanych w Wilczkowie, Przecławicach i Królikowicach, miejscowościach położonych na terenie gminy Kobierzyc i jej okolic. W czasie wegetacji roślin, po kwitnieniu, wykonano na dziesięciu losowo wybranych roślinach z każdego poletka pomiary wysokości roślin oraz wysokości osadzenia pierwszej kolby. Przed zbiorem pobrano losowo z każdego poletka po pięć kolb, na których po wysuszeniu wykonano kolejno pomiary długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren i liczby ziaren z kolby. Po zbiorze określono procentową zawartość suchej masy w ziarnie oraz obliczono plon ziarna z hektara w t/ha przy 15% wilgotności ziarna. Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie efektów GCA linii matecznych dla długości i grubości kolby, liczby rzędów ziaren, zawartości suchej masy oraz plonu ziarna. Wykazano interakcję efektów GCA badanych linii z latami dla grubości kolby, liczby ziaren z kolby, zawartości suchej masy oraz plonu ziarna. Z kolei istotne zróżnicowanie efektów SCA stwierdzono dla grubości kolby, liczby ziaren z kolby, zawartości suchej masy i plonu ziarna. Podsumowując, efekty ogólnej wartości kombinacyjnej dla poszczególnych cech były bardzo zróżnicowane, stąd nie można wyróżnić jednoznacznie ani jednej linii dającej korzystne efekty dla wszystkich badanych cech.

Słowa kluczowe: genetyczny potencjał krzyżowania, linie wsobne, mieszańce pojedyncze kukurydzy

The aim of the studies was to determine genetic crossing potential of 11 maize inbred lines on the basis of general and specific combining abilities. Seven *dent* inbred lines were crossed with four *flint* testers giving finally twenty-eight single hybrids. The experiment, involving the lines and hybrids, was established during years 2004–2006 in the experimental field in Kobierzyc. The following traits were analyzed: plant height, ear height, ear length, ear diameter, number of grain rows, number of grains per ear, dry matter content and grain yield. On the basis of available information, it might be concluded that the lines were of different origins. Statistical calculations were carried out on the average values of each plot. Variance analysis showed significant differences of GCA effects of maternal lines for length and diameter ear, number of grain rows, dry matter content and grain yield. The interaction of GCA

effects for tested lines in years was found for the following traits: ear diameter, number of grain rows, dry matter content and grain yield. In turn, significant differences of SCA effects were found for ear diameter, number of grain rows, dry matter content and finally grain yield. Summarizing, the effects of general combining value for all characters varied, therefore none of the tested lines can be clearly distinguished as having beneficial effects on all tested traits.

Key words: genetic crossing potential, inbred lines, maize single hybrids

WSTĘP

Jednym z elementów hodowli mieszańcowej jest ocena wartości linii uzyskanych w hodowli wsobnej i na tej podstawie dobór komponentów do krzyżowania. Ocena ta obejmuje między innymi badanie efektów zdolności kombinacyjnych linii. Umożliwia to określenie stopnia wpływu form rodzicielskich na potomstwo i scharakteryzowanie wartości poszczególnych kombinacji krzyżówkowych. Znajomość ogólnej zdolności kombinacyjnej (GCA) linii wsobnych daje możliwość eliminacji we wczesnych etapach hodowli tych linii, które przedstawiają małą wartość (Kuriata i in., 2003). Z kolei znajomość swoistej zdolności kombinacyjnej (SCA) pozwala wytypować linie dające najbardziej korzystne kombinacje mieszańcowe. Stosunek wariancji GCA do SCA pozwala określić typ działania genów warunkujących daną cechę (Lipińska, 1995). W celu sprawdzenia wartości hodowlanej przeprowadza się najczęściej krzyżowania linii z co najmniej dwoma testerami. Taki system krzyżowań pozwala na oszacowanie zarówno ogólnej, jak i swoistej zdolności kombinacyjnej oddzielnie dla każdej cechy (Bujak i in., 2007).

Celem pracy była ocena zdolności kombinacyjnej 11 linii wsobnych kukurydzy na podstawie wartości mieszańców pojedynczych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 28 mieszańców pojedynczych kukurydzy. Krzyżowanie linii w układzie czynnikowym zostało wykonane w 2004 roku na poletkach przestrzennie izolowanych w Wilczkowie, Przecławicach i Królikowicach, miejscowościach położonych na terenie gminy Kobierzycy i jej okolic. Formami matecznymi o ziarnie zębkształtnym (dent) było 7 linii wsobnych: K112, K224, K231, K233, K247, K254, K285, zaś formami ojcowskimi były cztery linie wsobne o ziarnie szklстым (flint): K154, K296, K376, K382. Uzyskana liczba nasion pozwoliła na założenie doświadczeń w dwóch kolejnych latach (2005/06) na polach hodowlanych firmy Hodowla Roślin Rolniczych — Nasiona Kobierzyc Sp. z o.o., obecnie Małopolska Hodowla Roślin — Hodowla Buraka Pastewnego Sp. z o.o. Oddział Nasiona Kobierzyc. Nasiona do siewu pochodziły z zapyleń krzyżowych i wsobnych wykonanych w roku poprzedzającym założenie doświadczenia.

Doświadczenia polowe zostały założone na glebie kompleksu pszennego bardzo dobrego, gleba ciężka o pH 7,7, przedplonem był bobik. Gleba, na której założono doświadczenie to czarne ziemie właściwe, rodzaj — gleby ilaste. Materiał nasienny wysiano w Kobierzycach na poletkach dwurzędowych o powierzchni 5 m² w rozstawie rzędów 75 cm. Docelowa liczba roślin na poletkach wynosiła po 36 roślin, co dało obsadę

wynoszącą 7,19 roślin na 1 m². W czasie wegetacji roślin, po kwitnieniu, wykonano na dziesięciu losowo wybranych roślinach z każdego poletka pomiary wysokości roślin oraz wysokości osadzenia pierwszej kolby. Przed zbiorem pobrano losowo po pięć kolb, na których po wysuszeniu wykonano następujące pomiary: długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, liczby ziaren z kolby. Ostatecznie, po zbiorze określono procentową zawartość suchej masy w ziarnie oraz obliczono plon ziarna z hektara w t/ha przy 15% wilgotności ziarna. Obliczenia statystyczne przeprowadzono na wartościach średnich z każdego poletka. Na podstawie uzyskanych wyników przeprowadzono analizę wariancji oraz oszacowano efekty ogólnej (GCA) i swoistej wartości kombinacyjnej (SCA) dla ośmiu badanych cech. Istotność średnich kwadratów weryfikowano za pomocą statystyki F.

WYNIKI I DYSKUSJA

Nie ulega wątpliwości, iż wartość hodowlaną linii wsobnych, pod względem zróżnicowanych cech użytkowych, można ocenić na podstawie potomstwa pochodzącego z krzyżowania typu polycross lub top cross. O ile test polycross stosowany jest dla niewielkiej liczby ocenianych linii, to w przypadku ich większej liczby stosuje się powszechnie system krzyżowań topcrossowych (Adamczyk, 2005). Z kolei w oparciu o informacje genetyczne komponentów rodzicielskich uzyskanych na drodze doświadczalnej można opracowywać bardziej skuteczne programy hodowlane. A zatem, w ocenie skutku działania genów zainteresowani są w równym stopniu hodowcy, jak i genetycy (Królikowski, 1972).

W prezentowanych badaniach analizowano zmienność 8 cech użytkowych. Na podstawie tabeli 1 można wnioskować, iż analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie efektów GCA dla długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, zawartości suchej masy i plonu ziarna.

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech użytkowych linii wsobnych kukurydzy
Mean squares of variability of investigated traits

Źródło zmienności Variability	Liczba stopni swobody Degrees of freedom	Wysokość roślin Plant height	Wysokość osadzenia 1 kolby Ear height	Długość kolby Ear length	Grubość kolby Ear diameter	Liczba rzędów ziaren No of rows of grains	Liczba ziaren z kolby No of grains/ear	Zawartość suchej masy Dry matter content	Plon Grain yield
Lata — Years	1	28,38	1,67	1,76	0,40	3,37	65,07	60,68	0,85
GCA	6	0,36	35,08	1,94**	0,04**	1,86**	10,77	4,34**	0,79*
GCA × lata	6	0,41	15,34	0,08	0,01**	0,21	7,81*	0,92**	0,64**
SCA	18	0,67	60,74	0,46	0,02*	0,61	19,55*	1,22**	1,10**
SCA × lata	18	0,51	38,03	0,26	0,01	0,17	17,77	1,11**	0,33

* istotność na poziomie $p = 0,05$; significant at $p = 0,05$

** istotność na poziomie $p = 0,01$; significant at $p = 0,01$

Podobne wyniki otrzymali Iken i Olakojo (2006) oraz Bujak i in. (2006) wykazując istotne zróżnicowanie efektów GCA dla plonu ziarna oraz długości kolby i liczby rzędów

ziaren z kolby. Ponadto, wykazano interakcję efektów GCA badanych linii z latami dla: grubości kolby, liczby ziaren z kolby, zawartości suchej masy oraz plonu ziarna, co świadczy o różnej ich reakcji na warunki środowiskowe. Istotną interakcję dla GCA linii matecznych ze środowiskiem stwierdzili również Bujak i in. (2006) dla liczby ziaren z kolby.

Z kolei istotne zróżnicowanie efektów SCA stwierdzono dla grubości kolby, liczby ziaren z kolby, zawartości suchej masy i plonu ziarna, zaś jedynie w przypadku zawartości suchej masy wykazano istotną interakcję kombinacji rodzicielskich z latami. Podobne istotne efekty SCA dla liczby ziaren z kolby wykazali Bujak i in. (2006).

Z tabeli 2 wynika, iż efekty GCA trzech badanych linii (K233, K247, K285) były różne od pozostałych pod względem wysokości osadzenia pierwszej kolby, długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, liczby ziaren i zawartości suchej masy.

Tabela 2

Ocena efektów głównych GCA badanych linii wsobnych kukurydzy
Main effects of GCA of investigated maize inbred lines

Linia ♀ Lines	Wysokość roślin Plant height	F emp.	Wysokość osadzenia 1 kolby Ear height	F emp.	Długość kolby Ear length	F emp.	Grubość kolby Ear diameter	F emp.
K112	0,69	0,83	2,45	1,03	-0,97	15,39	0,06	0,84
K224	0,25	1028,93	2,95	0,82	-1,15	32,51	0,20	2,61
K231	0,19	0,49	5,78	2,08	0,04	0,89	-0,021	1,62
K233	-0,37	0,67	-3,43	1,34	1,74	3045,79*	0,00	0,00
K247	0,00	0,00	-2,76	538,24*	-0,07	105,53	0,10	9,34
K254	-0,58	1,33	-6,05	52,02	-0,27	5,41	-0,17	7,37
K285	-0,19	0,93	1,07	0,28	0,67	3,94	-0,18	196,53*

Linia ♀ Lines	Liczba rzędów ziaren No of rows of grains	F emp.	Liczba ziaren No of grains/ear	F emp.	Zawartość suchej masy Dry matter content	F emp.	Plon Yield	F emp.
K112	0,90	5,19	4,62	1,23	-0,59	0,52	-0,34	0,30
K224	1,60	12,00	-0,06	0,09	-2,29	51,07	0,75	29,74
K231	-0,13	1,62	1,32	4,77	0,15	0,14	0,36	21,60
K233	-0,93	29,64	-2,01	1400,02*	1,67	173,18*	0,39	0,81
K247	-0,05	0,01	-1,43	7,24	-1,00	0,96	0,37	2,62
K254	-0,27	3,73	-1,41	0,56	1,87	653,10	-0,97	0,94
K285	-1,12	8798,44*	-1,03	0,62	0,18	0,04	-0,56	1,24

F_{tab}(0,05)= 161,45 F_{tab} (0,01)= 4052,18 dla testowania indywidualnego; for individual testing

* significant at p=0.05

** significant at p=0.01

Linia K233 zwiększa długość kolby, liczbę ziaren oraz zawartość suchej masy, linia K247 zwiększa wysokość osadzenia pierwszej kolby, zaś K285 wpływa dodatnio na grubość kolby i liczbę rzędów ziaren u swojego potomstwa. Z kolei tabela 3 wykazuje istotnie dodatnie efekty SCA dla siedmiu kombinacji rodzicielskich pod względem następujących cech: wysokości osadzenia pierwszej kolby (K224×K382, K285×K154), długości kolby (K254×K296), grubości kolby (K224×K376, K254×K382), liczby rzędów

ziaren (K231×K376) oraz zawartości suchej masy (K231× K382). Warto podkreślić, iż efekty SCA pozostałych kombinacji rodzicielskich były nieistotne.

Tabela 3

Ocena efektów głównych SCA**Main effects of SCA**

Mieszańce Hybrids	Wysokość roślin Plant height	F emp.	Wysokość osadzenia 1 kolby Ear height	F emp.	Długość kolby Ear length	F emp.	Grubość kolby Ear diameter	F emp.
1	2	3	4	5	6	7	8	9
K112×K154	-0,08	0,84	-0,52	0,06	0,25	1,08	-0,06	4,92
K112×K296	-0,24	0,13	-1,21	0,07	-0,32	3,11	-0,04	1,28
K112×K376	0,74	0,49	1,58	0,11	-0,50	9,35	0,02	0,28
K112×K382	-0,42	1,92	0,15	0,01	0,57	30,89	0,09	7,44
K224×K154	0,09	0,03	1,48	1,34	0,21	12,28	0,01	0,11
K224×K296	-0,07	0,07	-9,87	103,59	-0,39	0,33	-0,04	3,42
K224×K376	-0,58	2,91	2,41	0,93	-0,44	41,29	-0,09	1560,25*
K224×K382	0,56	69,05	5,98	546,25*	0,61	1,24	0,12	1,96
K231×K154	0,52	4,50	-0,85	5,50	-0,26	1,95	-0,03	2,13
K231×K296	0,58	17,63	12,79	2,21	0,20	0,53	-0,06	2,03
K231×K376	-0,18	0,14	-0,92	0,02	0,62	3,31	0,05	2,81
K231×K382	-0,92	93,36	-11,01	43,39	-0,56	20,67	0,04	16,45
K233×K154	-0,26	10,88	1,36	1,05	-0,04	1,26	0,08	2,42
K233×K296	-0,27	1,61	0,50	0,35	-0,05	0,02	0,09	40,67
K233×K376	0,15	0,24	-1,55	0,35	0,33	6,49	-0,16	34,45
K233×K382	0,38	0,72	-0,31	0,44	-0,24	1,80	-0,01	0,13
K247×K154	0,62	0,90	1,60	15,56	0,43	3,86	-0,06	1,90
K247×K296	0,02	0,00	-2,00	0,10	0,29	0,48	-0,07	0,82
K247×K376	-0,24	5,94	2,79	0,27	-0,67	1,99	0,09	39,44
K247×K382	-0,39	2,72	-2,47	29,96	-0,05	0,04	0,03	2,79
K254×K154	-0,27	1,21	0,14	0,05	0,05	0,02	0,16	4,66
K254×K296	0,57	1,00	1,29	2,74	0,17	9409,00**	-0,01	0,02
K254×K376	-0,50	0,72	-6,26	2,56	0,29	18,38	-0,04	1,40
K254×K382	0,20	0,86	4,81	3,73	-0,17	0,31	-0,12	887,32*
K285×K154	-0,63	31,01	-3,31	457,30*	-0,64	11,93	-0,12	35,28
K285×K296	-0,59	2,11	-1,50	0,06	0,43	2,20	0,13	34,09
K285×K376	0,62	2,67	1,95	0,18	0,37	1,44	0,14	3,20
K285×K382	0,59	18,98	2,86	3,46	-0,16	0,85	-0,15	4,04

Mieszańce Hybrids	Liczba rzędów ziaren No of rows of grains	F emp.	Liczba ziaren No of grains/ear	F emp.	Zawartość suchej masy Dry matter content	F emp.	Plon Yield	F emp.
10	11	12	13	14	15	16	17	18
K112×K154	-0,37	0,41	-1,05	0,24	0,45	9,29	-0,45	0,67
K112×K296	0,14	0,00	-0,02	0,00	-0,57	1,23	-0,13	0,36
K112×K376	0,34	0,48	-2,13	0,53	0,26	0,39	-0,05	0,20
K112×K382	0,02	0,03	3,20	4,16	-0,16	0,02	0,64	9,57
K224×K154	0,59	53,20	1,08	1,53	-0,31	1,20	-0,01	0,00
K224×K296	-0,22	5,86	-2,23	30,38	0,29	1,10	-0,27	0,35
K224×K376	-0,23	0,37	-0,33	0,01	-0,06	0,00	-0,49	4,31
K224×K382	-0,14	0,49	1,48	0,18	0,08	0,04	0,78	4,87

c.d. Tabela 3

10	11	12	13	14	15	16	17	18
K231×K154	-0,34	16,00	0,83	0,20	-0,79	0,84	0,32	0,52
K231×K296	-0,08	0,20	1,62	57,37	0,86	22,20	0,87	88,41
K231×K376	0,17	324,00*	0,47	3,41	-0,25	0,14	0,23	0,99
K231×K382	0,26	7,29	-2,93	1,55	0,18	499,00*	-1,42	6,06
K233×K154	0,79	19,08	5,01	17,70	-0,71	63,51	-0,52	0,94
K233×K296	0,05	0,15	-1,48	19,23	-0,82	2,97	-0,14	38,72
K233×K376	-1,09	58,78	-3,81	4,76	0,69	3,34	-0,08	0,13
K233×K382	0,26	2,52	0,28	1,68	0,85	0,80	0,74	4,71
K247×K154	-0,36	134,92	-2,96	37,11	0,09	2,11	-0,26	1,36
K247×K296	-0,37	15,80	-0,66	0,13	0,93	2,54	-0,17	0,11
K247×K376	0,29	121,00	-0,29	0,01	0,25	0,81	-0,45	11,96
K247×K382	0,44	25,00	3,91	0,61	-1,27	12,11	0,88	4,59
K254×K154	0,46	2,65	1,17	0,10	0,06	0,06	0,87	6,81
K254×K296	0,25	0,64	0,19	0,01	0,53	1,95	0,32	61,18
K254×K376	-0,29	1,48	0,76	0,06	-0,46	0,14	0,15	3,27
K254×K382	-0,41	2,28	-2,12	0,43	-0,13	0,05	-1,34	21,85
K285×K154	-0,76	60,54	-4,08	4,92	1,19	1,36	0,70	0,10
K285×K296	0,36	2,59	2,57	1,94	-1,21	13,11	-0,48	10,14
K285×K376	0,82	7,15	5,33	9,62	-0,44	0,48	0,69	38,40
K285×K382	-0,43	5,70	-3,82	3,75	0,45	0,38	-0,27	0,33

F tab(0,05) = 161,45 F tab(0,01) = 4052,18 dla testowania indywidualnego; for individual testing

* significant at p = 0.05; ** significant at p = 0.01

WNIOSKI

1. Przeprowadzona analiza wariancji wykazała istotne różnicowanie efektów GCA dla długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, zawartości suchej masy i plonu ziarna.
2. Wykazano interakcję efektów GCA badanych linii z latami dla grubości kolby, liczby ziaren z kolby, zawartości suchej masy oraz plonu ziarna.
3. Istotne różnicowanie efektów SCA stwierdzono dla grubości kolby, liczby ziaren z kolby, zawartości suchej masy i plonu ziarna, zaś jedynie w przypadku zawartości suchej masy wykazano istotną interakcję kombinacji rodzicielskich z latami.
4. Efekty GCA trzech badanych linii (K233, K247, K285) były różne od pozostałych pod względem wysokości osadzenia pierwszej kolby, długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, liczby ziaren i zawartości suchej masy. Linia K233 zwiększa długość kolby, liczbę ziaren oraz zawartość suchej masy w potomstwie, linia K247 zwiększa wysokość osadzenia pierwszej kolby, zaś K285 wpływa dodatnio na grubość kolby i liczbę rzędów ziaren.
5. Stwierdzono istotnie dodatnie efekty SCA dla siedmiu kombinacji rodzicielskich pod względem następujących cech: wysokości osadzenia pierwszej kolby (K224×K382, K285×K154), długości kolby (K254×K296), grubości kolby (K224×K376, K254×K382), liczby rzędów ziaren (K231×K376) oraz zawartości suchej masy (K231×K382). Efekty SCA pozostałych kombinacji rodzicielskich były nieistotne.
6. Nie stwierdzono istotnie ujemnych efektów SCA dla żadnych z badanych kombinacji rodzicielskich.

LITERATURA

- Adamczyk J. 2005. Genetyczne podstawy hodowli kukurydzy. W: Zarys genetyki zbóż. A. Górny (Red.), IGR PAN Poznań, t. 2: 281 — 310.
- Bujak H., Jedyński S., Kaczmarek J., Karwowska C., Kurezych Z., Adamczyk J. 2006. Wielocechowa analiza wartości hodowlanej linii wsobnych kukurydzy (*Zea mays* L.). Biul. IHAR 240/241: 211 — 216.
- Bujak H., Kaczmarek J., Jedyński S., Dmochowska-Huba K. 2007. Genetyczny potencjał krzyżowania linii wsobnych kukurydzy. Zesz. Probl. Post. Nauk. Roln. 517: 197 — 203.
- Iken J. E., Olakojo S. A. 2006. Combining ability and progeny performance of nine popcorn inbred lines (*Zea mays* L) in south western Nigeria. Agricultural and Food Science Journal of Ghana. Vol. 5: 409 — 417.
- Królikowski Z. 1972. Odziedziczalność kilku cech użytkowych u kukurydzy. Biul. IHAR 3-4: 179 — 182.
- Kuriata R., Kadłubiec W., Adamczyk J., Cygert H. 2003. Analiza dialleliczna mieszańców pojedynczych kukurydzy. Biul. IHAR 230: 417 — 422.
- Lipińska J. 1995. Ogólna i swoista zdolność kombinacyjna w hodowli roślin. Biul. IHAR 156: 91 — 101.

SYLWIA LEWANDOWSKA
RAFAŁ KURIATA
WŁADYSŁAW KADŁUBIEC

Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa
Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Morfologiczne i genetyczne zróżnicowanie linii wsobnych kukurydzy

Morphological and genetic diversity of maize inbred lines

Doświadczenie założono w latach 2004–2006 na polu doświadczalnym Hodowli Roślin Rolniczych „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach (obecnie Oddział Nasiona Kobierzyc Małopolskiej Hodowli Roślin — HBP Spółka z o.o.). Ziarno wysiano punktowo na poletkach dwurzędowych o powierzchni 5 m² w rozstawie rzędów 75 cm. Docelowa liczba roślin na poletkach wynosiła po 36 roślin, co dało obsadę 7,19 roślin na 1 m². Badano 20 linii wsobnych kukurydzy (15 linii o ziarnie zębokształtnym oraz pięć linii o ziarnie szklistym). Na podstawie udostępnionych informacji można stwierdzić, iż linie charakteryzowały się bardzo zróżnicowanym pochodzeniem. Doświadczenie zostało założone metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach. W okresie wegetacji roślin, po okresie kwitnienia, wykonano na dziesięciu losowo wybranych roślinach z każdego poletka pomiary wysokości roślin i osadzenia pierwszej kolby. Określono liczbę roślin porażonych przez głównię guzową oraz liczbę krzewiących się roślin. Przed zbiorem pobrano losowo z każdego poletka po pięć kolb, na których po wysuszeniu wykonano następujące pomiary: długości i grubości kolby, liczby rzędów ziaren z kolby, masy kolby i ziarna z kolby oraz liczby ziaren z kolby. Po zbiorze określono procentową zawartość suchej masy w ziarnie oraz obliczono plon ziarna z hektara w t/ha przy 15% wilgotności ziarna. Obliczenia statystyczne przeprowadzono na wartościach średnich z każdego poletka. Z wykonanej analizy wariancji wybranych cech linii wsobnych kukurydzy wynika, że w latach większość cech różniła się istotnie, za wyjątkiem długości kolby, liczby rzędów ziaren, krzewienia roślin i porażenia głównią. Linie różnie reagowały na zmienne warunki pogodowe dla większości cech. Jedynie pod względem wysokości roślin, długości kolby, masy ziarna z kolby, liczby ziaren z kolby i krzewienia roślin były stabilne w latach. Spośród wszystkich badanych linii, linia K233 przewyższa wartość linii wzorcowej pod względem długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, masy kolby, masy ziarna z kolby, liczby ziaren, zawartości suchej masy i plonu. Linia ta wykazuje jednak skłonność do porażenia głównią. Wpływ genotypu na fenotyp wykazano dla wysokości roślin (75%), u pozostałych cech udział genotypu w zmienności fenotypowej był niski i wynosił od 11 do 65%.

Słowa kluczowe: cechy morfologiczne, kukurydza, linie wsobne, zróżnicowanie genetyczne

The diversity of morphological and genetic characters of 20 maize inbred lines was studied. The experiment involving 20 inbred lines (15 dent and 5 flint lines) was established during years 2004–2006 in the experimental field in Kobierzyc. The experiment was carried out using randomized complete block design with tree replications. Each experiment unit consisted of two rows spaced 75 cm

apart. The following characters were analyzed: plant height, ear height, ear length, ear diameter, number of grain rows, ear mass, grain weight/ear, number of grains/ear, plant tillering, smut infection, dry matter content and grain yield. On the basis of available information it might be concluded that the lines were of different origin. Statistical calculations were carried out on the average values of each plot. Variance analysis showed that characters of maize inbred lines in years were different significantly, except the ear length, number of grain rows, plant tillering, and smut infection. Inbred lines responded differently to changing weather conditions for most traits. The lines were stable in years just for the following characteristics: ear height, ear length, grain mass, number of grain rows, and plant tillering. Of all the studied lines, K233 exceeded the standard line (F_2) in terms of ear length, ear diameter, number of grain rows, ear mass, grain weight/ear, number of grains/ear, dry matter content, and grain yield. However, this line shows a tendency to smut infection.

Key words: genetic diversity, inbred lines, maize, morphological features

WSTĘP

Powszechnie wiadomo, że o sukcesie hodowlanym wszystkich gatunków roślin, nie tylko kukurydzy, decyduje dostęp do materiałów wyjściowych o możliwie dużej różnorodności genetycznej. Stąd, istotnym elementem każdego programu hodowlanego jest nieustanne poszukiwanie i tworzenie innowacyjnych materiałów wyjściowych. Warto podkreślić, iż wspomniany materiał wyjściowy ma ogromny wpływ na końcowy efekt obranego przez hodowcę programu hodowlanego (Adamczyk, 2001). Olbrzymie tempo rozwoju hodowlanego, którego efektem są coraz to większe oczekiwania stawiane przed nowymi mieszancami, powoduje nieustanne poszukiwania nowych linii w potomstwie. Jednakże uzyskanie zestawu wartościowych linii wsobnych nie jest łatwe, gdyż corocznie na świecie inicjuje się hodowlę milionów linii, zaś tylko nieliczne z nich wchodzi do formuł mieszańców (Adamczyk, 1998). W rezultacie uzyskane linie wsobne powinny charakteryzować się dobrym wyrównaniem, wysokim stopniem homozygotyczności, silnym i zdrowym fenotypem, obfitym wytwarzaniem pyłku, dobrą zdolnością kombinacyjną (Allard, 1968; Kadłubiec i in., 2000). Z pewnością odpowiednio wartościowy materiał wyjściowy będący w posiadaniu firm hodowlanych daje szansę wyhodowania „dobrej” odmiany (Bujak i in., 2007). Jedynie czasochłonny i długotrwały proces hodowlany daje możliwość uzyskania wartościowych materiałów wyjściowych, które z czasem dają szansę wyhodowania dobrej, wartościowej odmiany.

Celem badań była ocena morfologicznego i genetycznego zróżnicowania linii wsobnych kukurydzy znajdujących się w kolekcji roboczej Małopolskiej Hodowli Roślin — HBP sp. z o. o. oddział Nasiona Kobierzyc.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 20 linii wsobnych wybranych z kolekcji linii wsobnych firmy Małopolska Hodowla Roślin — HPB Spółka z o.o., 19 z nich to elitarne linie wsobne, które zostały wyhodowane w Kobierzycach, natomiast kolejna linia F_2 , stanowiąca wzorzec w doświadczeniu, jest linią otrzymaną w Państwowym Instytucie Badań Rolniczych (INRA) we Francji ze szklistej populacji Lacaune. Spośród badanych 20 linii, 15 z nich to linie o ziarnie zębkształtnym typu dent (K112, K224, K231, K233, K247,

K254, K285, K299, K324, K334, K335, K352, K354, K369, K370), pozostałych pięć to linie o ziarnie szklistym typu flint (K154, K296, K376, K382, F₂). Nasiona do siewu pochodziły z zapyleń wsobnych wykonanych w roku poprzedzającym założenie doświadczenia. Na podstawie udostępnionych informacji z firmy hodowlano-nasiennej „Nasiona Kobierzyc” można stwierdzić, iż badane linie charakteryzowały się bardzo zróżnicowanym pochodzeniem. Linie wyprowadzono z testera amerykańskiego, francuskiego, niemieckiego, węgierskiego oraz mieszańców międzyliniowych. Należy podkreślić fakt, że badane linie nie były ze sobą spokrewnione.

Doświadczenia przeprowadzone w latach 2004–2006, założono metodą losowanych bloków na polach hodowlanych firmy Hodowla Roślin Rolniczych — Nasiona Kobierzyc Sp. z o.o., obecnie Małopolska Hodowla Roślin — Hodowla Buraka Pastewnego Sp. z o.o. Oddział Nasiona Kobierzyc. Doświadczenia polowe zostały założone na glebie kompleksu pszennego bardzo dobrego, gleba ciężka o pH 7,7, przedplonem był bobik. Nie stosowano nawożenia organicznego. Gleba, na której założono doświadczenie to czarne ziemie właściwe, rodzaj — gleby ilaste. Zarówno w roku 2005 i 2006 przeprowadzono powszechnie przyjęte zabiegi uprawowe. Przed uprawami wiosennymi wysiano polifoskę i mocznik. Nawozy fosforowe i potasowe stosowano jesienią. W obu latach zastosowano nawożenie mineralne w dawkach: N — 140 kg·ha⁻¹, P₂O₅ — 80 kg·ha⁻¹, K₂O — 120 kg·ha⁻¹. Chwasty zwalczano chemicznie stosując, w latach 2005 i 2006, dwukrotny oprysk. Przed wschodami zastosowano mieszankę dwóch środków: Primextra Gold 720FS w ilościach 3 l/ha i Gesaprim 90WP w ilościach 0,3 kg/ha. Po wschodach wykonano oprysk herbicydem Callisto w dawce 1,0 l/ha. Materiał nasienny wysiano w Kobierzycach na poletkach dwurzędowych o powierzchni 5 m² w rozstawie rzędów 75 cm. Docelowa liczba roślin na poletkach wynosiła po 36 roślin, co dało obsadę wynoszącą 7,19 roślin na 1 m². W okresie wegetacji roślin, po okresie kwitnienia, wykonano na dziesięciu losowo wybranych roślinach z każdego poletka pomiary wysokości roślin i osadzenia pierwszej kolby. Określono liczbę roślin porażonych przez głównię guzowatą oraz liczbę krzewiących się roślin. Przed zbiorem pobrano losowo z każdego poletka po pięć kolb, na których po wysuszeniu wykonano następujące pomiary: długości i grubości kolby, liczby rzędów ziaren z kolby, masy kolby i ziarna z kolby oraz liczba ziaren z kolby. Po zbiorze określono procentową zawartość suchej masy w ziarnie oraz obliczono plon ziarna z hektara w t/ha przy 15% wilgotności ziarna. Obliczenia statystyczne przeprowadzono na wartościach średnich z każdego poletka. Do analizy statystyczno-genetycznej wykorzystano program CROPSTAT 7.2. Wykonano analizę wariancji dwunastu cech linii wsobnych kukurydzy metodą losowanych bloków.

WYNIKI I DYSKUSJA

Warunki klimatyczne były dość korzystne dla prawidłowego wzrostu i rozwoju roślin. Przebieg temperatur w całym okresie wegetacyjnym charakteryzował się niewielkimi, dodatnimi odchyleniami w porównaniu do średniej z wielolecia z lat 1970–2000. Jedynie gorący lipiec 2006 roku oraz bardzo nieznaczne opady w tym miesiącu, mogły w

niewielkim stopniu niekorzystnie wpłynąć na rośliny. Znacznie cieplejszy od przeciętnych, wrzesień i październik mógł spowodować nieco szybsze dojrzewanie ziarna.

Wysokość roślin, wraz z ocenianą równocześnie wysokością osadzenia pierwszej kolby lub stosunkiem obu cech, to ważna cecha identyfikacyjna. Wysokość jest cechą kompleksową, która zależy od genotypu i warunków środowiska (m.in. zaopatrzenia roślin w substancje pokarmowe i wodę, rozstawy roślin, temperatury, a zwłaszcza długości dnia) może wahać się od ok. 0,5 m u niektórych mutantów karłowatych do 7–8 metrów u późnych odmian (11 miesięczny okres wegetacji) rosnących w tropikach przy długim dniu. Wyniki wielu badań dowodzą, że wysokość roślin kukurydzy oraz wysokość osadzenia (pierwszej) kolby to cechy o stosunkowo wysokiej odziedziczalności (zwykle $>0,70$), (Troyer i Larkins, 1985; Troyer, 1990; Zsbori i in., 2002).

Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie linii wsobnych pod względem większości badanych cech, tj.: wysokości roślin, wysokości osadzenia pierwszej kolby, grubości kolby, masy kolby, masy ziarna z kolby, liczby ziaren z kolby, porażenia głownią, zawartości suchej masy i plonu. Nie stwierdzono istotnej interakcji linii ze środowiskami dla wysokości roślin, długości kolby, masy ziarna z kolby, liczby ziaren z kolby i krzewienia roślin, co świadczy o tym, że badane linie zachowywały się podobnie w latach.

Z kolei w latach większość cech różniła się istotnie, z wyjątkiem długości kolby, liczby rzędów ziaren, krzewienia roślin i porażenia głownią (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech linii wsobnych kukurydzy
Mean squares of variability of investigated traits of inbred lines

Źródło Zmienności Source of variation	Liczba stopni swobody Df	Wysokość roślin Plant height	Wysokość osadzenia 1 kolby Ear height	Długość kolby Ear length	Grubość kolby Ear diameter	Liczba rzędów ziaren No of rows of grains	Masa Kolby Ear mass	Masa ziarna z kolby Grain weight/ear	Liczba ziaren z kolby No of grains/ear	Krzewienie roślin Tillering	Porażenie głownią Smut infection	Zawartość suchej masy Dry matter content	Plon Grain yield
Lata Years	1	1428,99*	1854,18*	8,58	0,91*	3,40	658,94*	680,21*	34802,5*	1,41	8,00	46,01*	11,01*
Lata × bloki Years × blocks	4	329,78	79,19	7,26	0,25	0,72	68,83	3,69	16034,2	1,38	21,31	4,41	0,66
Linie wsobne Inbred line	19	1109,09*	394,29*	5,92	0,13*	8,21	696,96*	473,99*	10667,9*	7,74	66,01*	57,87*	3,77*
Linie wsobne × lata Inbred line × years	19	229,07	163,21*	3,44	0,74*	2,74*	295,38*	167,41	6425,45	4,48	59,83*	24,29*	3,39*
Błąd Error	76	150,27	86,23	5,36	0,28	2,21	167,94	174,87	4755,75	7,24	24,64	6,86	0,46

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

Długość kolby, dla której z przeprowadzonej analizy wariancji wykazano brak istotnego zróżnicowania, a także nie stwierdzono istotnej interakcji linii wsobnych ze środowiskami, jest jedną z cech struktury plonu decydującą w dużym stopniu o jego wielkości. Stwierdzono dodatnią korelację plonu z długością kolby (Królikowski, 1975; Tyagi i in., 1988), a jej zależność od wysokości roślin, liczby liści na roślinie (Tyagi i in., 1988). Z tabeli 2, średnich wartości i genetycznego zróżnicowania badanych cech linii wsobnych kukurydzy wynika, iż linia K233 przewyższa wartość linii wzorcowej F2 pod względem długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, masy kolby, masy ziarna z kolby, liczby ziaren, zawartości suchej masy i plonu. Jej mankamentem jest jednak skłonność do porażenia gównią (tab. 2).

Tabela 2

Średnie wartości i współczynnik genetycznego zróżnicowania badanych cech linii wsobnych kukurydzy
Average values and heritability coefficient of examined features

Linia ♀, ♂ Line	Wysokość roślin (cm) Plant height	Wysokość osadzenia 1 kolby (cm) Ear height	Długość kolby (cm) Ear length	Grubość kolby (cm) Ear diameter	Liczba rzędów ziaren (szt.) No of rows of grains	Masa kolby (g) Ear mass	Masa ziarna z kolby (g) Grain weight/ ear	Liczba ziaren z kolby (szt.) No of grains/ ear	Krzewie- nie roślin (%) Tillering	Poraże- nie gównią (%) Smut infection	Zawar- tość suchej masy (%) Dry master content	Plon (t/ha) Grain yield
K112	171,1	58,50	12,00	3,78	13,93	77,66	63,58	349,9	0	3,00	75,73	3,10
K154	201,75	66,33	13,70	3,83	12,27	73,50	54,87	236,0	0,50	1,00	76,68	3,37
K224	160,58	50,86	15,28	4,00	15,67	85,59	69,62	356,6	0	3,83	73,33	4,79
K231	170,87	55,82	13,23	3,71	13,53	78,94	64,65	328,1	0	7,50	77,15	4,20
K233	170,00	53,33	15,82	3,98	12,37	97,15	80,38	294,9	1,33	14,17	80,68	4,04
K247	172,35	62,28	15,02	3,93	13,80	102,6	74,35	371,9	0,0	-0,28	75,95	4,59
K254	168,48	65,02	12,85	3,53	12,27	66,45	57,40	278,4	0,50	4,66	75,72	2,35
K285	179,73	61,53	12,93	3,68	12,93	81,06	61,20	288,3	3,33	2,50	80,10	3,43
K296	174,83	52,85	15,42	3,80	13,80	91,25	75,72	311,1	1,00	10,17	77,75	4,33
K299	192,07	56,88	13,55	3,87	13,00	90,29	70,05	338,8	1,00	3,50	70,55	3,84
K324	180,82	64,03	14,88	3,88	14,40	91,93	76,07	359,8	0,50	5,16	74,07	3,21
K335	182,27	56,43	13,90	3,71	14,00	79,79	64,80	331,7	2,00	2,00	77,33	3,30
K344	171,83	56,56	13,90	3,60	12,53	80,82	62,95	308,2	2,83	1,00	69,52	4,46
K352	165,62	51,20	13,53	3,78	12,60	87,16	69,43	313,8	0,50	2,33	70,88	4,97
K354	164,17	58,41	13,53	3,87	13,67	95,07	77,75	402,8	3,67	2,83	77,67	4,33
K369	194,63	80,86	14,12	3,68	13,60	84,96	68,97	294,5	1,50	2,00	75,95	3,57
K370	162,05	61,78	12,63	3,90	14,60	73,92	58,30	308,9	0	3,33	79,48	2,14
K376	187,02	65,42	13,63	3,98	15,93	91,01	70,08	312,8	0,50	3,67	77,27	3,54
K382	140,92	40,48	13,27	3,67	14,40	73,82	58,00	324,2	1,00	4,33	79,40	2,95
F ₂	178,57	63,66	13,65	3,51	11,27	58,68	44,52	227,7	0	5,50	77,07	2,78
NIR	19,78	15,27	3,76	0,19	1,71	21,07	15,21	79,29	4,37	5,71	3,01	0,78
h ²	75%	61%	40%	11%	64%	60%	58%	48%	39%	43%	65%	49%

Z kolei wysoki wpływ genotypu na fenotyp wykazano dla wysokości roślin (75%), u pozostałych cech udział genotypu w zmienności fenotypowej wynosił od 11 do 65% (tab. 2).

WNIOSKI

1. Większość badanych cech z wykorzystaniem analizy wariancji różniła się istotnie w latach, z wyjątkiem długości kolby, liczby rzędów ziaren, krzewienia roślin i porażenia gównią.
2. Badane linie, poza długością kolby, liczbą rzędów ziaren i krzewieniem, były istotnie zróżnicowane pod względem badanych cech.
3. Linie różnie reagowały na zmienne warunki pogodowe. Cechami stabilnymi w latach były wysokość roślin, długość kolby, masa ziarna z kolby, liczba ziaren z kolby i krzewienie roślin.
4. Linia K233 należy do linii, na którą hodowcy powinni zwrócić szczególną uwagę, przewyższa ona wartość linii wzorcowej pod względem długości kolby, grubości kolby, liczby rzędów ziaren, masy kolby, masy ziarna z kolby, liczby ziaren, zawartości suchej masy i plonu. Jej mankamentem jest jednak skłonność do porażenia gównią.
5. Stwierdzono duży wpływ genotypu na wysokość roślin (75%), dla pozostałych cech udział genotypu w zmienności fenotypowej wynosił od 11% do 65%.

LITERATURA

- Adamczyk J. 1998. Przegląd metod hodowli kukurydzy i ich przydatność w praktyce. Biul. IHAR 208, 123 — 130.
- Adamczyk J. 2001. Wprowadzenie do krajowych materiałów hodowlanych plazmy zarodkowej kukurydzy północnoamerykańskiej (*Zea mays* L.). Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR 13: 1 — 52.
- Allard R. W. 1968. Podstawy hodowli roślin. PWRiL, Warszawa.
- Bujak H., Kaczmarek J., Jedyński S., Dmochowska-Huba K., Topolski A. 2007. Zmienność cech morfologicznych linii wsobnych kukurydzy. Zesz. Probl. Post. Nauk. Roln. 517: 205 — 213.
- Kadłubiec W., Karwowska C., Kurczyk Z., Kuriata R., 2000. Zdolność kombinacyjna linii wsobnych kukurydzy. Biul. IHAR 216: 371 — 378.
- Królikowski Z. 1975. Dziedziczenie cech ilościowych na podstawie diallelicznych krzyżowań. Hod. Rośl. Aklim. Nasien. 9 (3): 187 — 221.
- Troyer F.A. 1990. A retrospective view of corn genetic resources. Journal of Heredity 81: 17 — 24.
- Troyer F. A., Larkins J. R. 1985. Selection for early flowering in corn: 10 late synthetics. Crop Sci. 25: 695 — 697.
- Tyagi A. P., Pokhariyal G. P., Odongo O. M. 1988. Correlation and path coefficient analysis for yield components and maturity traits in maize (*Zea mays* L.). Maydica 33: 109 — 119.
- Zsubori Z., Gyenes-Hegyí Z., Illés O., Pók I., Rác F., Szőke C. 2002. Inheritance of plant and ear height in maize (*Zea mays* L.). Acta Agraria Debreceniensis 2002/08: 3 — 8.

KRZYSZTOF WÓJCIK¹**RAFAŁ KURIATA**²**SYLWIA LEWANDOWSKA**²¹ Małopolska Hodowla Roślin HBP Sp. z o. o., Oddział Nasiona Kobierzyc² Katedra Genetyki, Hodowli Roślin i Nasiennictwa, Uniwersytet Przyrodniczy we Wrocławiu

Odziedziczalność i współzależność cech rolniczych kukurydzy

Heritability and relationships between maize agricultural traits

Materiał badawczy stanowiło 28 linii wsobnych kukurydzy. Doświadczenie polowe założono metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach w roku 2009 i 2010. Na podstawie analizy wariancji oszacowano odziedziczalność w szerokim sensie (h^2), a także genotypowy współczynnik zmienności (GCV). Ponadto obliczono współczynniki korelacji oraz wykonano analizę ścieżek Wrighta. Współczynnik odziedziczalności wahał się w przedziale od 0,58 dla grubości kolby i wysokości roślin do 0,76 dla liczby dni od siewu do pylenia. Najwyższe wartości GCV przyjmował dla wysokości zawieszenia pierwszej kolby, liczby rzędów ziaren oraz masy ziarna z kolby. Analiza ścieżek wykazała, że największy wpływ bezpośredni i pośredni na masę ziarna z kolby mają długość i grubość kolby, natomiast w mniejszym stopniu liczba dni do pylenia.

Słowa kluczowe: analiza ścieżek, kukurydza, odziedziczalność

Twenty eight inbred lines were investigated in the field experiment. The experiment was arranged in randomized complete block design with three replication in two vegetative seasons 2009 and 2010. Heritability in broad sense and genotypic coefficient of variation (GCV) were calculated based on analysis of variance. Wright's path analysis was made and coefficients of correlation were calculated. Days until shedding had relatively high heritability (0.76), whereas moderate values were obtained for ear diameter and ear height. The greatest values of GCV were obtained in case of ear height, ear rows number and ear grain weight. Path analysis revealed that ear length and diameter had directly and indirectly the most significant influence on ear grain yield.

Key words: heritability, maize, path analysis

WSTĘP

Rosnące wykorzystanie kukurydzy w wielu gałęziach gospodarki sprawia, że kukurydza jest jedną z trzech roślin zbożowych o największym areale uprawy w skali świata. Fakt ten powoduje nieustanne zapotrzebowanie na odmiany o wysokim potencjale plonowania oraz przystosowane do zmiennych warunków środowiska. Aby sprostać tym

wymaganiom hodowcy zmuszeni są do stałego ulepszania materiału hodowlanego oraz poddawania go dokładnej ocenie.

Linie wsobne są jednym ze źródeł materiałów wyjściowych w hodowli mieszańcowej kukurydzy (Troyer, 1990), co stwarza konieczność precyzyjnej ich oceny. Wprawdzie nie wykazano zależności między wydajnością linii, a wydajnością mieszańca powstałego z tych linii, jednak ich ocena może być przydatna w eliminowaniu genotypów o wartości kombinacyjnej poniżej średniej (Lee i Kannenberg, 2004). Głównym celem oszacowania współczynnika odziedziczalności jest możliwość porównania efektów selekcji prowadzonej w oparciu o różne strategie (Holland i in., 2003).

Plon jest cechą złożoną, stąd istotnym elementem efektywnego programu hodowlanego, wykorzystującego selekcję, jest poznanie istniejących zależności między plonem a pozostałymi cechami. Współczynnik korelacji prostej nie daje pełnej informacji o istniejących zależnościach, dlatego też warto jest poszerzyć badania o analizę ścieżek, która to stwarza możliwość poznania, zarówno efektów bezpośrednich, jak i pośrednich analizowanych cech struktury plonu (Wright, 1934).

Celem pracy było oszacowanie odziedziczalności oraz określenie istniejących zależności między wybranymi cechami plonotwórczymi linii wsobnych kukurydzy.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 28 linii wsobnych kukurydzy wybranych z kolekcji firmy Małopolska Hodowla Roślin — HPB Spółka z o.o. Spośród badanych obiektów 27 z nich to linie wsobne wyhodowane w Kobierzycach, natomiast linia F₂ jest linią otrzymaną w Państwowym Instytucie Badań Rolniczych (INRA). Spośród badanych linii 7 było liniami typu flint, 5 prezentowało typ pośredni (semident), a pozostałe 16 linii to linie zębokształtne. Doświadczenie zostało założone metodą losowanych bloków w trzech powtórzeniach w roku 2009 i 2010. Nasiona wysiano na dwurzędowych poletkach o powierzchni 5,04 m². Wykonano standardowe zabiegi pielęgnacyjne stosowane w uprawie kukurydzy. W okresie wegetacji określono liczbę dni od siewu do pylenia (PL), a na pięciu losowo wybranych roślinach z każdego poletka oznaczono wysokość roślin (WR) i wysokość osadzenia pierwszej kolby (WK). Po zbiorze na pięciu losowo wybranych kolbach określono: długość kolby (DK), grubość kolby (GK), liczbę rzędów ziaren (LRZ) oraz masę ziarna z kolby (MZK).

Wykonano analizę wariancji dla wszystkich badanych cech wg modelu losowego:

$$y_{ijk} = \mu + g_i + \alpha_k + \delta_{ik} + \beta_{jk} + \varepsilon_{ijk}$$

gdzie:

μ — średnia ogólna, g_i — efekt i -tego genotypu, α_k — efekt k -tego środowiska, δ_{ik} — efekt interakcji między i -tym genotypem z k -tym środowiskiem, β_{jk} — efekt j -tego bloku w j -tym środowisku, ε_{ijk} — odchylenie losowe.

Lata w analizie wariancji zostały potraktowane jako środowiska. Obliczono oczekiwane wartości średnich kwadratów, a następnie oszacowano współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie (genetyczny współczynnik determinacji) (Singh i Ceccarelli, 1993).

Obliczono genotypowy współczynnik zmienności (GCV), jako iloraz pierwiastka kwadratowego wariancji genotypowej i średniej dla danej cechy (Tefera i in., 2003). Obliczono fenotypowe współczynniki korelacji w oparciu o średnie z obu lat badań oraz wykonano analizę ścieżek Wrighta (Mądry i Pietrzykowski 1995, Williams i in., 1990).

WYNIKI BADAŃ I DYSKUSJA

Analiza wariancji wykazała istotne zróżnicowanie linii wsobnych dla wszystkich badanych cech. Stwierdzono również istotność interakcji linii z latami dla: liczby dni od siewu do pylenia, wysokości roślin, wysokości zawieszenia pierwszej kolby, długości kolby, liczby rzędów ziaren oraz masy ziarna z kolby (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty zmienności badanych cech
Mean square values of investigated traits

Cecha Trait	Lata Years Df=1	Powtórzenia w latach Replication/location Df=4	Linie Lines Df=27	Linie × lata Lines × years Df=27	Błąd Error Df=108
Liczba dni do pylenia Days to shedding	621,00**	14,04	71,83**	7,15**	1,62
Wysokość roślin (cm) Plant height	2966,88**	154,92	1112,73**	187,72**	71,17
Wysokość osadzenia pierwszej kolby (cm) Ear height	1853,36**	72,18	783,67**	106,80**	37,55
Długość kolby (cm) Ear length	13,26**	1,65	21,64**	2,16*	1,29
Grubość kolby (cm) Ear diameter	0,03	0,15	0,64**	0,08	0,05
Liczba rzędów ziaren Number of rows	1,92	0,40	18,64**	1,69*	0,95
Masa ziarna z kolby (g) Ear grain weight	9632,38**	126,31	1954,41**	210,67*	114,88

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

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

W przypadku wszystkich analizowanych cech stwierdzono większą wartość genetycznego komponentu wariancji od tego odpowiadającego interakcji linii z latami, co świadczy o niewielkim wpływie środowiska (tab. 2). Genotypowy współczynnik zmienności (GCV) wahał się w zakresie od 3,76% do 27,67%. Stosunkowo wysokie wartości przyjmował on w przypadku masy ziarna z kolby (27,67%), wysokości zawieszenia pierwszej kolby (18%), liczby rzędów ziaren (12,49%) oraz długości kolby (12,33%). Obliczone współczynniki odziedziczalności w szerokim sensie zawierały się w przedziale od 0,58 do 0,76 (tab. 2). Najniższą wartością h^2 charakteryzowała się wysokość roślin i grubość kolby (0,58), zaś najwyższą liczba rzędów ziaren (0,70) oraz liczba dni od siewu do pylenia (0,76). Uzyskane małe wartości błędu standardowego świadczą o dużej precyzji oszacowania współczynnika odziedziczalności w przypadku analizowanych w pracy cech (Singh i Ceccarelli, 1993). Wysokie wartości genetycznego współczynnika

zmienności oraz odziedziczalności dla masy ziarna z kolby, liczby rzędów ziaren, długości kolby i wysokości osadzenia pierwszej kolby wskazują, że istnieje możliwość poprawy powyższych cech na drodze selekcji, co znajduje potwierdzenie w pracy Hefny (2011).

Tabela 2

Wariancje fenotypowe (σ_p^2), genetyczne (σ_g^2), interakcje genotyp $\times$ środowisko (σ_{ik}^2), średnie, genotypowe współczynniki zmienności (GCV) oraz współczynniki odziedziczalności (h^2) badanych cech
Phenotypic (σ_p^2), genotypic (σ_g^2), genotype $\times$ years (σ_{ik}^2), variances, means, genetic coefficients of variation (GCV), and heritabilities (h^2) for investigated traits

Cecha Trait	σ_p^2	σ_g^2	σ_{ik}^2	Średnia Mean	GCV [%]	Odziedziczalność Heritability h^2	SE
Liczba dni do pylenia Days to pollen shed	14,25	10,78	1,84	87,44	3,76	0,76	0,025
Wysokość roślin (cm) Plant height	264,19	154,17	38,85	169,07	7,34	0,58	0,041
Wysokość osadzenia pierwszej kolby (cm) Ear height	173,44	112,81	23,08	59,00	18,00	0,65	0,034
Długość kolby (cm) Ear length	4,83	3,25	0,29	14,61	12,33	0,67	0,020
Grubość kolby (cm) Ear diameter	0,16	0,09	0,01	3,91	7,79	0,58	0,028
Liczba rzędów ziaren Number of rows	4,03	2,82	0,25	13,45	12,49	0,70	0,018
Masa ziarna z kolby (g) Ear grain weight	437,44	290,62	31,93	69,11	27,67	0,66	0,023

Tabela 3

Współczynniki korelacji prostej badanych cech
Simple correlation coefficients among investigated traits

	WR	WK	DK	GK	LRZ	MZK
PL	0,26*	0,45*	0,27*	0,08	0,05	0,28*
WR	—	0,71*	0,20*	0,19*	0,19*	0,27*
WK		—	0,04	0,01	0,12	0,13
DK			—	0,48*	0,17*	0,69*
GK				—	0,49*	0,71*
LRZ					—	0,57*

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

Obliczone fenotypowe współczynniki korelacji (tab. 3) wskazują na istnienie dodatniej zależności między masą ziarna z kolby, a liczbą dni do pylenia, wysokością roślin, długością i grubością kolby oraz liczbą rzędów ziaren. Dodatnią zależność stwierdzono również między wysokością osadzenia kolby, a liczbą dni do pylenia oraz wysokością roślin. Liczba rzędów ziaren była dodatnio skorelowana z grubością i długością kolby oraz wysokością roślin. Grubość kolby była dodatnio skorelowana z długością kolby i wysokością roślin. Podobne zależności między plonem a liczbą dni do pylenia, wysokością

roślin i wysokością osadzenia pierwszej kolby wykazał Badu-Aparku (2007), zaś między plonem a długością i grubością kolby (Oktem, 2008) oraz Mohammedi i in. (2003). W badaniach Mohammedi i in. (2003) wykazali ponadto istnienie dodatniej zależności między plonem a liczbą rzędów ziaren.

W celu dokładniejszej analizy zależności badanych cech wykonano analizę ścieżek, której wyniki przedstawiono w tabeli 4. Dodatni i istotny, chociaż o niewielkiej wartości, współczynnik korelacji między liczbą dni do pylenia a masą ziarna z kolby (0,28) wynikał niemal w takim samym stopniu z istotnego efektu bezpośredniego (0,11) oraz efektu pośredniego poprzez długość kolby (0,12). Na istotny współczynnik korelacji między wysokością roślin a masą ziarna z kolby (0,27) składa się nieistotny efekt bezpośredni dla wysokości roślin (0,04) oraz efekty pośrednie o niewielkiej wartości. Bezpośredni efekt długości kolby na masę ziarna z kolby jest istotny (0,45) i stanowi ok. 2/3 wartości współczynnika korelacji. Stwierdzono również znaczący wpływ pośredni poprzez grubość kolby (0,15). W przypadku grubości kolby efekt bezpośredni jest dodatni, statystycznie istotny (0,31) i stanowi blisko połowę wartości współczynnika korelacji między grubością kolby a masą ziarna z kolby. Wykazano również znaczący wpływ pośredni poprzez długość kolby (0,22, co stanowi ok. 1/3 wartości współczynnika korelacji) oraz poprzez liczbę rzędów ziaren na kolbie (0,16). Bezpośredni efekt liczby rzędów ziaren jest dodatni (0,33) i stanowi ponad połowę wartości współczynnika korelacji między liczbą rzędów ziaren, a masą ziarna z kolby. Wykazano również znaczący wpływ pośredni poprzez grubość kolby (0,15).

Tabela 4

Efekty bezpośrednie i pośrednie badanych cech na masę ziarna z kolby
Direct and indirect effects of predictor variables on ear grain weight

	PL	WR	WK	DK	GK	LRZ
PL	<u>0,11*</u>	0,03	0,05	0,03	0,01	0,01
WR	0,01	<u>0,04</u>	0,02	0,01	0,01	0,01
WK	0,00	0,00	<u>-0,01</u>	0,00	0,00	0,00
DK	0,12	0,09	0,02	<u>0,45*</u>	0,22	0,08
GK	0,02	0,06	0,00	0,15	<u>0,31*</u>	0,15
LRZ	0,01	0,06	0,04	0,06	0,16	<u>0,33*</u>
Współczynnik korelacji z MZK Correlation coefficient	0,28*	0,27*	0,13	0,69*	0,71*	0,57*

Efekty bezpośrednie podkreślono; Direct effects are underlined

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

Zarówno analiza korelacji jak i analiza ścieżek Wrighta pozwoliła stwierdzić, iż na masę ziarna z kolby największy wpływ, zarówno w sposób bezpośredni jak i pośredni, mają długość i grubość kolby, liczba rzędów ziaren oraz w mniejszym stopniu wczesność wyrażona za pomocą liczby dni do pylenia. Powyższe wnioski dotyczące bezpośredniego wpływu długości kolby i liczby rzędów ziaren znajdują potwierdzenie w pracach innych autorów Mohammedi i in. (2003), Oktem (2008).

WNIOSKI

1. Na podstawie analizy wariancji stwierdzono istotny wpływ środowisk na zmienność badanych cech.
2. W przypadku trzech cech, tj. wysokości zawieszenia pierwszej kolby, liczby rzędów ziaren i masy ziarna z kolby, wysokie wartości genotypowego współczynnika zmienności oraz stosunkowo wysoka odziedziczalność tych cech, stwarza możliwość ich poprawy na drodze selekcji.
3. Masa ziarna z kolby w największym stopniu jest determinowana przez długość i grubość kolby oraz liczbę rzędów ziaren.

LITERATURA

- Badu-Aparku B. 2007. Genetic variances and correlations in early tropical white maize population after three cycles of recurrent selection for Striga resistance. *Maydica* 52: 205 — 217.
- Hefny M. 2011. Genetic parameters and path analysis of yield and its components in corn inbred lines (*Zea mays* L.) at different sowing dates. *Asian Journal of Crop Science* 3 (3): 106 — 117.
- Holland J. B., Nyquist W. E., Cervantes-Martinez C. T. 2003. Estimating and interpreting heritability for plant breeding: An update. *Plant Breeding Reviews* 22: 9 — 112.
- Lee E. A., Kannenberg L.W. 2004. Effect of inbreeding method and selection criteria on inbred and hybrid performance. *Maydica* 49: 191 — 197.
- Mądry W., Pietrzykowski R. 1995. Analiza współczynników ścieżek dla cech rozwijających się w trakcie ontogenezy oraz plonu ziarna pszenżyta ozimego. *Roczniki Nauk Rolniczych*, tom 3 z. 3-4: 9 — 21.
- Mohammadi S. A., Prasanna B. M., Singh N. N. 2003. Sequential path model for determining interrelationships among grain yield and related characters in maize. *Crop Science* 43: 1690 — 1697.
- Oktem A. 2008. Determination of selection criterions of sweet corn using path coefficient analyses. *Cereal Research Communications* 36 (4): 561 — 570.
- Singh M., Ceccarelli S., Hamblin J. 1993. Estimation of heritability from varietal trials data. *Theoretical and Applied Genetics* 86: 437 — 441.
- Tefera H., Assefa K., Hudera F., Kefyalew T., Tefera T. 2003. Heritability and genetic advance in recombinant inbred lines of tef (*Eragrostis tef*). *Euphytica* 131: 91 — 96.
- Troyer A. F. 1990. A retrospective view of corn genetic resources. *Journal of Heredity* 81: 17 — 24.
- Williams W. A., Demment M. W., Jones M. B. 1990. A Concise Table for Path Analysis Statistics. *Agronomy Journal* 82: 5: 1022 — 1024.
- Wright S. 1934. The method of path coefficient. *Annals of Math. Stat.* 5: 161 — 215.

LESZEK DOMAŃSKI¹**DARIUSZ R. MAŃKOWSKI**²**BOGDAN FLIS**¹**HENRYKA JAKUCZUN**¹**EWA ZIMNOCH-GUZOWSKA**¹¹ Zakład Genetyki i Materiałów Wyjściowych Ziemniaka, Oddział Młochów² Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB w Radzikowie

Wielocechowa analiza różnorodności fenotypowej mieszańców ziemniaka uzyskanych z krzyżowań tetraploid × diploid

Multivariate analysis of phenotypic diversity in the tetraploid × diploid hybrid progenies of potatoes

Osiemdziesiąt rodów ziemniaka uzyskanych z czterech interploidalnych krzyżowań $4x-2x$ zostało ocenione na 12 cech użytkowych, w tym morfologii bulw, w Instytucie Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Oddział Młochów w latach 2008–2009. Celem badań była ocena genotypowej różnorodności wśród rodów ziemniaka i uzyskanie wglądu w strukturę wielocechowej zmienności. Analiza składowych głównych (PCA) wyodrębniła pięć składowych głównych, które wyjaśniały 78,4% łącznej wariancji wśród rodów ziemniaka. Wykazana przez analizę PCA genotypowa różnorodność potomstwa $4x-2x$ daje szansę na wyselekcjonowanie wartościowych tetraploidalnych rodów zarówno na jadalny, jak i przetwórczy kierunek użytkowania. Spośród wyodrębnionych pięciu składowych głównych pierwsze trzy były najważniejsze. Pierwsza składowa (29,9% zmienności) była głównie skorelowana z regularnością kształtu, głębokością oczek i ciemnieniem enzymatycznym. Druga składowa, tłumacząca 16% łącznej zmienności była dodatnio skorelowana z plonem bulw, średnią masą bulwy i spłaszczeniem bulw. Trzecia składowa, wyjaśniająca 13,2% łącznej zmienności była pozytywnie skorelowana z zawartością skrobi i barwą chipsów.

Słowa kluczowe: analiza składowych głównych, zmienność wielocechowa, ziemniak

Eighty potato clones derived from interploid crosses $4x-2x$ were evaluated for 12 tuber morphological and agronomic traits at the Plant Breeding and Acclimatization Institute — National Research Institute, Research Center Młochów during 2008–2009. The objective of the research was to assess the genotypic diversity among potato clones and to gain insight into the structure of multivariable variation. The principal component analysis (PCA) distinguished five principle components which explained 78.4% of the total variance among potato clones. The demonstrated genotypic diversity of $4x-2x$ progenies gives the chance for selecting valuable tetraploid clones for both table and processing use. Out of five PCs, the first three were the most important. The first PC (29.9% of total variance) was mostly correlated with shape regularity, depth of eyes and enzymatic browning. The second PC, that

explained 16.2% of the total variance, was positively correlated with tuber yield, mean tuber weight and tuber flatness. The third PC explaining 13.2% of the total variance was positively correlated with starch content and chip colour.

Key words: multivariable variation, potato, principal component analysis

WSTĘP

Złożone mieszańce międzygatunkowe ziemniaka diploidalnego, otrzymane w efekcie kilkunastoletniej kumulacji alleli genów wielu cech jakościowych i odpornościowych (Jakuczun i Wasilewicz-Flis., 2006; Hayes i Thill, 2002; Zimnoch-Guzowska, 2003; Haynes i Lu, 2005) są obecnie ważnym źródłem form rodzicielskich w pracach hodowlanych nad uzyskaniem nowych materiałów wyjściowych (MW) i odmian ziemniaka. Ta diploidalna germplazma *Solanum* wzbogaca zmienność tetraploidalnych MW w IHAR — PIB, Oddział Młochów w trzech wiodących kierunkach użytkowania ziemniaka: jadalne o wysokich walorach kulinarnych, przydatne do przetwórstwa (chipsy, susze), skrobiowe.

Programy hodowlano-badawcze ukierunkowane na wytworzenie MW dla hodowli ziemniaka jadalnego, jak również na cele przetwórstwa spożywczego, zakładają równoległe doskonalenie szeregu cech (Zimnoch-Guzowska i Flis, 2006) uwzględniających zarówno aspekty produktywności, jakości, jak i odporności na agrofagi. Materiały hodowlane w ramach tych kierunków hodowli oceniane są więc pod względem wielu cech, już w początkowej fazie selekcji (I–III rozmnożenie wegetatywne).

Zgromadzone obserwacje dla tych cech (obserwacje wielowymiarowe) umożliwiają zastosowanie statystycznych metod wielowymiarowych do wykonania wielocechowej analizy zmienności cech. Analizy tego typu, znajdują obecnie zastosowanie przy charakterystyce kolekcji zasobów genowych roślin uprawnych (Mohmmadi i Prasanna, 2003; Sieczko i in., 2004; Martinez-Calvo i in., 2007; Mądry, 2007; Mańkowski i in. 2009; Studnicki i in., 2009; Ukalski i in., 2007).

Celem pracy była ocena fenotypowej różnorodności wśród 80 mieszańców ziemniaka, uzyskanych z próbnych krzyżowań typu tetraploid x diploid i uzyskanie wglądu w strukturę wielocechowej zmienności potomstwa z krzyżowań $4x-2x$.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy

Trzy diploidalne formy rodzicielskie wyselekcjonowane pod kątem zdolności do tworzenia $2n$ gamet i wysokiej jakości kulinarnej (DG.03-131, DG.03-170) lub wysokiej jakości przetwórczej na chipsy (DG.03-277), zostały wykorzystane jako formy ojcowskie w krzyżowaniach z wartościowymi tetraploidalnymi rodami. Ogółem 80 klonów, pochodzących z czterech krzyżówek typu $4x-2x$, zostało wysadzonych w 2008–2009, na polu hodowlanym IHAR Młochów. Dwadzieścia klonów, pobranych losowo z każdej rodziny, ich rodzice i trzy odmiany wzorcowe zostały wysadzone na 3-krzakowych poletkach w dwóch powtórzeniach, w układzie losowanych bloków. Zastosowano typowy

dla plantacji ziemniaka jadalnego program nawożenia i ochrony, natomiast nie stosowano deszczowania.

Na każdym z poletek oceniono 12 cech: plon bulw (PB), zawartość skrobi (SKR), średni ciężar bulwy (SCB), ciemnienie enzymatyczne (CE), barwę chipsów (BCH), wydłużenie bulw (TK), regularność kształtu bulw (RKB), głębokość oczek (GO), wygląd skórki (WSK), spłaszczenie bulw (SPB), frekwencję bulw spiczastych (FBSP), frekwencję bulw z objawami wtórnego wzrostu (FBWW). Cechy: CE, BCH, TK, RKB, GO, WSK, SPB oceniano w skali 1–9, gdzie: 1 — ocena najniższa, 9 — ocena najwyższa. Dalsze metodyczne szczegóły, dotyczące opisów morfologicznych i testów smażenia, zawarte są w pracy Domańskiego i in. (2010).

Przebieg analizy statystycznej wyników

Obserwacje cech FBSP i FBWW zawierające dane procentowe, przed rozpoczęciem analiz wielowymiarowych, przybliżano do rozkładu normalnego przy zastosowaniu transformacji Blissa. Wielowymiarowe dane doświadczalne poddano analizie składowych głównych (PCA) za pomocą procedury PRINCOMP pakietu statystycznego SAS 9.2 (SAS Institute Inc., 2009). Analizę PCA z uwagi na fakt, że zmienne były wyrażane w różnych jednostkach, przeprowadzono w oparciu o macierz korelacji.

WYNIKI I DYSKUSJA

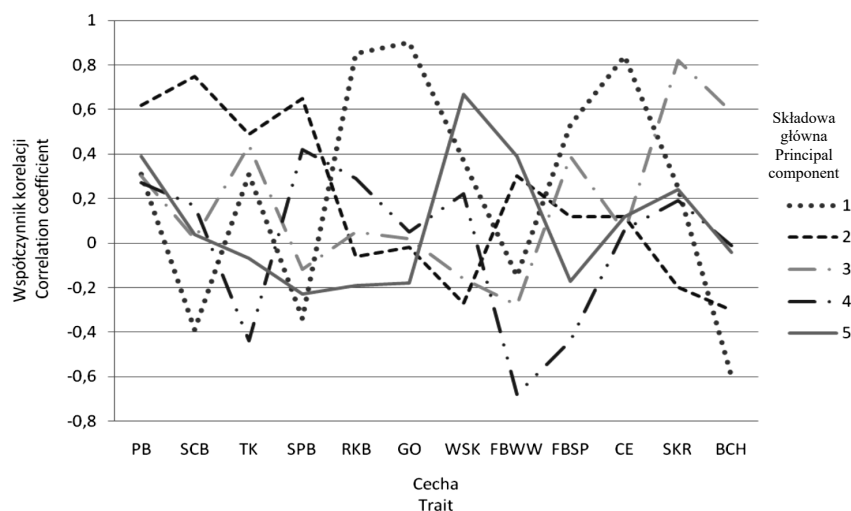
Wyniki analizy składowych głównych dla danych uśrednionych, dla rodów w latach badań, przedstawiono w tabeli 1. Uwzględniając kryterium wartości własnej i test osypiska (Timm, 2002), do dalszej analizy wybrano pierwsze pięć składowych głównych z wartościami własnymi co najmniej równymi 1 lub też większymi.

Pięć wyodrębnionych składowych głównych wyjaśniało 78,37% łącznej zmienności średnich genotypowych rozważanych cech. Rysunek 1 ilustruje profile zmienności rozpatrywanych cech w pierwszych pięciu składowych głównych. Pierwsza składowa wyjaśniała 29,92% łącznej zmienności potomstwa $4x-2x$ i była dość silnie skorelowana z cechami: głębokości oczek, regularności kształtu bulw i ciemnienia enzymatycznego, zaś mniej ściśle z frekwencją bulw spiczastych. Tak więc, klony odznaczające się płytkim osadzeniem oczek i regularnym kształtem bulw charakteryzowały się także mniejszą skłonnością do ciemnienia enzymatycznego miąższu bulw. Druga składowa tłumaczyła 16,23% łącznej zmienności potomstwa $4x-2x$ i pochodziła głównie ze zróżnicowania takich cech jak: plon bulw, średni ciężar bulwy i spłaszczenie bulw. Trzecia składowa główna, przenosząca 13,21% łącznej zmienności klonów była dość silnie skorelowana z zawartością skrobi i barwą chipsów. Czwarta składowa główna wyjaśniała 10,84% łącznej zmienności potomstwa $4x-2x$ i pochodziła głównie ze zróżnicowania klonów pod względem występowania w nich bulw z objawami wtórnego wzrostu. Piąta składowa główna wyjaśniała 8,17% i była skorelowana głównie z wyglądem skórki.

Tabela 1

Wartości i wektory własne dotyczące pięciu pierwszych składowych głównych (PC) dla 12 cech 80 rodów ziemniaka
Eigen values and eigenvectors concerning the first five principal components (PC) for 12 traits of 80 potato clones

Cecha Trait	Wektory własne — Eigenvectors				
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
PB — plon bulw — tuber yield (kg/3-hills plot)	0,16	0,45	0,24	0,24	0,39
SCB — średnia waga bulwy — mean tuber weight (g)	-0,21	0,54	0,02	0,15	0,04
TK — wydłużanie się bulwy — tuber elongation (sc. 1–9, 9 = long)	0,17	0,35	0,35	-0,38	-0,08
SPB — tuber flatness — spłaszczenie bulwy (sc. 1–9, 9 = round at transversal section)	-0,18	0,47	-0,10	0,36	-0,23
RKB — regularność kształtu bulwy — regularity of tuber shape (sc. 1–9, 9 = very regular shape)	0,45	-0,05	0,04	0,26	-0,19
GO — głębokość oczka — depth of eyes (sc. 1–9, 9 = very shallow)	0,47	-0,01	0,01	0,04	-0,18
WSK — wygląd skórki — skin appearance (sc. 1–9, 9 = very thin and shine)	0,20	-0,19	-0,13	0,20	0,67
CE — brązowienie enzymatyczne — enzymatic browning (sc. 1–9, 9 = no browning)	0,44	0,08	0,04	0,06	0,12
FBWW — frekwencja bulw z objawami wtórnego wzrostu; frequency of tubers with secondary growth pointed ends (%)	-0,08	0,21	-0,22	-0,59	0,40
FBSP — frekwencja bulw spiczastych frequency of tubers with pointed ends (%)	0,28	0,08	0,31	-0,38	-0,17
SKR — zawartość skrobi — starch content (%)	-0,13	-0,14	0,65	0,17	0,25
BCH — kolor frytek — chip colour (sc. 1–9, 9 = light)	-0,32	-0,21	0,47	-0,01	-0,04
Wartość własna — Eigenvalue	3,59	1,95	1,58	1,30	0,98
Wyjaśniony % ogólnej zmienności cech The explained % of the multivariate variance	29,92	16,23	13,21	10,84	8,17
Sumaryczny % wyjaśnionej zmienności The cumulative % of the explained variance	29,92	46,15	59,36	70,20	78,37



Cechy patrz tabela 1 — Traits see table 1

Rys. 1. Profile zmienności cech w pierwszych pięciu składowych głównych
Fig. 1. Pattern profiles of the first five principal components

Wykresy konfiguracji punktów reprezentujących klony ziemniaka w układach dwuwymiarowych przestrzeni z udziałem składowych głównych: PC1 i PC2, PC1 i PC3, PC2 i PC3 nie prezentowane w tej pracy, ze względu na słabą czytelność zagęszczonych punktów, posłużyły do wydzielenia wartościowych klonów, umiejscowionych w I-szych ćwiartkach układu współrzędnych (tab. 2). Wśród grupy genotypów zlokalizowanych w I ćwiartce z dodatnimi wartościami współrzędnych PC1 i PC2 przeważały formy o typie użytkowym jadalnym. Pozostałe dwie grupy zawierały głównie genotypy przydatne do przetwórstwa skrobiowego lub też przetwórstwa spożywczego. Wynik takiego grupowania dobrze korespondował z wynikami wstępnej selekcji, przeprowadzonej metodą niezależnych poziomów brakowania, na tym samym materiale hodowlanym (Domański i in., 2010).

Tabela 2

Grupy rodów ziemniaka z dodatnimi wartościami współrzędnych w dwuwymiarowych płaszczyznach składowych głównych (I- ćwiartki)
Groups of potato clones with a positive values of coordinates in the two-dimensional spaces of principal components (I- quadrants)

Składowe główne Principal components	Liczebność Count	Selekcjonowane genotypy Genotypes selected
PC1 and PC2	rody: 19 clones	A-1; A-5; A-8; A-13; A-16; A-17 B-8; B-9; B-11; B-12; B-19; B-20 C-9; C-14; C-15; C-16; C-17; C-18; C-20
	odm. wzorcowe: 2 standard cultivars	Syrena; Tokaj
	rodzice: 1 parents	M-62819
PC1 and PC3	rody: 22 clones	A-1; A-2; A-7; A-8; A-11; A-13; A-14; A-16; A-17; A-18; A-19; B-5; B-7; B-8; B-11; B-20 C-3; C-6; C-12; C-17; C-18; C-19
	rodzice: 1 parents	M-62819
PC2 and PC3	rody: 18 clones	A-1; A-8; A-12; A-13; A-15 B-3; B-8; B-11 C-3; C-12; C-15; C-17; C-18 D-2; D-3; D-14; D-17; D-19
	rodzice: 2 parents	M-61819; M-62840

Pochodzenie — Origin: M-62819 × DG.03-131 (A); M-62819 × DG.03-170 (B); M-62840 × DG.03-170 (C); M-62840 × DG.03-277 (D)

Wykazana za pomocą analizy PCA genotypowa różnorodność w potomstwie $4x-2x$ daje szansę na wyselekcjonowanie wartościowych, tetraploidalnych klonów ziemniaka zarówno na kierunek użytkowania jadalnego (do bezpośredniego spożycia), jak i przetwórstwa spożywczego (chipsy, susze) oraz przetwórstwa na skrobię.

WNIOSKI

1. Zastosowanie analizy składowych głównych pozwoliło na wyodrębnienie pięciu składowych odpowiedzialnych za 78% łącznej zmienności średnich genotypowych rozważanych cech.
2. Wyróżnienie grup rodów z dodatnimi wartościami współrzędnych w dwuwymiarowych przestrzeniach składowych głównych dotyczących cech morfologicznych bulw, cech plonotwórczych i technologicznych jest narzędziem usprawniającym wstępną selekcję w materiale hodowlanym.
3. Badane potomstwo z próbnych krzyżowań typu tetraploid $\times$ diploid odznaczało się dużą zmiennością fenotypową obiektów dla rozpatrywanych cech morfologii bulw, cech plonotwórczych i technologicznych.

LITERATURA

- Domański L., Flis B., Jakuczun H., Zimnoch-Guzowska E. 2010. Zmienność cech technologicznych i morfologicznych w potomstwie uzyskanym z krzyżowań interploidalnych $4x-2x$. Biul. IHAR 257/258: 57 — 69.
- Hayes R. J., Thill Ch. A. 2002. Co-current introgression of economically important traits in a potato – breeding program. Amer. J. of Potato Res. 79: 173 — 181.
- Haynes K. G., Lu W. 2005. Improvement at the diploid species level. In: Genetic Improvement of *Solanaceous* crops. Volume I: Potato. Razdan M.K., Motto A.K. (Eds): 101 — 114. Science Publishers, Inc. Enfield (NH), USA, Plymouth, UK.
- Jakuczun H., Wasilewicz-Flis I. 2006. Przenoszenie zmienności genetycznej wybranych cech z ziemniaka diploidalnego na poziom tetraploidalny w IHAR w latach 1996–2005. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 511: 131 — 140.
- Mańkowski D. R., Laudański Z., Martyniak D., Flaszka M. 2009. Struktura wielocechowej zmienności odmianowej wiechliny (*Poa pratensis* L.). Biul. IHAR 254: 189 — 200.
- Martinez-Calvo J., Gisbert A. D., Alamar C. M., Hernandorena R., Romeo C. 2007. Study of germplasm collection of loquat (*Eriobotrya japonica* Lindl.) by multivariate analysis. Genetic Resources and Crop Evolution 55: 695 — 703.
- Mądry W. 2007. Metody statystyczne do oceny różnorodności fenotypowej dla cech ilościowych w kolekcjach roślinnych zasobów genowych. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. 517: 21 — 41.
- Mohammadi S. A., Prasanna B. M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants — salient statistical tools and considerations. Crop Sci. 43: 1235 — 1248.
- SAS Institute Inc. 2009. SAS OnlineDoc® 9.2 Cary NC.
- Sieczko L., Mądry W., Zieliński A., Paderewski J., Urbaś-Szwed K. 2004. Zastosowanie analizy składowych głównych w badaniach nad wielocechową charakterystyką zmienności genetycznej w kolekcji zasobów genowych pszenicy twardej (*Triticum durum* L.). Coll. Biom. 34: 223 — 239.
- Studnicki W., Mądry W., Śmiałowski T. 2009. Wielocechowa analiza różnorodności fenotypowej w kolekcji roboczej pszenicy jarej. Biul. IHAR 252: 91 — 104.
- Timm N. A. 2002. Applied multivariate analysis. Springer Verlag Inc., New York, USA
- Ukański K., Kociuba W., Mądry W., Ukalska J. 2007. Wielowymiarowa ocena zmienności fenotypowej w kolekcji zasobów genowych pszenicy jarej. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. z. 517: 767 — 774.
- Zimnoch-Guzowska E. 2003. Wykorzystanie form diploidalnych ziemniaka w pracach hodowlanych i genetycznych. Post. Nauk Roln. 1: 47 — 66.
- Zimnoch-Guzowska E., Flis B. 2006. Genetyczne podstawy cech jakościowych ziemniaka. Zesz. Probl. Post. Nauk Rol. z. 511: 23 — 36.

WOJCIECH RYBIŃSKI¹**JAN BOCIANOWSKI²****SZYMON DZIAMBA³**¹ Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu³ Katedra Szczegółowej Uprawy, Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie

Zmienność cech ilościowych u wybranych odmian lokalnych lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)

Variation of quantitative traits in Polish local grasspea accessions (*Lathyrus sativus* L.)

W latach 2004–2006 w warunkach pola doświadczalnego IGR PAN w Poznaniu założono doświadczenia polowe z 40 obiektami reprezentującymi lokalne odmiany lędźwianu siewnego z Podlasia i innych regionów wschodniej Polski. Oceniono termin kwitnienia oraz jedenaście cech ilościowych związanych z cechami plonotwórczymi roślin. Uzyskane wyniki opracowano statystycznie za pomocą wieloczechowej analizy statystycznej. Dwuczynnikowa analiza wariancji (obiekty, lata) pozwoliła stwierdzić istotne różnice pomiędzy obiektami dla długości i szerokości strąka, liczby nasion ze strąka, i masy 1000 nasion. Rok badań determinował zmienność wszystkich badanych cech za wyjątkiem liczby nasion ze strąka. Nie stwierdzono interakcji genotypy × lata dla wszystkich obserwowanych cech lędźwianu. Analizowane obiekty charakteryzowały się szerokim zakresem zmienności cech. Najbardziej korzystnym pod względem cech plonotwórczych okazał się pierwszy oraz drugi rok badań. Pośród analizowanych dwunastu cech aż dla dziewięciu uzyskano najwyższe wartości średnich w pierwszym roku, w drugim dla trzech, a w trzecim dla żadnej z cech. Najbardziej różnicującym z kolei okazał się drugi rok badań, w którym najwyższe wartości współczynnika zmienności obserwowano dla siedmiu cech, w pierwszym dla pięciu, a w trzecim dla żadnej. Cechami wyróżniającymi analizowane obiekty były między innymi: barwa kwiatu i okrywy nasiennej, kształt strąka i nasion. MTN charakteryzuje się szerokim zakresem zmienności. MTN była istotnie i pozytywnie skorelowana z szerokością strąka i masą nasion ze strąka a ujemnie z liczbą nasion ze strąka i z rośliny. Wyrażając stopień podobieństwa obiektów pod względem analizowanych cech łącznie, najmniejszym podobieństwem od kilku obiektów (DZ: 21; 31; 38; 26; 7; 30, 6; 51; 37) charakteryzowała się forma DZ 2. Na podstawie wyliczonych odległości Mahalanobisa wyróżniono pary obiektów o największym, jak i najmniejszym podobieństwie, wskazując na szeroki zakres zróżnicowania analizowanego materiału pod względem kompleksu ocenianych cech. Umożliwia to efektywną selekcję najbardziej obiecujących genotypów jako materiału rodzicielskiego do krzyżowań i tym samym ulepszenia krajowych odmian lędźwianu siewnego.

Słowa kluczowe: cechy ilościowe, doświadczenia polowe, formy lokalne, *Lathyrus sativus*, wieloczechowa metoda statystyczna

The field trials were conducted in 2004–2006 in conditions of experimental field of Cerekwica. For experiment 40 accessions (landraces) derived from Podlasie and other regions of West Poland were chosen. The flowering time and eleven quantitative traits connected with yield structure were assessed. Obtained results were analyzed with a use of multivariate statistical method. A two-way analysis of variance (genotypes, years) allowed to detect significant differences between objects concerning pod length and width, seed number per pod as well as weight of 1000 seeds. The genotypes $\times$ years interactions had no significant effect on any of the analyzed traits. Analyzed objects presented a broad range of variability in tested traits. In analyzed years of field trials the most promising yield parameters were observed in the first year and at the lower level in the second. Among the 12 estimated traits, for nine traits the highest mean values were observed in the first year, for three in the second one and for none in third year. The second year had the biggest influence on variability of traits. In this year the highest coefficient of variation were obtained for seven traits, for five in first and for none in third year. Flower and seed coat colour, pod and seed shape belong to traits which allowed to distinguish analyzed forms: 1000 seed weight showed a very broad range of variation for analyzed forms. Weight of 1000 seeds showed significant and positive correlation with width of pod and weight of seeds per pod and a negative one with seed number per pod and per plant. The similarity of objects for all traits together on phenotypic level were expressed by Mahalanobis distance. The lowest similarity was observed for accession DZ 2, as compared to DZ: 21; 31; 38; 26; 7; 30, 6; 51; 37. On the basis of Mahalanobis distance we identified pairs of accessions with highest and lowest similarities indicating broad range of phenotypic variability of landraces derived from Podlasie region and another part of West Poland. This allowed an effective selection of most promising genotypes for parental initial material for crosses and improvement of domestic cultivars of grasspea.

Key words: field trials, *Lathyrus sativus*, accessions, multivariate statistic methods, quantitative traits

WSTĘP

Lędwian siewny należy do najstarszych gatunków uprawnych, a znany był już 8000 lat przed Chrystusem (Lambein i Kuo, 1997). Historia uprawy lędwianu na terenie Polski nie jest bliżej znana. Według Milczaka i in. (1997) lędwian siewny dotarł do Polski (rejon Podlasia) towarzysząc soczewicy jako chwast już w XVII wieku wraz z osadnictwem tatarskim. W miarę ekspansji obu gatunków na dalsze tereny, przewagę adaptacyjną uzyskiwał lędwian siewny, stając się z czasem gatunkiem dominującym. Wspomina o nim w encyklopedii rolniczej polski przyrodnik żyjący w XVIII wieku ks. Krzysztof Kluk (Dziamba, 1997). Pierwsze dane o hodowli lędwianu w Polsce (rejon Gdańska) pochodzą z 1937 roku. Po zakończeniu wojny prace kontynuowano w Państwowym Instytucie Naukowym Gospodarstwa Wiejskiego w Bydgoszczy jak również w IUNG w Bydgoszczy oraz Zakładach Doświadczalnych IUNG w Minikowie i Poświętnym, koncentrując się głównie na lędwianie afrykańskim (Mackiewicz, 1956). W latach sześćdziesiątych zaniechano dalszych prac aż do roku 1991.

W końcu lat osiemdziesiątych ubiegłego stulecia poszukując na rynku nasion soczewicy rodzimej, w sklepie spożywczym w Lubartowie natrafiono na drobnonasienną formę lędwianu, sprzedawanego jako soczewica. W wyniku uzyskanych informacji okazało się, że materiał ten od dawna ceniony jest na Podlasiu jako warzywo, pod tą właśnie nazwą (Milczak i in., 1997). Pierwsze doświadczenia przeprowadzone w Białej koło Radzyna Podlaskiego w 1991 roku, szczególnie suchym, co skłoniło do dalszych badań i rozpoczęcia selekcji indywidualnej, a prowadzenie hodowli twórczej w Nochowie od roku 1993 doprowadziło do rejestracji dwóch odmian lędwianu siewnego: Derek i Krab. Mimo

uzyskania niewątpliwego postępu hodowlanego i niezaprzeczalnych zalet użytkowych, lędzwan siewny nadal ma marginalne znaczenie w polskim rolnictwie. Jedną z przyczyn tego stanu rzeczy jest konieczność poprawienia wielu niekorzystnych cech jak również mało poznana pula genowa, którą reprezentują w Polsce dwie uzyskane odmiany oraz nieliczne formy lokalnie uprawiane dotąd na Podlasiu.

Biorąc pod uwagę zachodzące zmiany klimatyczne, walory żywieniowe (prozdrowotne) i priorytetowe znaczenie odporności roślin na stresy abiotyczne, w ostatnim czasie coraz większego znaczenia nabierają prace badawcze nad niedocenianymi i marginalnymi gatunkami roślin często o znaczeniu lokalnym. Potrzeby bytowe społeczeństw zaspakajane są między innymi przez zróżnicowaną paletę roślin uprawnych. Jednakże wśród nich, tylko niewielka liczba jest wykorzystywana jako główne źródło zaspakajania potrzeb żywnościowych. Badania rolnicze tradycyjnie skupiają się na gatunkach podstawowych, podczas gdy niewiele uwagi poświęca się gatunkom drugorzędnym pomijanych przez naukowców, zwłaszcza w krajach rozwiniętych. Gatunki takie z reguły traktowane są jako mało atrakcyjne. Inaczej niż gatunki wiodące, wiele gatunków marginalnych jest doskonale zaadaptowanych do skrajnych warunków środowiskowych jak między innymi do terenów wyżynnych, terenów suchych czy gleb o znacznym zasoleniu. Ponadto wiele gatunków uprawnych o marginalnym znaczeniu w skali globalnej ma duże znaczenie na poziomie krajowym, a zwłaszcza regionalnym, dostarczając często żywności w określonych porach wegetacji lub będącej lokalnie ważnym elementem dobrze zbalansowanej diety. Czynnikiem ograniczającym upowszechnienie wielu niedocenianych gatunków jest brak wyczerpującej informacji o ich właściwościach rolniczych. Do takich gatunków należy także obecny w Polsce od ponad 200 lat lędzwan siewny.

Według Milczka i in. (1997, 2001) lędzwan siewny stanowi ważną roślinę proekologiczną i wyróżnia się kompleksem takich cech, jak odporność na niskie temperatury, wybitna odporność na suszę, tolerancja na rodzaj gleb, wyższa odporność na pęknięcie dojrzałych strąków niż groch, odporność polowa na choroby grzybowe i niską podatnością na uszkodzenia wywołane przez pachóweczkę strąkóweczkę. Nie bez znaczenia jest również pozytywna rola lędzwanu w płodozmianie. Głęboki system korzeniowy i zielona masa stanowią istotny dodatek masy organicznej, czemu towarzyszy uruchamianie nierozpuszczalnych substancji pokarmowych i ich transport z niższych warstw gleby, przy poprawie jej pojemności wodnej (Lazanyi, 2000). Z uwagi na swe unikalne właściwości w obrębie rodzaju *Lathyrus*, lędzwan siewny uznany został za modelową roślinę dla potrzeb rolnictwa zrównoważonego (Vaz Patto i in., 2006).

MATERIAŁ I METODY

Do doświadczenia polowego przeprowadzonego w latach 2004–2006 na polu doświadczalnym Instytutu Genetyki Roślin PAN w Cerkwicy wybrano 40 odmian lokalnych pochodzących z Podlasia i przyległych regionów wschodniej Polski pochodzących ze zbiorów prof. Szymona Działmy (UP Lublin). Nasiona wysiewano na poletkach w doświadczeniu założonym w układzie bloków losowanych w trzech

powtórzeniach w rozstawie 70 cm × 25 cm. Oprócz określenia terminu kwitnienia, wyrażonego liczbą dni od wysiewu (TK), po zbiorze roślin (na 15 losowo wybranych roślinach z każdego powtórzenia) oceniono wartości następujących cech: wysokość roślin (WS), wysokość osadzenia najniżej na roślinie zawiązanego strąka (WOS), liczbę rozgałęzień (LR), liczbę strąków z rośliny (LSR), długość i szerokość strąka (DS i SZS), liczbę i masę nasion ze strąka pędu głównego (LNS i MNS), liczbę i masę nasion z rośliny (LNR i MNR) oraz masę 1000 nasion (MTN).

Dwuczynnikowa analiza wariancji (ANOVA) została przeprowadzona w celu zweryfikowania hipotez o braku wpływu obiektów oraz lat, jak również interakcji genotypy × lata na obserwowane cechy. Obliczono wartości minimalne, średnie i maksymalne oraz współczynniki zmienności dla badanych cech. Ocena współzależności obserwowanych cech dokonana została w oparciu o odpowiednie współczynniki korelacji, estymowane na podstawie średnich genotypowych z trzech lat. Uzyskane wyniki analizowano również za pomocą metod wielowymiarowych (Caliński i Kaczmarek, 1973; Rencher, 1992). Wielowymiarowe różnicowanie obiektów kolekcji określono na podstawie odległości Mahalanobisa (Mahalanobis, 1936). W celu przedstawienia wielocechowej oceny podobieństwa genotypów zastosowano analizę zmiennych kanonicznych (Camussi i in., 1985; Rencher, 1992). Umożliwia ona zobrazowanie różnicowania obiektów pod względem dwunastu cech w formie graficznej. Wszystkie obliczenia w analizie danych wykonano za pomocą pakietu statystycznego GenStat Release 10.1 (GenStat, 2007).

WYNIKI I DYSKUSJA

Środkowo-wschodnie tereny kraju (Podlasie i ziemie przyległe) stanowią cenne źródło starych historycznie materiałów wyjściowych do hodowli takich roślin jak: lędźwian siewny, soczewica i „słodka” wyka siewna. Według Milczka i in. (1997), jednym ze skarbów ziemi polskiej, a ściślej mówiąc Podlasia jest lędźwian siewny — uprawiany od dawnych czasów pod nazwą „soczewica”, z różnymi lokalnymi przydomkami: podlaska, biała, ruska itp. Nazwa ta ma niewątpliwie związek z pochodzeniem materiału wyjściowego, natomiast teren uprawy pokrywa się w zasadzie z osadnictwem Tatarów w XVII wieku. Należy też nadmienić, że biblijna soczewica (*Lens culinaris*) jest gatunkiem pierwotnym, pochodzącym z Azji Mniejszej, natomiast wspomniany lędźwian siewny (*Lathyrus sativus*) jest gatunkiem wtórnym, bowiem towarzyszy soczewicy jako chwast (podobnie jak wyka siewna), który przy przesuwaniu uprawy gatunku głównego na tereny mniej korzystne dla soczewicy (zakwaszenie gleb, większe ilości opadów) zdominował populację i stał się gatunkiem wiodącym. Podobny przykład dominacji gatunku wtórnego nad pierwotnym, z tym, że na glebach zwięzłych, można spotkać w okolicy Starego Zamościa (tereny osadnictwa ormiańskiego, tureckiego, greckiego), w XVI wieku, gdzie z kolei „słodka” wyka siewna (*Vicia sativa*) uprawiana jest w ogrodach przydomowych i użytkowana kulinarnie jako soczewica. Podobnie jak w innych krajach (Tavoletti i Capitani, 2000) we wschodnich rejonach Polski jak dotąd zachowały się lokalne odmiany lędźwianu. Głównie na Podlasiu uprawiany jest na niewielką skalę, po części na

przedomowych działkach i służy głównie jako roślina warzywna dla własnej konsumpcji, jak i do wytwarzania coraz bardziej popularnych ekologicznych lokalnych produktów spożywczych. Należą do nich między innymi kotlety mięsno-łędźwianowe, paluszki łędźwianowi, czy sałatka i zupa łędźwianowa (Lesisz, 1997), a na szerszą skalę nasiona o dojrzałości mleczno-woskowej wykorzystywane są w przemyśle warzywnym (Lisiewska i in., 1997).

Przeprowadzona dwuczynnikowa (genotypy, lata) analiza wariancji pozwoliła stwierdzić istotne różnice pomiędzy obiektami dla długości i szerokości strąka, liczby nasion ze strąka i MTN. Rok badań determinował zmienność wszystkich badanych cech za wyjątkiem liczby nasion ze strąka. Nie stwierdzono interakcji genotypy $\times$ lata dla wszystkich obserwowanych cech łędźwianu (tab. 1).

Tabela 1

Średnie kwadraty z analizy wariancji dla badanych cech krajowych odmian lokalnych łędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)
Mean squares from analysis of variance for the investigated traits for local forms of grasspea (*Lathyrus sativus* L.)

Źródło zmienności Source of variation	Genotyp (G) Genotype (G)	Rok (R) Year (Y)	G $\times$ R G $\times$ Y	Błąd Residual
Stopnie swobody Degrees of freedom	39	2	68	109
Czas kwitnienia Time of flowering	14,31	668,58***	5,59	17,75
Wysokość roślin Plant height	95,43	37061,35***	42,82	621,54
Wysokość osadzenia najniższego strąka Height of the lowest pod	21,23	565,89***	11,35	23,68
Liczba rozgałęzień z rośliny Number of branches per plant	1,27	56,77***	0,80	1,92
Liczba strąków z rośliny Number of pods/plant	175,47	19992,71***	131,28	419,62
Długość strąka Pod length	0,119***	0,150*	0,039	0,067
Szerokość strąka Pod width	0,016***	0,076***	0,003	0,008
Liczba nasion ze strąka Number of seeds/pod	0,313***	0,226	0,069	0,150
Masa nasion ze strąka Weight of seeds/pod	0,008	0,235***	0,004	0,009
Liczba nasion z rośliny Number of seeds/plant;	1899,20	95311,30***	1334,40	2783,34
Masa nasion z rośliny Weight of seeds/plant	38,80	1399,71***	27,88	48,87
Masa 1000 nasion Weight of 1000 seeds	2244,60*	30567,30***	399,30	1454,34

* Istotne na poziomie 0,05; Significant at 0.05 level

*** Istotne na poziomie 0,001; Significant at 0.001 level

W tabeli 2 przedstawiono wartości średnich, zakres zmienności (minimum i maksimum) oraz współczynnik zmienności dla poszczególnych cech. Najwyższe wartości średnich, dla dziewięciu cech obserwowano w pierwszym roku badań (2004), dla trzech

cech w roku 2005 i dla żadnej w roku 2006. Rozkład najwyższych wartości odpowiada poziomowi opadów w poszczególnych latach, pośród których tylko w roku 2004 nie odnotowano niedoboru wody w glebie (64 mm w czerwcu) przy stresie wodnym w roku 2005 (11,5 mm w tym samym miesiącu), a zwłaszcza w roku 2006 (33,3; 17,4 i 23,8 mm w maju, czerwcu i lipcu).

Tabela 2

Charakterystyka analizowanych cech krajowych form kolekcyjnych lędzianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)

Characteristics of investigated traits of grasspea accessions (*Lathyrus sativus* L.)

Cecha Trait	2004				2005				2006				2004-2006			
	min	$\bar{x}$	max	CV%	min	$\bar{x}$	max	CV%	min	$\bar{x}$	max	CV%	min	$\bar{x}$	max	CV%
TK [#]	64,00	70,47	74,00	4,06	44,00	65,42	71,00	6,02	58,00	62,78	65,00	2,09	44,00	66,22	74,00	6,40
WS	86,00	109,57	130,00	9,92	38,20	55,81	81,20	12,47	43,20	57,09	66,00	8,13	38,20	74,15	130,00	35,15
WOS	19,00	25,70	39,60	20,74	12,20	17,84	25,60	19,00	14,60	21,52	27,00	11,69	12,20	21,68	39,60	22,82
LIR	3,60	5,50	8,00	18,97	2,60	4,25	7,20	27,59	5,40	6,62	8,20	8,26	2,60	5,45	8,20	25,44
LSR	19,40	66,54	114,40	27,89	11,50	26,59	52,00	39,60	22,40	32,15	41,20	12,85	11,50	41,76	114,40	51,85
DS	2,60	3,81	4,40	8,80	3,30	3,66	4,10	6,11	3,30	3,74	4,20	5,54	2,60	3,73	4,40	6,92
SZS	1,20	1,37	1,60	5,86	1,30	1,45	1,70	6,43	1,30	1,40	1,60	5,61	1,20	1,41	1,70	6,38
LNS	1,90	2,93	4,00	15,19	2,10	2,92	3,70	12,09	2,20	2,79	3,50	13,15	1,90	2,88	4,00	13,47
MNS	0,38	0,49	0,64	14,22	0,45	0,61	0,85	13,63	0,34	0,48	0,58	11,64	0,34	0,53	0,85	17,57
LNR	33,00	157,80	368,20	39,31	31,80	71,70	164,60	43,21	38,20	82,60	113,60	19,54	31,80	104,3	368,20	53,21
MNR	5,30	24,14	38,80	31,62	6,49	14,75	33,51	39,65	5,77	13,97	19,23	16,36	5,30	17,62	38,80	41,05
MTN	92,00	158,60	286,00	22,85	142,00	209,30	324,00	15,54	114,00	172,20	233,00	15,86	92,00	180,03	324,00	20,95

TK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds

CV — Współczynnik zmienności; Coefficient of variation

$\bar{x}$ — średnia; mean

Średnio za okres trzech lat rośliny rozpoczynały kwitnienie po 65 dniach od wysiewu (tab. 2). Najpóźniej, po 70 dniach rozpoczynały kwitnienie rośliny w mokrym roku 2004, a średnio pięć dni wcześniej w suchym roku 2005 i o osiem dni wcześniej w najbardziej suchym roku 2006. Różnice te mogą wynikać z faktu, że w momencie kwitnienia

(czerwiec) przy deficycie wody w glebie rośliny w 2005 i 2006 roku wcześniej rozpoczynały kwitnienie. Część lokalnych ekotypów niezależnie od roku badań charakteryzowała się wczesnym kwitnieniem. Pandey i in. (1995) analizowali 1187 obiektów kolekcyjnych i średnio rośliny rozpoczynały kwitnienie po 62 dniach, przy szerokim zakresie tej cechy od 47 do 94 dni, a w badaniach Polignano i in. (2005) po 75 dniach przy zakresie zmienności od 74 do 90 dni. Z kolei w warunkach Australii zakres zmienności terminu kwitnienia dla 451 obiektów wynosił od 70 do 120 dni (Hanbury i in., 1995) a w Bangladesz (1072 obiekty) od 43 do 88 dni (Sarwar i in., 1995). Cytowani powyżej autorzy podkreślają wcześniejsze kwitnienie drobnonasiennych form pochodzących z południowo-wschodniej Azji z porównaniu z grubonasiennymi formami europejskimi.

Analizując strukturę plonowania obiektów w poszczególnych latach (tab. 2) najwyższe wartości uzyskano w pierwszym roku badań w pierwszym roku badań przy wyraźnej redukcji plonowania w suchych latach 2005 i 2006. Średnia wysokość roślin w roku 2004 wynosiła 109 cm, a w suchych latach 2005 i 2006, odpowiednio, 55 i 57 cm przy szerokim zakresie zmienności tej cechy między obiektami. W badaniach Pandey i in. (1995), Hanbury i in. (1995) oraz Polignano i in. (2005) również obserwowano znaczne zróżnicowanie lędźwianu pod względem tej cechy odpowiednio: od 15–68 cm; 24,5–172 cm oraz 25–98 cm, przy czym formy europejskie były z reguły wyższe i o bujniejszej biomase niż formy azjatyckie. Z kolei lokalne ekotypy z Włoch charakteryzowały się wysokością od 53,8 do 78,7 cm (Tavoletti i Capitani, 2000), a dla ekotypów indyjskich wysokość roślin nie przekraczała 56 cm (Kumari i Prasad, 2005). W badaniach krajowych, wysokość roślin dwóch rodów z Podlasia Der i Kra wynosiła odpowiednio 73 i 80 cm (Milczak i in., 1997). Niedobór wody w glebie w latach 2005 i 2006 wywołał silną redukcję plonowania roślin. Podobny efekt w latach 2006–2008 dla włoskich ekotypów obserwował Piergiorgianni i in. (2010). Dotyczy to w szczególności liczby strąków z rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny (tab. 2). O ile w pierwszym roku badań rośliny średnio zawiązywały 66,5 strąków z rośliny przy liczbie i masie nasion z rośliny na poziomie 157,8 i 24,1 g, to liczba strąków z rośliny w drugim i trzecim roku badań nie przekraczała 33 strąków, a liczba nasion z rośliny była niższa niż 83 przy masie poniżej 15 g. Również zakres zmienności wspomnianych wyżej cech był wyraźnie węższy w latach 2005 i 2006 niż w roku 2004. Dla rodów z Podlasia Der i Kra liczba strąków z rośliny wynosiła odpowiednio 24 i 18,2 (Milczak i in., 1997). W badaniach Pandey i in. (1995) i Yadov (1995), średnia liczba strąków z rośliny wynosiła 194 i 36 przy szerokich zakresach zmienności tej cechy, odpowiednio, od 2,4 do 59 oraz od 13 do 59. Obydwaj cytowani powyżej autorzy wskazują ponadto na korelacje między liczbą strąków z rośliny a wysokością roślin i wielkością nasion. Pod względem wielkości nasion wyrażonych za pomocą masy 1000 nasion (MTN) obserwowano znaczne różnice między krajowymi ekotypami lędźwianu (tab. 2). Zgodnie z klasyfikacją Dziamby (1997) w zależności od MTN formy od 50–150 g to rośliny drobnonasienne, od 150–250 g średnio nasienne, a powyżej 250 g to formy grubonasienne. Oceniane obiekty o średniej MTN za okres trzech lat na poziomie 180 g zaliczyć można do form średnio nasiennych, przy czym uzyskany zakres zmienności od 92 do 324 g wskazuje, że część ekotypów to drobno- i grubonasienne formy. Badania Milczaka i in.

(1997) nad krajowymi rodami z Podlasia — Der i Kra w latach 1992–1996 wykazały, że pierwszy z nich charakteryzował się drobniejszymi nasionami o MTN 115 g, a drugi o większej masie — na poziomie 193 g. Z kolei włoskie ekotypy o wartości MTN od 228 do 394 g i od 211 do 455 g (Tavoeletti i Capitani, 2000; Piergovanni i in., 2010) wskazują na odrębność krajowych od ekotypów basenu Morza Śródziemnego, bliżej charakteryzowanych przez Campbell (1997) oraz Hammer i in. (1989). Z drugiej strony, znaczną odrębnością pod względem MTN (również pod względem morfologii roślin) charakteryzują się lokalne formy azjatyckie o masie od 29,5 do 67,6 g (Sarwar i in., 1995) oraz od 62 do 74 g (Kumari i Prasad, 2005). Reasumując te dane można stwierdzić, że pod względem MTN (ale i innych cech) krajowe ekotypy są formami średnio nasiennymi i są formami pośrednimi między grubonasiennymi formami z południowej Europy a drobnonasiennymi z Azji. Do form średnio nasiennych zaliczyć można również ekotypy z Ukrainy i Rosji (Grela i in., 2010) zbliżone morfotypowo do form krajowych (co wskazuje na ich bliższe pokrewieństwo w aspekcie pochodzenia), a po części podobne są niektóre formy ze Słowacji, aczkolwiek niektóre z nich to typowe formy grubonasienne (Benkova i Zakova, 2001), zbliżone do form z Węgier (Lazanyi, 2000). Potwierdzało by to hipotezę Milczka i in. (2001) o wschodnim pochodzeniu krajowych ekotypów związanych z osadnictwem tatarskim i z drugiej strony o prawdopodobnym „przepływie” form gruboziarnistych z basenu Morza Śródziemnego poprzez Węgry na część Słowacji. Wszystkie nasiona krajowych form charakteryzowały się typowym dla lędźwianu kanciastym i toporkowatym kształtem nasion o barwie okrywy nasiennej od jasnokremowej (u form biało kwitnących) do mniej lub bardziej ciemnych u form o jasnej do ciemnoniebieskiej barwy kwiatu. Średnio strąki zawierały po 2,9 nasion przy zakresie zmienności tej cechy od 1,9 do 4, przy masie nasion ze strąka wynoszącej 0,53 g i zakresie zmienności od 0,34 do 0,85 g (tab. 2). W badaniach Campbell (1997) liczba nasion wynosiła od 1,6 do 4,6, a według Yadov (1995) i De la Rosa i Martin (2001) odpowiednio: 2–5 oraz 2,2–4, przy czym formy drobnonasienne przy zbliżonej długości strąka i jego bardziej równowąskim kształcie zawierały więcej nasion niż formy gruboziarniste z południa Europy, o lekko spłaszczonym kształcie dużych nasion i tym samym szerszym i bardziej eliptycznym kształcie strąka.

Obserwowana zmienność cech u krajowych ekotypów, w zależności od roku badań, znalazła odzwierciedlenie w wartości współczynnika zmienności (tab. 2). Jego najwyższe wartości za trzyletni okres badań uzyskano dla liczby strąków z rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny, przy czym występowały znaczne różnice w tym względzie w zależności od roku badań. Niższe wartości współczynnika zmienności uzyskano dla wysokości roślin, liczby rozgałęzień z rośliny, wysokości osadzenia najniższego od podstawy rośliny strąka i MTN, a najniższe dla terminu kwitnienia oraz długości i szerokości strąka. W badaniach Pandey i in. (1995) nad 1187 obiektami kolekcyjnymi również największej zmienności podlegała liczba i masa nasion z rośliny (50,1 i 59,8%), a także liczba strąków z rośliny i wysokość roślin (45,7 i 23 %). W badaniach nad rodami z Podlasia (Milczak i in., 1997) najwyższą wartość współczynnika zmienności (60%) uzyskano dla wysokości roślin, a następnie liczby strąków z rośliny (35,1%), liczby i masy nasion z rośliny (43,6 i 37,0%)

oraz MTN. Mniejszej zmienności (20%), podobnie jak w prezentowanej pracy, podlegała wysokość osadzenia najniższego strąka.

Wartości współczynnika korelacji dla analizowanych cech przedstawiono w tabeli 3.

Tabela 3

Współczynniki korelacji dla analizowanych cech krajowych form kolekcyjnych lędźwianu siewnego dla lat łącznie
Correlation coefficients between the mean values (all years together) of the studied traits of grasspea accessions

	TK	WS	WOS	LIR	LSR	DS	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MTN
TK	1,00	0,33*	0,41**	0,12	0,07	0,38*	0,01	0,34*	-0,02	0,17	-0,08	-0,29
WS		1,00	0,70***	-0,10	0,39*	0,45**	0,20	0,22	0,23	0,29	0,21	-0,01
WOS			1,00	-0,19	-0,08	0,48**	0,19	0,13	0,14	-0,13	-0,25	-0,01
LIR				1,00	0,36*	0,01	0,20	-0,29	0,15	0,19	0,51***	0,31
LSR					1,00	0,12	0,04	0,14	0,01	0,84***	0,81***	-0,11
DS						1,00	0,59***	0,22	0,57***	0,05	0,12	0,28
SZS							1,00	-0,31*	0,54***	-0,20	0,18	0,73***
LNS								1,00	0,21	0,51***	-0,01	-0,67***
MNS									1,00	-0,01	0,29	0,50***
LNR										1,00	0,73***	-0,43**
MNR											1,00	0,22
MTN												1,00

TK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds

*, **, *** Istotne na poziomie 0,05, 0,01, 0,001; Significant at $\alpha = 0.05, 0.01, 0.001$ level

Liczba nasion ze strąka była dodatnio i istotnie skorelowana z terminem kwitnienia, liczbą nasion z rośliny, a ujemnie z MTN oraz szerokością strąka. Istotną cechą plonotwórczą jest liczba strąków z rośliny (Campbell i in., 1994). Cecha ta była dodatnio skorelowana z wysokością roślin, liczbą rozgałęzień z rośliny oraz liczbą i masą nasion z rośliny. Milczak i in. (1997) analizując rody z Podlasia wykazali również wysoką i dodatnią korelację między liczbą strąków z rośliny a wysokością roślin, wysokością osadzenia najniższego strąka, liczbą i masą nasion z rośliny, plonem nasion z poletka, a ujemną z MTN. Ujemną wartość korelacji wykazali także De la Rosa i Martin (2001), przy czym Piergiovanni i in. (2010) obserwowali dla włoskich ekotypów dodatnią korelację MTN z plonem nasion i ujemną z zawartością białka oraz antyżywniowej substancji neurotoksycznej β -ODAP. W przeprowadzonych badaniach MTN była dodatnio skorelowana z szerokością strąka i masą nasion ze strąka, a ujemnie z liczbą nasion ze strąka i rośliny. W badaniach Milczaka i in. (1997) MTN była ujemnie skorelowana z liczbą nasion z rośliny, a w badaniach nad lokalnymi formami lędźwianu z Indii również z liczbą strąków z rośliny (Kumari i Prasad, 2005). Z uwagi na znaczną skłonność lędźwianu do wylegania istotną cechą jest wysokość roślin (Dziamba, 1997). Cecha ta była dodatnio skorelowana z terminem kwitnienia, na co również wskazują Kumari i Prasad (2005). Ponadto wysokość roślin była dodatnio skorelowana z wysokością osadzenia najniższego strąka, co również potwierdziły wyniki innych autorów (De la Rosa i Martin, 2001; Lioi i

in., 2011). Ta wysoce istotna korelacja wskazuje na trudności uzyskania form o obniżonej wysokości i poprawionym wyleganiu, wiążących pierwsze od podstawy rośliny strąki na wysokości optymalnej dla mechanicznego zbioru roślin. Ponadto, wysokość rośliny była dodatnio skorelowana z liczbą strąków z rośliny oraz ich długością. Ważną cechą plonotwórczą jest liczba rozgałęzień z rośliny (Dziamba, 1997), która była pozytywnie skorelowana z plonem nasion (Campbell, 1997). W prezentowanej pracy liczba rozgałęzień z rośliny była dodatnio skorelowana z liczbą strąków z rośliny i wysoce istotnie z masą nasion z rośliny.

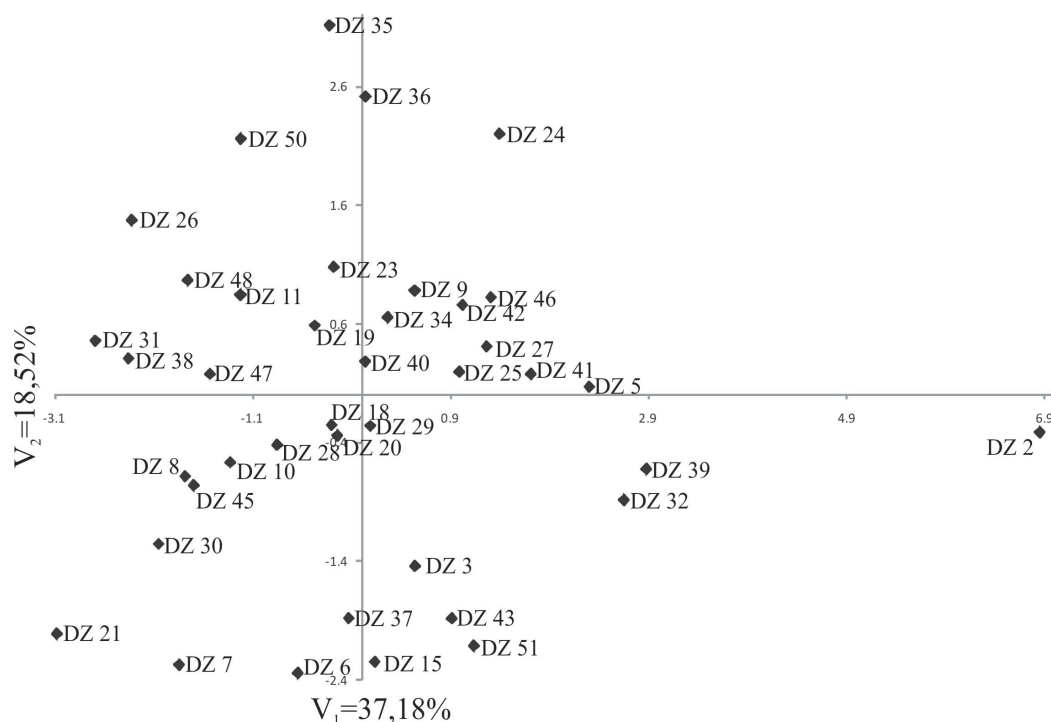
Tabela 4

Ocena podobieństwa wybranych form kolekcyjnych pod względem analizowanych cech łącznie wyrażona wybranymi odległościami Mahalanobisa
Estimation of similarity of chosen accessions for analyzed traits together expressed by Mahalanobis distance

Porównywane obiekty Compared objects	Najdłuższe odległości Longest distances	Porównywane obiekty Compared objects	Najkrótsze odległości Shortest distances
DZ 2 – DZ 21	10,48	DZ 29 – DZ 34	1,27
DZ 2 – DZ 31	9,83	DZ 29 – DZ 40	1,27
DZ 2 – DZ 38	9,66	DZ 41 – DZ 5	1,31
DZ 2 – DZ 26	9,51	DZ 28 – DZ 29	1,33
DZ 2 – DZ 7	9,34	DZ 42 – DZ 9	1,42
DZ 2 – DZ 30	9,30	DZ 41 – DZ 46	1,53
DZ 2 – DZ 6	8,23	DZ 34 – DZ 40	1,56
DZ 2 – DZ 6	7,89	DZ 20 – DZ 29	1,61
DZ 2 – DZ 51	7,59	DZ 30 – DZ 45	1,65
DZ 2 – DZ 37	7,39	DZ 34 – DZ 42	1,71
DZ 35- DZ 51	7,12	DZ 11 – DZ 48	1,75
DZ 36 – DZ 21	7,05	DZ 28 – DZ 34	1,87
DZ 24 – DZ 21	6,85	DZ 28 – DZ 8	1,87
DZ 50- DZ 51	6,70	DZ 34 – DZ 9	1,88
DZ 35 – DZ 15	6,49	DZ 45 – DZ 48	1,92
DZ 24 – DZ 51	6,36	DZ 45 – DZ 8	1,95
DZ 35 – DZ 7	6,24	DZ 20 – DZ 28	1,96
DZ 35 – DZ 21	6,16	DZ 32 – DZ 39	1,97
DZ 35 – DZ 6	6,11	DZ 24 – DZ 46	2,00
DZ 36 – DZ 51	5,76	DZ 40 – DZ 42	2,00
DZ 35 – DZ 43	5,50	DZ 20 – DZ 25	2,08
DZ 24 – DZ 37	5,09	DZ 46 – DZ 5	2,12

W badaniach nad lokalnymi formami lędźwianu obserwowano ich znaczne zróżnicowanie pod względem zarówno cech botanicznych jak i plonotwórczych (Tavoletti i Capitani, 2000; Kumari i Prasad 2005; Piergiovanni i in., 2010; Lioi i in., 2011). Zastosowana przez powyższych autorów wielocechowa analiza statystyczna umożliwiła między innymi ocenę zakresu zmienności badanych populacji. Pozwoliła również porównać między sobą poszczególne obiekty pod względem analizowanych cech łącznie. W niniejszej pracy w celu porównania zróżnicowań ocenianych form kolekcyjnych dla cech łącznie wyliczono odległości Mahalanobisa. Część uzyskanych wyników przedstawiono w tabeli 4. Najdłuższe odległości (najmniejsze podobieństwo) uzyskano dla formy DZ 2 w porównaniach z innymi obiektami. Wskazuje to na znaczną odrębność tej formy od pozostałych form lokalnych, przy czym także inne pary obiektów jak np. DZ 35 i DZ

51; DZ 36 i DZ 21 czy DZ 50 i DZ 51 charakteryzują się niskim stopniem podobieństwa. Uzyskanie z kolei najkrótszych odległości dla licznych par (od 1,27 do 2,12) wskazuje na znaczne podobieństwo ocenianych obiektów. W formie przestrzennej obrazuje to rysunek 1 obrazując położenie wszystkich obiektów w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych. Dwie pierwsze kanoniczne wyjaśniają w sumie 55,7% całkowitej zmienności. W tabeli 5 przedstawiono współczynniki korelacji między trzema pierwszymi zmiennymi kanonicznymi a analizowanymi cechami.



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

Fig. 1. Distribution of accessions in the space of two canonical variates for the analyzed traits

Pierwsza zmienna kanoniczna skorelowana była dodatnio z długością i szerokością strąka, masą nasion ze strąka oraz MTN i ujemnie z liczbą nasion ze strąka oraz liczbą nasion z rośliny. Natomiast druga zmienna kanoniczna skorelowana była dodatnio z terminem kwitnienia, wysokością roślin, wysokością osadzenia najniższego od ziemi strąka, jego długością oraz liczbą i masą nasion ze strąka a ujemnie z liczbą rozgałęzień z rośliny. Wyniki te wskazując, że ich wykorzystanie w dostatecznym stopniu uwiarygodnia przestrzenne położenie obiektów oraz potwierdza efektywność charakterystyki wielocechowej. Ocena taka jest bardzo wiarygodna, czego potwierdzeniem jest jej szerokie zastosowanie przez hodowców i genetyków lędźwianu (Tavoletti i Capitani, 2000; Kumari

i Prasad 2005; Piergiovanni i in., 2010; Lioi i in., 2011). Powyżsi autorzy nie tylko opisali zmienność lokalnych populacji ale również dokonali wyboru najbardziej genetycznie zróżnicowanych form na poziomie fenotypowym i o wartościowych cechach użytkowych.

Tabela 5

Współczynniki korelacji między trzema pierwszymi zmiennymi kanonicznymi a cechami lędźwianu siewnego

Correlation coefficients between the first three canonical varieties and the characters of grasspea

Cecha Trait	Pierwsza zmienna kanoniczna First canonical variate	Druga zmienna kanoniczna Second canonical variate	Trzecia zmienna kanoniczna Third canonical variate
Czas kwitnienia Time of flowering	-0,090	0,530***	-0,608***
Wysokość roślin Plant height	0,235	0,479**	0,269
Wysokość osadzenia najniższego strąka Height of the lowest pod	0,244	0,567***	-0,168
Liczba rozgałęzień z rośliny Number of branches per plant	0,260	-0,348*	-0,255
Liczba strąków z rośliny Number of pods/plant	0,036	-0,100	0,227
Długość strąka Pod length	0,519***	0,750***	0,013
Szerokość strąka Pod width	0,880***	0,211	-0,024
Liczba nasion ze strąka Number of seeds/pod	-0,606***	0,689***	0,241
Masa nasion ze strąka Weight of seeds/pod	0,402*	0,372*	0,331*
Liczba nasion z rośliny Number of seeds/plant	-0,349*	0,070	0,217
Masa nasion z rośliny Weight of seeds/plant	0,163	-0,261	0,276
Masa 1000 nasion Weight of 1000 seeds	0,888***	-0,236	0,132
Wartości własne Eigenvalues	5,339	2,659	1,609
Procent zmienności Percentage of variability	37,18	18,52	11,20

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

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

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

W badaniach krajowych na podstawie analizy wielocechowej określono zakres zmienności cech u indukowanych mutantów lędźwianu. Umożliwiło to dokonanie wyboru mutantów, które pod względem uzyskanej zmienności genetycznej najbardziej różniły się od swych form kontrolnych (bez traktowania mutagenami), a z uwagi na dodatkową zmienność wywołaną działaniem mutagennym, wybrane mutanty mogą stanowić wartościowy materiał wyjściowy w pracach nad genetycznym ulepszaniem lędźwianu siewnego (Bocianowski i Rybiński, 2006; Rybiński i Bocianowski, 2006 a; Rybiński i Bocianowski, 2006 b; Rybiński i in., 2008). Taką możliwość dają również lokalne ekotypy lędźwianu analizowane w niniejszej pracy. Wykazany szeroki zakres ich zmienności i

specyficzna, pozytywna reakcja niektórych form na stres wodny wskazują nie tylko na konieczność ich zachowania w banku genów przed ich bezpowrotnym utraceniem, ale również na możliwość ich wykorzystania w badaniach podstawowych i hodowlanych.

WNIOSKI

1. Badane obiekty różniły się genetycznie pod względem długości i szerokości strąka, liczby nasion ze strąka i MTN. Nie stwierdzono interakcji genotypy $\times$ lata dla wszystkich obserwowanych cech lędźwianu
2. Rok badań miał istotny wpływ na wartości średnich analizowanych cech jak i obserwowany zakres zmienności. Dotyczy to w szczególności korzystnego dla wzrostu i rozwoju roślin wilgotnego roku 2004, dla którego uzyskano najwyższe wysokie wartości średnich i najszerszy zakres zmienności cech. W latach 2005 i 2006 charakteryzujących się znacznym deficytem wody w okresie czerwca, analizowane obiekty reagowały silnym obniżeniem wysokości roślin i znaczną redukcją liczby strąków z rośliny co powodowało znaczne obniżenie wartości cech plonotwórczych. Stwierdzono zróżnicowaną reakcję obiektów na stres wodny.
3. Oprócz pokroju roślin, barwy kwiatu, kształtu strąka oraz barwy okrywy nasiennej cechą różnicującą poszczególne obiekty była wielkość nasion. Generalnie krajowe ekotypy zaliczyć można do form średnio nasiennych zbliżonych MTN do form rosyjskich i ukraińskich, co po uwzględnieniu innych cech wskazuje na ich wzajemne pokrewieństwo w przeciwieństwie do lędźwianów grubonasiennych typowych dla południowej Europy czy drobnonasiennych pochodzenia azjatyckiego. Wspiera to hipotezę o wschodnim pochodzeniu rodzimych ekotypów związanych z ponad dwustuletnim osadnictwem tatarskim na wschodnich terenach kraju.
4. Zmienność obiektów była większa w warunkach sprzyjających. Największej zmienności, podlegały cechy w mokrym roku 2004, przy czym niedobór wody w okresie wegetacji w najbardziej suchym roku 2006 w znacznym stopniu ograniczał zakres zmienność obiektów.
5. Wykazano znaczne zróżnicowanie wartości współczynnika zmienności dla poszczególnych cech w odniesieniu do lat badań, a najwyższe wartości współczynnika zmienności za trzyletni okres uzyskano dla liczby strąków z rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny, a najniższe dla terminu kwitnienia oraz długości i szerokości strąka.
6. Wielocechowa analiza pozwoliła wykazać, że lokalne ekotypy z Podlasia i przyległych regionów wschodniej Polski charakteryzują się znaczną zmiennością i szerokim zróżnicowaniem cech morfologicznych i plonotwórczych.
7. Oprócz konieczności zachowania lokalnych ekotypów w banku genów i niedopuszczenia do ich utracenia przy postępującej erozji genetycznej lędźwianu, opisana zmienność może posłużyć do wyboru najbardziej interesujących ekotypów zarówno do badań podstawowych jak i praktyki hodowlanej zwłaszcza w aspekcie ich zróżnicowanej reakcji na niedobór wody w glebie.

LITERATURA

- Benkova M., Zakova M. 2001. Evaluation of selected traits in grasspea (*Lathyrus sativus* L.) genetic resources. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 27 — 30.
- Bocianowski J., Rybiński W. 2006. Wykorzystanie wielowymiarowej metodyki oceny cech ilościowych mutantów lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) uzyskanych działaniem chemomutagenów i światła lasera helowo-neonowego. *Acta Agrophysica* 8 (4): 791 — 802.
- Caliński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wielocechowego. *Colloquium Metodologiczne z Agro-Biometrii*, PAN i PTB, Warszawa, 3: 258 — 320.
- Campbell C. G., Mehra R. B., Agrawal S. K., Chen, Y. Z., Abd El Moneim A. M., Khawaja H. I. T., Yadov, C. R., Tay, J. U., Araya, W. A. 1994. Current status and future strategy in breeding grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica* 73: 167 — 17.
- Campbell C. G. 1997. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 18. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research. Gatersleben/International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Camussi A., Ottaviano E., Caliński T., Kaczmarek Z. 1985. Genetic distances based on quantitative traits. *Genetics* 111: 945 — 962.
- De la Rosa L., Martin I. 2001. Morphological characterization of Spanish genetic resources of *Lathyrus sativus* L. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 31 — 34.
- Dziamba S. 1997. Biologia i agrotechnika lędźwianu siewnego. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędźwian siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9–10 czerwca 1997: 27 — 33.
- GenStat 2007. GenStat Release 10 Reference Manual, Lawes Agricultural Trust Rothamsted.
- Grela E. R., Rybiński W., Klebaniuk R., Matras J. 2010. Morphological characteristics of some accessions of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) grown in Europe and nutritional traits of their seeds. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 57 (5): 693 — 701.
- Hammer K., Laghetti G., Perrino P. 1989. Collection of plant genetic resources in South Italy. *Kulturpflanze* 37: 401 — 414.
- Hanbury C. D., Sarker A., Siddique K. H. M., Perry M. W. 1995. Evaluation of *Lathyrus* germplasm in a Mediterranean type environment in South-Western Australia. Co-operative Research Center for Legumes in Mediterranean Agriculture, Occasional Paper, No 8. Perth.
- Kumari V., Prasad R. 2005. Model plant in Khesari (*Lathyrus sativus* L.) suitable for hill farming. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 4: 15 — 17.
- Lambein F., Kuo Y.-H. 1997. *Lathyrus sativus*, a Neolithic crop with a modern future? Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędźwian siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9-10 czerwca 1997: 6 — 12.
- Lazanyi J. 2000. Grass pea and green manure effects in Great Hungarian plain. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 1 : 28 — 30.
- Lesisz M. 1997. Zastosowanie lędźwianu siewnego w żywieniu ludzi. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędźwian siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9-10 czerwca 1997: 154 — 160.
- Lioi L., Sparvoli F., Sonante G., Laghetti G., Lupo F., Zaccardelli M. 2011. Characterization of Italian grasspea (*Lathyrus sativus* L.) germplasm using agronomic traits, biochemical and molecular markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 58: 425 — 437.
- Lisewska Z., Budnik A., Kmiecik W. 1997. Wykorzystanie nasion lędźwianu (*Lathyrus sativus* L.) o dojrzłości mleczno-woskowej w przemyśle spożywczym. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędźwian siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9-10 czerwca 1997: 161 — 164.
- Mackiewicz Z. 1956. Lędźwian afrykański. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, Warszawa 1956: 1 — 33.
- Mahalanobis P. C. 1936. On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Science of India*, 12: 49 — 55.

- Milczak M., Pędziński M., Mnichowska H., Szwed-Urbaś K. 1997. Hodowla twórcza lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) – podsumowanie pierwszego etapu. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędwian siewny – agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”. Radom, 9-10 czerwca 1997: 13 — 22.
- Milczak M., Pędziński M., Mnichowska H., Szwed-Urbaś K., Rybiński W. 2001. Creative breeding of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) in Poland. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 18 — 23.
- Pandey R. L., Agrawal S. K., Chitale M. W., Sharma R. N., Kashyap O. P., Geda A. K., Chandrakar H. K., Agrawal K. K. 1995. Catalogue of grasspea (*L. sativus* L.) germplasm. I. Gandhi Agric. Univ. Press, Raipur, India.
- Piergiovanni A.R., Lupo F., Zaccardelli M. 2010. Environmental effects on yield, composition and technological seed traits of some Italian ecotypes of grass pea (*Lathyrus sativus* L.). *J. Sci. Food Agric.* 91: 122 — 129.
- Polignano G.P., Ugetti P., Olita G., Bisiganano V., Alba V., Perrino P. 2005. Characterization of grass pea (*Lathyrus sativus* L.) entries by means of agronomically useful traits. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 4: 10 — 14.
- Rencher A. C. 1992. Interpretation of canonical discriminate functions, canonical varieties, and principal components. *Am. Stat.* 46: 217 — 225.
- Rybiński W., Bocianowski J. 2006 a. Zmienność cech ilościowych roślin lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) pokolenia M₁ uzyskanego działaniem chemomutagenów. *Biuletyn IHAR* 240/241: 285 — 290.
- Rybiński W., Bocianowski J. 2006 b. Zmienność cech morfologicznych i struktury plonu nasion mutantów lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). *Biul. IHAR* 240/241: 291 — 297.
- Rybiński W., Bocianowski J., Pankiewicz K. 2008. Zróżnicowanie cech morfologicznych i plonotwórczych u indukowanych mutantów odmian lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). *Biul. IHAR* 249: 217 — 231.
- Sarwar C. D. M., Sarkar A., Murshed A. N. M. M., Malik M. A. 1995. Variation in natural population of grass pea. In: *Lathyrus sativus* and Human Lathyrism. Progress and Prospects. Proc. 2nd Int. Colloq. Lathyrus Lathyrism, 10-12 December 1993, Dhaka, Bangladesh.
- Tavoletti S., Capitani E. 2000. Field evaluation of grass pea population collected in the Marche region (Italy). *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 1: 17 — 20.
- Vaz Patta M. C., Skiba B., Pang E. C. K., Ochatt S. J., Lambein F., Rubiales, D. 2006. *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica* 147: 133 — 147.
- Yadow A. G. 1995. Genetic evaluation and varietal improvement of grasspea in Nepal. In: *Lathyrus genetic resources in Asia. Proceedings of Regional Workshop, 27-29 December 1995. Indira Gandhi Agricultural University, Raipur, India: 27 — 29.*

WOJCIECH RYBIŃSKI¹**JAN BOCIANOWSKI²****KATARZYNA PANKIEWICZ¹**¹ Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu² Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych, Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Zmienność cech ilościowych mutantów dwóch odmian lędźwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.)

Variability of quantitative traits of two mutated grasspea (*Lathyrus sativus* L.) cultivars

Lędźwian siewny (*Lathyrus sativus* L.) zajmuje w krajowym rolnictwie marginalną pozycję mimo, że na ziemiach polskich obecny jest już od ponad 200 lat (Podlasie i przyległe regiony) i charakteryzuje się wysoką zawartością białka (26–34%) oraz unikalną odpornością na stresy abiotyczne. Wynika to między innymi z faktu konieczności genetycznego udoskonalenia tego gatunku, co może skutkować wzrostem jego konkurencyjności w stosunku do innych uprawnych gatunków roślin strączkowych. Obecna na Podlasiu od dziesiątków lat populacja lokalnych form z ograniczoną pulą genową może limitować prowadzenie efektywnej selekcji w pracach hodowlanych zmierzających do otrzymania ulepszonych odmian lędźwianu siewnego. Rekombinacje, ale głównie indukowane mutacje, mogą wzbogacić aktualne materiały lędźwianu o dodatkową zmienność cech o znaczeniu gospodarczym. W wyniku działania chemomutagenami na nasiona odmian Krab i Derek (wywodzących się z populacji z Podlasia), w pokoleniu M₂ wybrano szereg form. Po kolejnych rozmnożeniach stanowiły one materiał do doświadczeń polowych, które przeprowadzono w latach 2004–2006. Celem pracy była ocena zmienności cech ilościowych u form uzyskanych w wyniku działania mutagenów w porównaniu do ich odmian wyjściowych stanowiących kontrolę. Uzyskane wyniki analizowano w oparciu o wielocechową analizę statystyczną. W celu weryfikacji hipotez ogólnych o braku wpływu obiektów i braku wpływu lat oraz hipotezy o braku współdziałania obiekty × lata na obserwowane cechy fenotypowe, przeprowadzono dwuczynnikową analizę wariancji. Oszacowano wartości średnie i współczynniki zmienności. Dla badanych lat łącznie największe wartości współczynnika zmienności uzyskano dla takich cech jak: wysokość roślin, liczba strąków z rośliny, liczba i masa nasion z rośliny oraz masa 1000 nasion, a najmniejsze dla terminu kwitnienia, liczby nasion ze strąka oraz długości i szerokości strąka. Uzyskany kontrast w porównaniu analizowanych obiektów z ich formami wyjściowymi najczęściej przyjmował znak dodatni, wskazując na wyższe wartości cech dla odmian. Wyrażając odległościami Mahalanobisa podobieństwo poszczególnych obiektów w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi pod względem badanych cech łącznie, wyróżniono formy o największym i najmniejszym podobieństwie na poziomie fenotypowym. Niektóre z nich, o najbardziej korzystnych cechach użytkowych mogą stanowić interesujący materiał wyjściowy w pracach hodowlanych nad ulepszaniem lędźwianu siewnego.

Słowa kluczowe: cechy ilościowe, doświadczenia polowe, *Lathyrus sativus*, mutanty, wielocechowa ocena statystyczna

Grasspea (*Lathyrus sativus* L.) is cultivated in Poland (Podlasie and adjacent regions) since 200 years. Although this pulse crop is characterized by high protein content (26-34%) and unique resistance against abiotic stresses, grasspea plays a marginal role in Polish agriculture. This indicates, among others, the necessity of genetic improvement of this crop to make grasspea more competitive as compared to others pulse crops. A local population of grasspea present in the Podlasie region since many years is characterized by narrow gene pool which limits effective selection in breeding works leading to release improved cultivars. Recombination but mainly induced mutations may enrich the existing grasspea materials with an additional variability of traits important in agriculture. As a result of mutagenic treatment of seeds of two Polish cultivars: Derek and Krab (derived from a local Podlasie population) with chemomutagens, in M₂ progeny many changed plants were selected. After propagation of obtained lines in next generation, part of them constituted initial material for field trials conducted in 2004–2006. The aim of this work was an estimation of quantitative traits variations of mutants in comparison to initial cultivars. The results obtained from field trials were analyzed with a use of multivariate statistics. The two-way analysis of variance was carried out to determine the effects of objects, years and objects × years interaction on the variability of observed phenotypic traits. The mean values and coefficient of variation were estimated. For jointly analyzed results from all years, the highest coefficients of variation were obtained for plant height, number of pods per plant, number and seed weight per plant and 1000 seed weight, and the lowest for flowering times, seeds number per pod and length and broad of pod. The values of contrast in comparisons between initial cultivars (control) and mutants in the most cases were positive which indicated higher values of traits for cultivars. Based on Mahalanobis distances the similarity of particular forms in comparison to cultivars for all traits together were estimated. The forms with highest and lowest similarity to cultivars were distinguished. Part of them, characterized by desirable traits from breeding point of view, can constitute a valuable initial material for further work on genetic improvement of domestic grasspea.

Key words: field trials, *Lathyrus sativus*, multivariate analysis, mutants, quantitative traits

WSTĘP

Badania rolnicze tradycyjnie skupiają się na gatunkach podstawowych, podczas gdy niewiele uwagi poświęca się gatunkom marginalnym. Gatunki takie z reguły traktowane są jako mało atrakcyjne. Inaczej niż gatunki wiodące, wiele gatunków marginalnych jest doskonale zaadaptowanych do skrajnych warunków środowiskowych, takich jak między innymi tereny wyżynne, suche czy gleby o znacznym zasoleniu. Ponadto wiele gatunków uprawnych o marginalnym znaczeniu w skali globalnej ma duże znaczenie na poziomie krajowym, a zwłaszcza regionalnym, dostarczając często żywności będącej ważnym elementem dobrze zbalansowanej diety. Czynnikiem ograniczającym upowszechnienie wielu niedocenianych gatunków jest brak wyczerpującej informacji na ich temat. Należy do nich niewątpliwie lędźwian siewny (obecny na Podlasiu od ponad 200 lat), który z uwagi na swe unikalne właściwości, w obrębie rodzaju *Lathyrus* uznany został za modelową roślinę dla potrzeb zrównoważonego rolnictwa (Vaz Patto i in., 2006). Rodzaj *Lathyrus* należy do plemienia *Vicieae*, do którego należą tak ważne gatunki roślin strączkowych cywilizacji śródziemnomorskiej, jak: bobik (*Vicia faba* L.), groch siewny (*Pisum sativum* L.) czy soczewica (*Lens culinaris* L.). Według Allkin i in. (1983) rodzaj *Lathyrus* jest bardzo bogaty, 187 gatunków występuje zarówno na terenie Starego, jak i Nowego Świata. Najbardziej rozpowszechnionym gatunkiem użytkowym z rodzaju *Lathyrus* jest lędźwian siewny (*Lathyrus sativus* L.), który był już uprawiany na Bałkanach około 8000 lat przed Chrystusem. Również wykopaliska archeologiczne prowadzone w

Turcji i Iraku wskazują, że gatunek ten był od dawna uprawiany w tych krajach (Kislev, 1986).

Lędwian siewny w Polsce znany jest już od ponad 200 lat lecz jego udział w krajowym rolnictwie ma charakter marginalny. Mimo niewątpliwych zalet tego gatunku, jak duża tolerancja na rodzaj gleb, unikalna odporność na suszę (Dziamba, 1997) czy wysoka zawartość białka (do 36%), obecność szeregu niekorzystnych cech w znacznym stopniu limituje udział lędwianu w strukturze zasiewów. Z uwagi na ograniczoną efektywność rekombinacji powodowaną limitowaną zmiennością naturalną krajowych ekotypów lędwianu, sięgnięcie po metodę indukowania mutacji daje możliwość poszerzenia istniejącej zmienności genetycznej cech użytkowych (Rybiński i Bocianowski, 2006 a). Otrzymywanie mutantów po działaniu czynników mutagennych przyspiesza i poszerza zmienność pozwalając na wystąpienie zmian nie obserwowanych w przyrodzie lub pojawiających się rzadko (Rybiński i in., 2008 a). Indukowanie mutacji ma szczególne znaczenie w hodowli gatunków odznaczających się wąskim zakresem zmienności naturalnej (Sawicka, 1993). Do takich gatunków należy lędwian siewny, reprezentowany przez nieliczne krajowe populacje z Podlasia. Indukowane mutacje i hodowla mutacyjna mogą więc być istotnym uzupełnieniem konwencjonalnej metody hodowli roślin, a genetycy i hodowcy roślin mogą je wykorzystywać do tworzenia dodatkowej zmienności cech w programach hodowlanych, zmierzających do uzyskiwania nowych odmian uprawnych (Campbell i in., 1994; Ahloowalia i Małuszyński, 2001; Ahloowalia i in., 2004). Przed kilkoma laty w Instytucie Genetyki Roślin PAN w Poznaniu zapoczątkowano prace nad indukowanymi mutacjami, w wyniku których uzyskano mutanty lędwianu siewnego, systematycznie włączane do kolekcji IGR PAN w Poznaniu oraz Krajowego Centrum Roślinnych Zasobów Genowych w Radzikowie. Część materiałów kolekcyjnych jest przedmiotem prezentowanej pracy. Jej celem jest ocena zmienności cech ilościowych (głównie plonotwórczych) u form uzyskanych działaniem mutagenów w porównaniu do odmian stanowiących kombinację kontrolną.

MATERIAŁ I METODY

Materiał wyjściowy poddawany działaniu mutagenów stanowiły nasiona dwóch krajowych odmian lędwianu — Derek i Krab. Mutanty otrzymano w wyniku naświetlania nasion światłem lasera oraz indukowania mutacji przy zastosowaniu dwóch chemomutagenów — azydku sodu (NaN_3) i N-nitroso-N-metylomocznika (MNU). W pokoleniu M_2 przeprowadzono wybór zmutowanych genotypów. W pokoleniu M_3 potomstwo wybranych form wysiewano wraz z ich odmianami wyjściowymi w celu potwierdzenia obserwowanych zmian w pokoleniu M_2 . Ustalone mutanty rozmnożono. Do doświadczeń polowych przeprowadzonych w latach 2004–2006 na Polu Doświadczalnym Instytutu Genetyki Roślin PAN w Cerekwicy wybrano dwadzieścia mutantów odmiany Krab oraz szesnaście mutantów odmiany Derek, a także obydwie odmiany wyjściowe. Nasiona mutantów oraz odmian Derek i Krab wysiewano na poletka (o powierzchni $5,2 \text{ m}^2$) w doświadczeniu o blokach losowanych kompletnych w trzech powtórzeniach w rozstawie: 70 cm między rzędami i 25 cm między nasionami w rzędzie. Oprócz określenia

terminu kwitnienia (TK) po zbiorze roślin (na 15 losowo wybranych roślinach z każdego powtórzenia) oceniono wartości następujących cech: wysokość roślin (WS), wysokość osadzenia najniżej na roślinie zawiązanego strąka (WOS), liczbę rozgałęzień (LR), liczbę strąków z rośliny (LSR), długość i szerokość strąka (DS i SZS), liczbę i masę nasion ze strąka pędu głównego (LNS i MNS), liczbę i masę nasion z rośliny (LNR i MNR) oraz masę 1000 nasion (MTN).

Uzyskane wyniki analizowano statystycznie. Dwuczynnikowa analiza wariancji została przeprowadzona w celu weryfikacji hipotez ogólnych o braku wpływu obiektów i braku wpływu lat oraz hipotezy o braku współdziałania obiekty $\times$ lata na obserwowane cechy fenotypowe. Oszacowano wartości średnie i współczynniki zmienności dla badanych cech. W celu oceny zróżnicowania między odmianami wyjściowymi, a ich mutantami pod względem badanych cech, wykonano odpowiednie analizy kontrastów. Analizę kontrastów przeprowadzono poprzez lata ze względu na niewystępowanie istotnego statystycznie współdziałania obiekty $\times$ lata. Ocena współzależności obserwowanych cech dokonana została w oparciu o odpowiednie współczynniki korelacji, estymowane na podstawie średnich obiektowych liczonych poprzez lata. Uzyskane wyniki analizowano również za pomocą metod wielowymiarowych (Caliński i Kaczmarek, 1973; Rencher, 1992). Wielowymiarowe zróżnicowanie obiektów kolekcji określono na podstawie odległości Mahalanobisa (Mahalanobis, 1936). W celu przedstawienia wielocechowej oceny podobieństwa odmian Krab i Derek oraz mutantów lędźwianu w mniejszej liczbie wymiarów z jak najmniejszą stratą informacji zastosowano analizę zmiennych kanonicznych (Camussi i in., 1985; Rencher, 1992). Umożliwia ona zobrazowanie zróżnicowania obiektów pod względem dwunastu cech w formie graficznej. Wszystkie analizy statystyczne wykonano z użyciem pakietu statystycznego GenStat v. 10.1 (GenStat, 2007).

WYNIKI I DYSKUSJA

Lata 2004–2006, w których prowadzono doświadczenia polowe, w okresie wegetacji charakteryzowały się zróżnicowanym poziomem i rozkładem opadów (tab. 1). Jedynie w roku 2004, począwszy od kwietnia (wschody roślin) do końca czerwca, obserwowano systematyczny wzrost opadów z najwyższą wartością w czerwcu (63,8 mm), po okresie kwitnienia i na początku fazy zawiązywania strąków. W analogicznym okresie roku 2005 okresy bardzo niskiego poziomu opadów (14,2 i 11,5 mm w kwietniu i czerwcu) przeplatane były wyższymi opadami w maju (68,0 mm) oraz w ostatniej dekadzie lipca, kiedy rośliny wchodziły w fazę dojrzewania, a dostatek wody nie miał już większego wpływu na poziom plonowania. Poziom opadów w roku 2006 był w każdym miesiącu okresu wegetacji bardzo niski, z minimum (17,4 mm) przypadającym na czerwiec. Susza przerwana została dopiero w pierwszej dekadzie sierpnia (102,4 mm), kiedy rozpoczynano zbiór roślin.

Tabela 1

Poziom opadów i średnie temperatury w okresie doświadczeń polowych w latach 2004–2006
Rainfall level and average temperature during field trials in 2004–2006

Miesiące Months	Opady (mm) Rainfall (mm)						Temperatura (°C) Temperature(°C)		
	2004		2005		2006		2004	2005	2006
	suma total	dekady decade	suma total	dekady decade	suma total	dekada decade			
Marzec March	12,4	1,8 8,6 2,0	24,7	2,1 21,7 0,9	16,6	3,1 0,0 13,5	4,6	1,4	0,7
Kwiecień April	14,9	2,4 0 12,5	14,2	4,4 3,4 6,4	39,8	6,1 13,5 20,2	10,0	9,6	9,2
Maj May	45,9	25,7 15,1 5,1	68,0	27,5 24,2 16,3	33,3	11,3 7,1 14,9	13,2	14,3	14,4
Czerwiec June	63,8	6,3 29,3 28,2	11,5	11,5 0,0 0,0	17,4	5,8 3,0 8,6	16,7	17,4	19,5
Lipiec July	30,4	11,3 27,8 2,6	96,6	25,2 6,9 64,5	23,8	0,8 21,2 1,8	18,7	20,3	22,9
Sierpień August	41,8	0,2 14,1 27,5	56,7	41,5 8,1 7,1	162,0	102,4 16,0 43,6	21,0	17,6	16,7

Przeprowadzona dwuczynnikowa analiza wariancji (obiekty, lata) pozwoliła odrzucić hipotezę ogólną o braku różnic pomiędzy obiektami dla wszystkich badanych cech. Nie stwierdzono wpływu na określone cechy lat ani interakcji genotypów badanych obiektów z latami badań. W tabeli 2 przedstawiono wartości średnich dla odmian wyjściowych i pochodzących z nich mutantów pod względem analizowanych cech w poszczególnych latach. Termin kwitnienia ocenianych form wyrażono liczbą dni od wysiewu do momentu kiedy 50% roślin osiągało fazę kwitnienia. Najpóźniej zakwitały odmiany Derek i Krab oraz mutanty w roku 2004 (powyżej 70 dni). Wcześniej (poniżej 66 dni) rozpoczynały kwitnienie rośliny w latach 2005 i 2006. Wykazane powyżej różnice mogły wynikać z przebiegu pogody w końcu maja, a zwłaszcza w czerwcu, na który przypadało kwitnienie roślin. O ile poziom opadów w czerwcu 2004 roku wynosił 63,8 mm, to w dwóch kolejnych latach był to poziom 11,5 i 17,4 mm (tab. 1). Wyższe średnie temperatury w czerwcu 2005 i 2006 przy silnym niedoborze wody mogły mieć wpływ na przyspieszenie terminu rozpoczęcia kwitnienia w porównaniu z rokiem 2004. Nie obserwowano natomiast wyraźnych różnic dla średnich dotyczących terminu kwitnienia między mutantami a odmianami, aczkolwiek wyróżniono mutanty które w trzyletnim okresie badań charakteryzowały się wcześniejszym kwitnieniem. Wszystkie oceniane w pracy rośliny odznaczały się jednolicie białą barwą kwiatu, co jest typowe dla europejskich form lędźwianu (Campbell, 1997; Grela i in., 2010).

Silny stres wodny towarzyszący roślinom w czerwcu 2005 i 2006 roku wpłynął na obniżenie wartości analizowanych cech w porównaniu z otrzymanymi w roku 2004.

Dotyczy to w szczególności wysokości roślin, liczby strąków z rośliny oraz liczby i masy nasion z rośliny (tab. 2). Oceniając inną grupę mutantów, otrzymanych w ten sam sposób jak mutanty w prezentowanej pracy, zakres zmienności wysokości roślin oraz liczby strąków z rośliny w wyjątkowo suchym roku 2003 (148,9 mm od marca do września) wynosił odpowiednio od 27,5 do 42,5 cm oraz 33,5 do 64,4 strąków natomiast w mokrym roku 2002 (361,6 mm w analogicznym okresie) wynosił od 67,8 do 94,3 cm oraz 72,5 do 145,6 strąków z rośliny (Rybiński i Bocianowski, 2006 b). W zależności od odmiany i warunków środowiskowych rośliny mogą osiągać różną wysokość. W badaniach nad europejskimi materiałami kolekcyjnymi w warunkach stresu wodnego zakres wysokości roślin wynosił od 37,2 cm do 63,6 cm (Rybiński i in., 2008 b). W badaniach 1187 form z Indii wysokość roślin wynosiła od 15 do 68 cm (Pandey i in., 1995), w warunkach Kanady od 24 do 172 cm (Campbell, 1997), a w Polsce (Dziamba, 1997) od 60 do 120 cm, przy 2–3 łodygach z rośliny. Na istotne poszerzenie zmienności genetycznej wysokości roślin uzyskanych działaniem mutagenów w zakresie od 37 do 118 cm, przy średniej 68,3 cm, wskazują wyniki Waghmare i Mehra (2000). Wynika z tego, że możliwe jest otrzymanie mutantów o obniżonej wysokości sprzyjającej zwiększeniu odporności na wyleganie. Zgodnie z klasyfikacją Dziamby (1997) wartości graniczne masy 1000 nasion dla ich podziału na drobnonasienne, średnio nasienne i grubonasienne wynoszą odpowiednio: 50–150 g; 150–250 g i powyżej 250 g. Pośród krajowych odmian: Derek i Krab, pierwsza z nich to forma drobnonasienna o masie 1000 nasion nie przekraczającej 130 g, a druga średnionasienna o masie w granicach od 150 do 200 g (Milczak i in., 1997; Milczak i in., 2001). Potwierdziły to wyniki prezentowanej pracy, przy czym średnie wartości MTN dla mutantów odmiany Derek w każdym roku były niższe niż dla odmiany Krab. Najmniej było to widoczne w suchym roku 2006 (137,4 i 143 g). Odmianą reakcję obserwowano dla mutantów z odmiany Derek, z najwyższą MTN u mutantów w roku 2006 wynoszącą 148,8 g przy 105 g dla odmiany Derek. Podsumowując wyniki dotyczące MTN, można stwierdzić, że redukcji liczby strąków z rośliny w warunkach niedoboru wody nie musi towarzyszyć obniżenie masy pojedynczego nasiona. Roślina w warunkach stresowych wiąże mniej strąków lecz przy późniejszym wzroście poziomym opadów mniejszej liczbie nasion z rośliny towarzyszy ich lepsze wypełnienie i wzrost MTN. Przykładem mogą tu być mutanty odmiany Krab w najbardziej suchym roku 2006. Liczba strąków z rośliny dla odmiany i mutantów wynosiła odpowiednio 44 i 28 strąków (przy silnej redukcji liczby i masy nasion z rośliny u mutantów), natomiast MTN była prawie identyczna na poziomie 143 i 137 g. W badaniach Waghmare i Mehra (2000) pośród form pokolenia M₃ po działaniu promieni gamma i chemomutagenu EMS, zakres zmienności MTN wynosił od 51 do 232 g przy wartości średniej na poziomie 121 g. W Australii pośród 451 form kolekcyjnych MTN wynosiła od 190 do 220 g (Hanbury i in., 1995), w Bangladesz od 29,5 do 67,6 g (Sarwar i in., 1995), pośród 272 form od 34,5 do 225,9 g (Robertson i Abd El Moniem, 1995), a w Kanadzie pośród 732 form od 56 do 288 g (Campbell, 1997). W badaniach formy drobnonasienne z reguły pochodziły z Azji Południowo-Wschodniej, a wielkonasienne z terenów Morza Śródziemnego.

Tabela 2

Wartości średnich dla analizowanych cech odmian wyjściowych i mutantów w poszczególnych latach
Mean values of analyzed traits for initial cultivars and their mutants in years

Obiekty i lata Objects and years	Wartości średnich dla cech Means for traits											
	TK*	WS	WOS	LR	LSR	DS	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MTN
cv. Krab 2004	74,01	99,60	21,40	6,00	118,4	3,70	1,40	3,20	0,59	319,00	52,40	163,76
Mutanty mutants	74,65	96,93	21,24	5,38	78,5	3,64	1,28	3,08	0,44	210,85	31,49	145,55
cv. Krab 2005	62,97	58,00	22,20	6,06	24,0	3,40	1,30	3,24	0,61	74,20	13,90	187,15
Mutanty, mutants	63,80	60,26	22,22	4,88	27,9	3,50	1,31	3,19	0,48	77,32	11,69	152,00
cv. Krab 2006	61,12	63,32	21,00	6,03	44,8	3,70	1,40	2,90	0,42	107,50	15,14	143,27
Mutanty mutants	61,00	50,89	22,92	5,64	28,4	3,10	1,20	3,10	0,44	79,60	10,63	137,40
cv. Derek 2004	75,23	92,91	17,29	5,20	100,6	3,60	1,30	3,70	0,47	342,08	41,50	120,18
Mutanty mutants	74,06	96,61	18,81	4,52	71,5	3,72	1,28	2,97	0,45	166,59	25,21	145,50
cv. Derek 2005	66,31	57,04	18,40	3,81	24,1	3,50	1,20	3,88	0,41	87,20	9,12	105,06
Mutanty mutants	63,75	68,47	24,75	4,85	31,6	3,47	1,27	2,97	0,46	83,11	12,56	148,87
cv. Derek 2006	62,88	56,60	16,10	5,11	54,4	3,80	1,30	3,50	0,36	157,60	12,91	87,98
Mutanty mutants	62,81	68,78	22,21	6,26	34,8	3,53	1,30	2,91	0,32	87,44	9,24	105,75

*TK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds

W tabeli 3 przedstawiono wartości średnich oraz współczynników zmienności dla poszczególnych cech u badanych mutantów. Biorąc pod uwagę wartości średnich, najwyższe wartości, zwłaszcza w odniesieniu do najważniejszych cech plonotwórczych obserwowano w mokrym roku 2004, następnie w suchszym roku 2005, a tylko dla liczby rozgałęzień z rośliny w najbardziej suchym roku 2006. Z kolei najwyższe wartości współczynnika zmienności w latach 2004 i 2006 uzyskano odpowiednio dla siedmiu oraz pięciu cech, a dla żadnej w roku 2005. W okresie trzyletnim, największej zmienności podlegała liczba i masa nasion z rośliny, liczba strąków z rośliny i wysokość roślin, a najmniejszej długość i szerokość strąka oraz termin kwitnienia. Podobny efekt u mutantów lędźwianu obserwowano w bardzo suchym roku 2002 (Rybiński i Bocianowski, 2006 b).

Tabela 3

Charakterystyka zmienności cech mutantów lędźwianu siewnego
Characteristics of traits variation of grasspea mutants

Cechy Traits	2004		2005		2006		2004-2006	
	$\bar{x}$	CV (%)	$\bar{x}$	CV (%)	$\bar{x}$	CV (%)	$\bar{x}$	CV (%)
Czas kwitnienia Time of flowering	74,39	1,26	63,78	3,05	61,81	3,35	66,66	8,71
Wysokość roślin (cm) Plant height (cm)	96,79	20,87	63,78	11,04	58,84	19,30	70,00	29,92
Wysokość osadzenia najniższego strąka Height of the lowest pod (cm)	20,19	26,39	23,30	15,36	22,61	11,25	22,04	18,86
Liczba rozgałęzień z rośliny Number of branches per plant	5,01	18,89	4,87	12,96	5,92	12,71	5,27	17,26
Liczba strąków z rośliny Number of pods/plant	75,64	32,61	29,48	24,31	31,23	21,18	45,03	57,83
Długość strąka (cm) Pod length (cm)	3,67	6,38	3,49	6,59	3,29	9,25	3,48	8,62
Szerokość strąka (cm) Pod width (cm)	1,28	7,73	1,29	6,18	1,24	7,79	1,27	7,34
Liczba nasion ze strąka Number of seeds/pod	3,03	9,25	3,03	9,55	3,01	13,70	3,07	10,70
Masa nasion ze strąka (g) Weight of seeds/pod (g)	0,45	16,89	0,47	13,69	0,39	21,86	0,43	19,15
Liczba nasion z rośliny Number of seeds/plant	192,62	37,61	79,80	21,76	83,08	24,96	117,46	58,00
Masa nasion z rośliny (g) Weight of seeds/plant (g)	28,90	46,27	12,06	27,21	10,01	21,72	16,81	68,66
Masa 1000 nasion (g) Weight of 1000 seeds (g)	145,53	22,79	150,66	14,06	123,33	20,08	139,63	20,84

CV — współczynnik zmienności (%)

CV — Coefficient of variation (%)

W badaniach mutacyjnych Waghmare i Mehra (2000) stosujących EMS i promienie gamma najwyższe wartości współczynnika zmienności dla roślin ocenianych w pokoleniu M_3 uzyskano dla masy i liczby nasion z rośliny (70,1 i 20,8%) oraz liczby strąków z rośliny (66,5%) i wysokości roślin (19,2%), a najniższe (7,9% i 9,9%) dla długości strąka i terminu kwitnienia. Mimo stosunkowo niskiej wartości współczynnika zmienności dla liczby nasion w strąku w latach 2004-2006, jego wartość dla masy nasion ze strąka była wyraźnie wyższa, wskazując na większą zmienność tej cechy. Ocenę różnic między odmianami Derek i Krab a mutantami pod względem analizowanych cech w poszczególnych latach wyrażono w wartościach kontrastu (tab. 4). Zdecydowanie dominowały dodatnie wartości kontrastu, wskazując na wyższe wartości cech u odmian aniżeli mutantów. Dla niektórych cech uzyskano ujemne wartości. Dotyczy to w szczególności suchego 2005 roku. W odniesieniu do porównań odmiany Krab i Derek z ich mutantami liczba ujemnych wartości kontrastu wynosiła odpowiednio: siedem i dziewięć. Wskazuje to, że w roku 2005 pod względem największej liczby cech mutanty przewyższały odmiany Derek i Krab. Niezależnie czy wartości kontrastu przyjmowały wartości dodatnie czy ujemne, tylko część z nich była statystycznie istotna. Na uwagę zasługują ujemne i statystycznie istotne wartości kontrastu w suchym 2005 roku dla porównań odmiany Derek z mutantami w

odniesieniu do wysokości roślin, wysokości osadzenia najniżej zawiązanego na roślinie strąka, liczby nasion w strąku i MTN oraz wysokości roślin i wysokości osadzenia najniżej zawiązanego na roślinie strąka w roku 2006.

Tabela 4

Ocena zróżnicowania między odmianami wyjściowymi a mutantami dla badanych cech
The estimation of variability in analyzed traits between initial cultivars and mutants

Cechy w latach Traits in years	Wartość kontrastu dla porównywanych obiektów Contrast estimation for compared objects					
	odmiana Krab — mutant cv. Krab — mutant			odmiana Derek — mutant cv. Derek — mutant		
	2004	2005	2006	2004	2005	2006
TK	-0,65	-0,80	0,00	0,94	2,30	0,19
WS	2,70	-2,30	12,26**	-3,61	-11,27**	-12,00**
WOS	0,17	-0,02	-1,91*	-1,94*	-6,30***	-6,12***
LR	0,62	1,10*	0,36	0,65	-1,00	-1,32*
LSR	40,00***	-3,90	16,31*	28,28**	-7,42	19,47*
DS	0,07	-0,10	0,60*	-0,11	0,03	0,27
SZS	0,13*	-0,01	0,20*	0,02	-0,07	0,00
LNS	0,13	0,05	-0,20	0,72	-4,52***	0,59
MNS	0,15*	0,13*	-0,02	0,02	-0,05	0,04
LNR	108,01***	-3,11	28,32	171,25***	0,91	70,00**
MNR	21,04**	2,23	4,51	16,04**	-3,42	3,72
MTN	18,22	35,28*	5,60	-25,28	-44,05*	-18,06

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

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

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

*TK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds

Szczegółową ocenę porównań odmiany wyjściowej z każdym z mutantów odmian Krab i Derek w trzyletnim okresie badań przedstawiono w tabelach 5 i 6. W porównaniach odmiany Krab z mutantami dominowały dodatnie wartości kontrastu, wskazując na wyższe wartości cech u odmian (tab. 5). Wyjątek stanowiły wyniki w odniesieniu do terminu kwitnienia i wysokości najniżej osadzanych na roślinie strąków, gdzie dla większości porównań uzyskano ujemne wartości kontrastu, wskazujące na późniejsze kwitnienie mutantów i wyższe zawiązywanie strąków. Z kolei prawie wyłącznie dodatnie wartości kontrastu dla wysokości roślin wskazują na redukcję wartości tej cechy u mutantów. Ma to istotne znaczenie w kontekście silnej tendencji lędźwianu do wylegania (Dziamba, 1997), związanej z wiotkimi i wolno drewniejącymi łodygami tworzącymi charakterystyczny „rozpostarty” pokrój roślin. Mimo widocznej redukcji wartości cech struktury plonu mutantów na uwagę zasługuje mutant K 42 o wyższej masie nasion z rośliny i istotnie wyższej MTN.

Tabela 5

Ocena zróżnicowania między odmianą wyjściową Krab i poszczególnymi mutantami dla badanych cech (za okres trzech lat)

The estimation of variability in analyzed (for three years period) traits between initial cultivar Krab and its mutants

Porównywane obiekty Compared objects	Ocena kontrastu dla cech Contrast estimation for traits											
	^x TK	WS	WOS	LR	LSR	DS	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MTN
Krab-K 37	-1,3	5,0	-0,3	0,47	15	0,3	0,03	0,11	0,07	38	9	16
Krab-K 38	-1,3	2,0	0,4	0,63	40	0,2	0,1	0,08	0,1	99	18	32
Krab-K 39	-2,0	-5,0	-5,0	-0,1	17	0,33	0,1	-0,02	0,1	57	11	15
Krab-K 40	-0,7	7,0	-5,0	0,23	24	0,2	0,03	-0,05	0,13*	74	15	32
Krab-K 41	0,7	4,0	-2,0	0,23	7,0	0,4	0,2**	-0,05	0,15*	30	11	44*
Krab-K 42	1,3	4,0	-2,4	0,5	12	0,07	0,0	0,03	0,02	29	-6,0	-40*
Krab-K 43	0,7	8,0	-0,8	1,1	19	0,2	0,13	-0,05	0,07	69	10	-3
Krab-K 44	-1,7	8,0	0,9	0,6	20	0,23	0,17*	-0,36	0,07	32	10	36
Krab-K 45	-1,0	8,0	0,5	0,67	5,0	0,4	0,23***	-0,23	0,17**	-7,0	9,0	58**
Krab-K 46	0,7	2,0	-0,1	1,53	33	0,53*	0,27***	-0,27	0,20**	74	18	67**
Krab-K 47	-0,7	4,0	-0,9	0,23	8,0	0,03	0,1	0,08	0,05	17	4,0	6
Krab-K 48	0,3	6,0	2,3	0,97	15	-0,17	0,1	0,03	0,013	43	6,0	-1
Krab-K 49	0,0	7,0	2,2	0,23	3,0	0,03	0,1	0,08	0,08	7,0	4,0	22
Krab-K 50	-1,0	9,0	2,6	1,37	11	0,37	0,03	0,12	0,16**	31	12	48*
Krab-K 51	0,0	1,0	0,0	1,2	26	0,5*	0,13	0,27	0,16**	76	15	36
Krab-K 52	0,7	4,0	-0,7	0,77	11	0,07	0,07	0,22	0,07	39	6,0	5
Krab-K 53	-2,3	0,0	-4,8	0,6	29	0,2	0,1	-0,18	0,05	67	13	19
Krab-K 54	-1,7	5,0	1,5	0,5	15	0,07	0,17*	-0,23	0,04	16	5,0	18
Krab-K 55	-2,0	4,0	-0,3	1,4	22	-0,27	0,07	-0,05	-0,04	45	6,0	-10
Krab-K 56	1,7	3,0	0,0	0,87	16	0,07	0,0	0,33	0,04	51	7,0	-8

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

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

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

^xTK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds

Z kolei mutanty z odmiany Derek charakteryzowały się wcześniejszym kwitnieniem, wyższymi roślinami, wyższym osadzaniem najniższych strąków i lepszą krzewistością, przy silnej i istotnej redukcji liczby nasion w strąku (tab. 6). Ta ostatnia cecha, przy niższej liczbie strąków z rośliny wiązała się z wykształcaniem większych nasion, co znalazło odzwierciedlenie w wyższych wartościach MTN mutantów jak np. D 413 czy D 425. Cecha ta była pozytywnie i istotnie skorelowana z szerokością strąka oraz masą nasion ze strąka i rośliny (tab. 7). Z kolei masa nasion ze strąka była pozytywnie i istotnie skorelowana z jego morfologią (długością i szerokością) oraz masą nasion z rośliny. Z reguły formy o szerokich i eliptycznych strąkach wiążą mniej nasion w strąku lecz o wysokiej masie pojedynczego nasiona, co jest typowe dla grubonasiennych form pochodzących z Basenu Morza Śródziemnego (Campbell, 1997).

Tabela 6

Ocena zróżnicowania między odmianą wyjściową Derek i poszczególnymi mutantami dla badanych cech (za okres trzech lat)
The estimation of variability in analyzed (for three years period) traits between initial cultivar Derek and its mutants

Porównywane obiekty Compared objects	Ocena kontrastu dla cech Contrast estimation for traits											
	^x TK	WS	WOS	LR	LSR	DS	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MTN
Derek–D 413	0,7	-27	-7,8*	-0,67	9	0,00	-0,03	1,4***	0,02	100	7,0	-43*
Derek–D 414	0,3	-20	-6,6	-0,27	17	0,10	0,00	0,74***	0,03	85	7,0	-20
Derek–D 415	2,3	-24	-4,0	-0,60	16	0,03	0,00	1,13***	0,10	123	12	-21
Derek–D 416	1,7	-8,0	-3,9	-1,52	23	-0,16	-0,13	-0,10	0,04	84	10	7
Derek–D 417	0,0	-8,0	-3,9	-1,17	10	0,43*	0,02	0,90***	0,00	75	5,0	-27
Derek–D 418	0,3	-9,0	-4,5	-0,47	7	0,07	0,03	0,94***	0,01	79	5,0	-37
Derek–D 419	0,3	-19	-6,6	-0,60	11	0,07	0,00	0,51*	-0,01	61	4,0	-24
Derek–D 420	0,3	-12	-5,2	-0,87	7	0,13	-0,07	0,59**	-0,03	52	0,0	-35
Derek–D 421	-0,7	-6,0	-6,8	-0,73	12	-0,23	-0,07	0,33	-0,08	74	3,0	-40
Derek–D 422	1,3	-7,0	-5,7	-0,87	10	0,13	-0,03	0,86***	0,02	65	3,0	-27
Derek–D 423	1,0	-2,0	-4,7	-0,40	22	-0,27	-0,10	0,47*	-0,11	91	4,0	-28
Derek–D 424	2,7	-1,0	-6,0	0,03	19	0,00	-0,03	0,46*	0,00	92	7,0	-27
Derek–D 425	2,3	-3,0	-2,0	-0,27	17	0,07	0,00	1,09***	0,02	96	6,0	-43*
Derek–D 426	1,3	3,0	-1,3	-1,07	7	0,30	0,00	0,92***	0,04	74	4,0	-31
Derek–D 427	1,0	-2,0	-3,1	-0,20	23	0,00	0,03	0,97***	0,08	107	10	-17
Derek–D 428	3,0	2,0	-3,5	-0,03	26	0,30	0,07	0,45*	-0,01	98	9,0	-14

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

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

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

^xTK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds

Ważna z plonotwórczego punktu widzenia, liczba strąków z rośliny, była pozytywnie i istotnie skorelowana z liczbą rozgałęzień oraz liczbą i masą nasion z rośliny. Ze względu na mechaniczny zbiór roślin pożądane są formy zawiązujące najniższe strąki dostatecznie wysoko od powierzchni gleby (Dziamba, 1997). Cecha ta jest istotnie i dodatnio związana z wysokością roślin, wskazując na problemy z selekcją form o zredukowanej wysokości (i poprawionej odporności na wyleganie) lecz wiążące strąki dostatecznie wysoko.

Podobieństwo między każdym z mutantów, a odmianami Derek i Krab pod względem badanych cech łącznie w trzyletnim okresie doświadczeń polowych wyrażono odległościami Mahalanobisa (tab. 8). Generalnie wyższe wartości uzyskano w porównaniach mutantów z odmianą Derek niż z odmianą Krab. Wskazuje to, że mutanty z odmiany Derek bardziej różniły się od swej formy wyjściowej niż mutanty z odmiany Krab. Uzyskane wyniki pozwoliły wyróżnić mutanty o największym jak i najmniejszym podobieństwie na poziomie fenotypowym w stosunku do kontrolnych odmian Derek i Krab.

Tabela 7

Wartości współczynnika korelacji dla analizowanych cech mutantów lędzwanu siewnego (z trzech lat)
Correlation coefficient between analyzed characteristics of grasspea mutants (mean values from three years)

	^x TK	WS	WOS	LR	LSR	DS	SZS	LNS	MNS	LNR	MNR	MTN
TK	1											
WS	0,26	1										
WOS	0,15	0,40*	1									
LR	0,16	0,13	0,30	1								
LSR	0,04	0,01	-0,19	0,33*	1							
DS	0,13	0,21	-0,04	-0,02	0,08	1						
SZS	0,01	0,14	0,17	0,28	0,11	0,56***	1					
LNS	0,18	-0,36*	-0,02	0,05	-0,10	-0,08	0,06	1				
MNS	0,06	-0,30	0,14	0,12	0,15	0,42**	0,39*	0,10	1			
LNR	0,16	-0,28	-0,31	0,22	0,82***	0,05	0,01	0,17	0,30	1		
MNR	-0,08	-0,26	-0,07	0,26	0,68***	0,26	0,32	0,09	0,70***	0,72***	1	
MTN	-0,20	-0,09	0,24	0,14	0,21	0,30	0,40*	-0,05	0,76***	0,06	0,69***	1

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

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

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

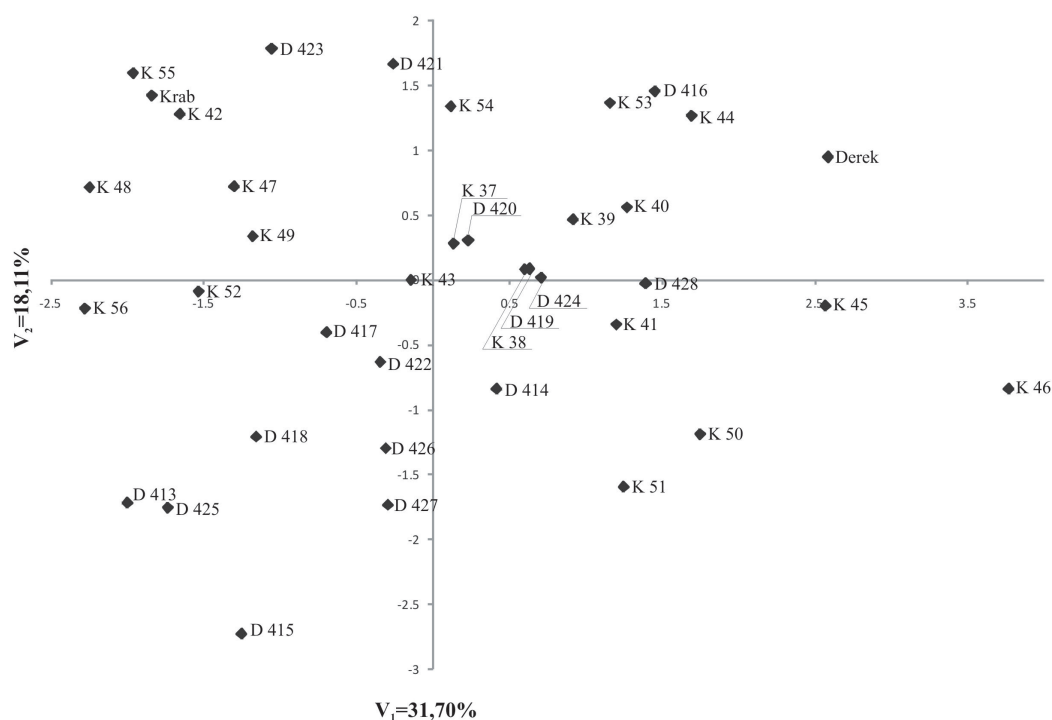
^xTK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds.

Tabela 8

Porównanie odległości Mahalanobisa w pomiędzy mutantami i ich formami wyjściowymi Derek i Krab
Mahalanobis distances compared between mutants and their initial cultivars Derek and Krab

Mutanty (D 413-D 428) — Derek Mutants (D 413-D 428) — c.v. Derek				Mutanty (K 37-K 56) — Krab Mutants (K 37-K 56) — c.v. Krab			
D 413	6,269	D 421	4,135	K 37	2,925	K 47	2,223
D 414	3,934	D 422	4,323	K 38	3,926	K 48	2,712
D 415	6,014	D 423	5,059	K 39	3,865	K 49	2,185
D 416	4,858	D 424	3,143	K 40	4,219	K 50	4,974
D 417	5,594	D 425	5,512	K 41	4,011	K 51	4,679
D 418	5,105	D 426	4,857	K 42	3,483	K 52	2,162
D 419	3,354	D 427	4,685	K 43	3,324	K 53	4,000
D 420	3,895	D 428	3,144	K 44	4,036	K 54	3,354
				K 45	5,331	K 55	3,276
				K 46	6,577	K 56	2,219

Najwyższymi wartościami odległości Mahalanobisa (a więc najmniejszym podobieństwem) wyróżniały się mutanty D 413, D 415 oraz D 425, a w odniesieniu do odmiany Krab mutant K 46, K 45 i K 50 (tab. 8). Szereg innych mutantów (najkrótsze odległości) w znacznie mniejszym stopniu różniło się od swych odmian kontrolnych. W formie przestrzennej prezentuje to rysunek 1 obrazując położenie wszystkich obiektów w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych. Dwie pierwsze zmienne kanoniczne wyjaśniały w sumie 49,81% całkowitej zmienności.



Derek i Krab — odmiany wyjściowe; Derek and Krab — initial cultivars

D and K — mutant z odmiany Derek lub Krab; D and K — mutant from cultivar Derek or Krab

Rys. 1. Rozmieszczenie mutantów i ich form wyjściowych Derek i Krab w układzie dwóch pierwszych zmiennych kanonicznych pod względem badanych cech

Fig. 1. Distribution of mutants and their initial cultivars Derek and Krab in the space of two first canonical variables for the analyzed traits

Pierwsza zmienna kanoniczna skorelowana była dodatnio z liczbą nasion ze strąką, a ujemnie z długością strąka, szerokością strąka, masą nasion ze strąką, masą nasion z rośliny i masą tysiąca nasion (tab. 9). Natomiast druga zmienna kanoniczna skorelowana była dodatnio z długością strąka, szerokością strąka, liczbą nasion ze strąką, masą nasion ze strąką, liczbą nasion z rośliny i masą nasion z rośliny, a ujemnie z wysokością rośliny (tab. 9). Wyniki te wskazują, że ich wykorzystanie w dostatecznym stopniu uwiarygodnia przestrzenne położenie obiektów oraz potwierdza efektywność charakterystyki wielocechowej. Ocena taka jest bardzo wiarygodna, czego potwierdzeniem jest jej szerokie zastosowanie przez hodowców i genetyków (Bocianowski i Rybiński, 2006; 2008; Bocianowski i Skomra, 2008; Bocianowski i in., 2009; Rybiński i in., 2009; Bocianowski i Stokłosa, 2010; Seidler-Łożykowska i in., 2010).

Tabela 9

Współczynniki korelacji między trzema pierwszymi zmiennymi kanonicznymi a cechami mutantów lędźwianu siewnego

Correlation coefficients between the first three canonical variates and the characters of grasspea mutants

Cecha Trait	Pierwsza zmienna kanoniczna First canonical variate	Druga zmienna kanoniczna Second canonical variate	Trzecia zmienna kanoniczna Third canonical variate
TK*	0,183	0,241	0,020
WS	-0,197	-0,351*	-0,088
WOS	-0,003	0,169	0,408*
LR	-0,161	0,285	0,340*
LSR	-0,284	0,040	0,098
DS	-0,564***	0,376*	-0,615***
SZS	-0,481**	0,322*	0,097
LNS	0,606***	0,740***	-0,329*
MNS	-0,482**	0,771***	0,177
LNR	0,053	0,414**	-0,041
MNR	-0,469**	0,507**	0,183
MTN	-0,762***	0,284	0,389*
Wartości własne Eigenvalues	3,359	1,919	1,607
Procent zmienności Percentage of variability	31,70	18,11	15,17

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

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

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

*TK — Czas kwitnienia, Time of flowering; WS — Wysokość roślin, Plant height; WOS — Wysokość osadzenia najniższego strąka, Height of the lowest pod; LR — Liczba rozgałęzień z rośliny, Number of branches per plant; LSR — Liczba strąków z rośliny, Number of pods/plant; DS — Długość strąka, Pod length; SZS — Szerokość strąka, Pod width; LNS — Liczba nasion ze strąka, Number of seeds/pod; MNS — Masa nasion ze strąka, Weight of seeds/pod; LNR — Liczba nasion z rośliny, Number of seeds/plant; MNR — Masa nasion z rośliny, Weight of seeds/plant; MTN — Masa 1000 nasion, Weight of 1000 seeds

WNIOSKI

1. Indukowanie mutacji okazało się skuteczną metodą poszerzenia zmienności cech u lędźwianu siewnego. Mimo obserwowanego wyraźnego obniżenia parametrów plonowania mutantów w porównaniu z ich odmianami wyjściowymi, część mutantów charakteryzowała się poprawieniem niektórych cech istotnych z użytkowego punktu widzenia.
2. Analizując wartości średnich za okres trzech lat, wykazano zróżnicowanie mutantów pod względem ocenianych cech w porównaniu do ich odmian wyjściowych (kontrolnych), przy czym zakres zmienności różnił się w zależności od roku badań. Najwyższe wartości średnich dla cech plonotwórczych mutantów obserwowano w pierwszym roku badań z wyraźnie niższymi wartościami w latach 2005 i 2006, charakteryzujących się w czerwcu silnym niedoborem wody w glebie.
3. Najwięcej najwyższych wartości współczynnika zmienności dla cech decydujących o wysokości plonu uzyskano w mokrym roku 2004, a mniej w dwu kolejnych suchych latach. Może to sugerować, że stres wodny po części ograniczał zmienność cech plonotwórczych i zakres ich zróżnicowania.

4. Większe odległości Mahalanobisa w porównaniu mutantów z odmianą Derek niż z odmianą Krab wskazują na różnice w efektywności działania mutagenów w zależności od rodzaju materiału wyjściowego użytego do badań i większą przydatność w tym względzie odmiany Derek aniżeli Krab.

LITERATURA

- Ahloowalia B. S., Małuszyński M. 2001. Induced mutations — a new paradigm in plant breeding. *Euphytica* 118: 167 — 173.
- Ahloowalia B. S., Małuszyński M., Nitcherlein K. 2004. Global impact of mutation — derived varieties. *Euphytica* 135: 187 — 204.
- Allkin R., Macfarlane T. D., White F. A., Bisby F. A., Adey M. E. 1983. Names and synonyms of species and subspecies in *Viciae*. Issue 2, *Viciae* Database Project Publication No. 2, Southampton, UK.
- Bocianowski J., Liersch A., Bartkowiak-Broda I. 2009. Badanie zmienności fenotypowej mieszańców F₁ CMS *ogura* rzepaku ozimego i ich form rodzicielskich za pomocą statystycznych metod wielowymiarowych. *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXX*: 161 — 184.
- Bocianowski J., Rybiński W. 2006. Wykorzystanie wielowymiarowej metodyki oceny cech ilościowych mutantów lędzwanu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) uzyskanych działaniem chemomutagenów i światła lasera helowo-neonowego. *Acta Agrophysica* 8 (4): 791 — 802.
- Bocianowski J., Rybiński W. 2008. Wykorzystanie analizy zmiennych kanonicznych do wielocechowej charakterystyki dwurzędowych i wielorzędowych linii DH jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.). *Annales UMCS, Sectio E: Agricultura LXIII* (3): 53 — 61.
- Bocianowski J., Skomra U. 2008. Wykorzystanie analizy zmiennych kanonicznych do wielocechowej charakterystyki odmian chmielu zwyczajnego (*Humulus lupulus* L.). *Pamiętnik Puławski* 148: 107 — 118.
- Bocianowski J., Stokłosa A. 2010. Ocena kiełkowania odmian botanicznych owsa głuchego (*Avena fatua* L.) w różnych warunkach świetlnych i termicznych za pomocą analizy zmiennych kanonicznych. *Nauka Przyroda Technologie* 4: 60 — 65.
- Caliński T., Kaczmarek Z. 1973. Metody kompleksowej analizy doświadczenia wielocechowego. *Colloquium Metodologiczne z Agrobiometrii, PAN i PTB, Warszawa*, 3: 258 — 320.
- Campbell C. G., Mehra R. B., Agrawal S. K., Chen, Y. Z., Abd El Moneim A. M., Khawaja H. I. T., Yadov, C. R., Tay, J. U., Araya, W. A. 1994. Current status and future strategy in breeding grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Euphytica* 73: 167 — 175.
- Campbell C. G. 1997. Promoting the conservation and use of underutilized and neglected crops. 18. Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research. Gatersleben/International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Camussi A., Ottaviano E., Caliński T., Kaczmarek Z. 1985. Genetic distances based on quantitative traits. *Genetics* 111: 945 — 962.
- Dziamba S. 1997. Biologia i agrotechnika lędzwanu siewnego. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędzwan siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”, Radom, 9–10 czerwca 1997: 27 — 33.
- GenStat 2007. GenStat Release 10 Reference Manual, Lawes Agricultural Trust Rothamsted.
- Grela E. R., Rybiński W., Klebaniuk R., Matras J. 2010. Morphological characteristics of some accessions of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) grown in Europe and nutritional traits of their seeds. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 57 (5): 693 — 701.
- Hanbury C. D., Sarker A., Siddique K. H. M., Perry M. W. 1995. Evaluation of *Lathyrus* germplasm in a Mediterranean type environment in South-Western Australia. Cooperative Research Center for Legumes in Mediterranean Agriculture, Occasional Paper, No 8. Perth.
- Kislev M. E. 1986. Archeobotanical findings of the origin of *Lathyrus sativus* and *L. cicera*. In: *Lathyrus and Lathyrism* (Eds. Kaul A.K. and Combes D.). Third World Medical Research Foundation, New York: 46 — 51.

- Mahalanobis P. C. 1936. On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Science of India* 12: 49 — 55.
- Milczak M., Pędziński M., Mnichowska H., Szwed-Urbaś K. 1997. Hodowla twórcza lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) — podsumowanie pierwszego etapu. Międzynarodowe Sympozjum Naukowe „Lędwian siewny — agrotechnika i wykorzystanie w żywieniu zwierząt i ludzi”. Radom, 9–10 czerwca 1997: 13 — 22.
- Milczak M., Pędziński M., Mnichowska H., Szwed-Urbaś K., Rybiński W. 2001. Creative breeding of grasspea (*Lathyrus sativus* L.) in Poland. *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 2: 18 — 23.
- Pandey R. L., Agrawal S. K., Chitale M. W., Sharma R. N., Kashyap O. P., Geda A. K., Chandrakar H. K., Agrawal K. K. 1995. Catalogue of grasspea (*L. sativus* L.) germplasm. I. Gandhi Agric. Univ. Press, Raipur, India.
- Rencher A. C. 1992. Interpretation of canonical discriminate functions, canonical varieties, and principal components. *Am. Stat.* 46: 217 — 225.
- Robertson L. D., Abd El Moneim A. M. 1995. Status of *Lathyrus* germplasm held at ICARDA and its use in breeding programmes. In: R. K. Arora, P. N. Mathur, K. W. Riley & Y. Adham (Eds.), *Lathyrus Genetic Resources in Asia. Proceedings of a Regional Workshop, 27–29 December, Raipur, India*: 97–111.
- Rybiński W., Bocianowski J. 2006 a. Zmienność cech ilościowych roślin lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.) pokolenia M₁ uzyskanego działaniem chemomutagenów. *Biul. IHAR* 240/241: 285 — 290.
- Rybiński W., Bocianowski J. 2006 b. Zmienność cech morfologicznych i struktury plonu nasion mutantów lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). *Biul. IHAR* 240/241: 291 — 297.
- Rybiński W., Bocianowski J., Pankiewicz K. 2008 a. Zróżnicowanie cech morfologicznych i plonotwórczych u indukowanych mutantów odmian lędwianu siewnego (*Lathyrus sativus* L.). *Biul. IHAR* 249: 217 — 231.
- Rybiński W., Szot B., Rusinek R. 2008b. Estimation of morphological and mechanical properties of grasspea seeds (*Lathyrus sativus* L.) originating from EU countries. *International Agrophysics* 22: 261 — 275.
- Rybiński W., Szot B., Rusinek R., Bocianowski J. 2009. Estimation of geometric and mechanical properties of seed of Polish cultivars and lines representing selected species of pulse crops. *International Agrophysics* 23: 257–267.
- Sarwar C. D. M., Sarkar A., Murshed A. N. M. M., Malik M. A. 1995. Variation in natural population of grass pea. In: *Lathyrus sativus* and Human Lathyrism. Progress and Prospects. Proc. 2nd Int. Colloq. Lathyrus Lathyrism, 10–12 December 1993, Dhaka, Bangladesh.
- Sawicka E. 1993. Induced mutations in Andean lupine (*Lupinus mutabilis* Sweet). *Prace Ogrodu Botanicznego. Seria: Monografie i Rozprawy* 3: 1 — 101.
- Seidler-Łożykowska K., Król D., Bocianowski J. 2010. Zawartość olejku eterycznego i jego skład w owocach pochodzących z kolekcji kminku zwyczajnego (*Carum carvi* L.). *Rośliny Oleiste — Oilseed Crops XXXI*: 147 — 160.
- Vaz Patto M. C., Skiba B., Pang E. C. K., Ochatt S. J., Lambein F., Rubiales D. 2006. *Lathyrus* improvement for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical breeding to marker assisted selection. *Euphytica* 147: 133 — 147.
- Waghmare V. N., Mehra R. B. 2000. Induced mutations in grasspea (*Lathyrus sativus* L.). *Lathyrus Lathyrism Newsletter* 1: 21 — 24.

SPIS TREŚCI — CONTENTS

Maria Surma Tadeusz Adamski Karolina Krystkowiak Anetta Kuczyńska Krzysztof Mikołajczak Piotr Ogródowicz	Markery funkcjonalne dla cech ilościowych Functional markers for quantitative traits	5
Bogna Zawieja Wiesław Pilarczyk Bogna Kowalczyk	Metoda COYU i metoda Bennetta. Empiryczne porównanie decyzji dotyczących wyrównania odmian roślin uprawnych The COYU method and Bennett method. The empirical comparison of decisions concerning uniformity of crop plants cultivars	15
Katarzyna Ambroży Iwona Mejza	Modelowanie danych z doświadczeń trójczynnikiowych zakładanych w układach zależnych o różnych strukturach blokowych Modeling data from three-factor experiments with split units set up in designs with different block structures	23
Aneta Kramek Krystyna Szwed-Urbaś Zbigniew Segit	Ocena zmienności i współzależności cech ilościowych w kolekcji jarej pszenicy twardej pochodzenia afgańskiego The estimation of variability and correlation of quantitative traits in spring durum wheat collection of Afghan origin	33
Wanda Kociuba Zbigniew Segit Władysław Kadłubiec Rafał Kuriata	Ocena zdolności kombinacyjnej wybranych odmian i linii pszenicy twardej <i>T. durum</i> Desf. Estimation of combining ability of chosen <i>T. durum</i> Desf. cultivars and lines	43
Jadwiga Nadziak Anna Tratwal	Określenie przydatności odmian do uprawy w zasiewach mieszanych pszenicy ozimej Usefulness of winter wheat varieties for cultivation in mixtures	49
Jan Bocianowski Tadeusz Łuczkiwicz Piotr Szulc	Wpływ ośmiu cech ilościowych rzepaku jarego (<i>Brassica napus</i> ssp. <i>oleifera</i>) na masę nasion z rośliny Effect of eight quantitative traits of spring rape (<i>Brassica napus</i> ssp. <i>oleifera</i>) on seed weight per plant	55
Tadeusz Łuczkiwicz Jan Bocianowski Jerzy Nawracała	Efekt heterozji cech ilościowych rzepaku ozimego (<i>Brassica napus</i> L.) u mieszańców jednozerowych linii wsobnych krzyżowanych z odmianą Californium Effect of quantitative traits heterosis in winter rape (<i>Brassica napus</i> L.) hybrids between zero-erucic inbred lines crossed with the variety Californium	67
Alina Liersch Jan Bocianowski Iwona Bartkowiak-Broda	Poszukiwanie markerów molekularnych związanych z przebiegiem kwitnienia linii rodzicielskich mieszańców F ₁ CMS <i>ogura</i> rzepaku ozimego (<i>B. napus</i> L.) Search for molecular markers linked to the flowering time and length of parental lines of F ₁ CMS <i>ogura</i> hybrids of winter oilseed rape (<i>B. napus</i> L.)	79

Laurencja Szała Zygmunt Kaczmarek Elżbieta Adamska Teresa Cegielska-Taras	Wpływ kierunku krzyżowania na ekspresję barwy nasion i cech składowych plonu w populacjach linii DH rzepaku ozimego Influence of the direction of crossing on the expression of seed colour and yield components in DH line populations of winter oilseed rape	89
Irena Kolasińska	Zróżnicowanie zdolności do przywracania płodności wśród linii męskosterylnych żyta z cytoplazmą Pampa Diversity in fertility restoration among male sterile rye lines with Pampa cytoplasm	97
Helena Kubicka Dariusz Gozdowski Jerzy Puchalski Wiesław Łuczak	Wielocechowa ocena zróżnicowania form lokalnych żyta o różnym pochodzeniu geograficznym pod względem cech morfologicznych i użytkowych Multivariate evaluation of variability of local rye accessions from different geographical regions based on morphological and agricultural traits	105
Beata Myśków Anna Łań Monika Hanek	Wpływ sposobu zapylenia żyta na mapowanie QTL dla porastania przedźniwnego Analysis of the impact of pollination method on the results of mapping QTL for pre-harvest sprouting in rye.	117
Wanda Kociuba Aneta Kramek Krzysztof Ukalski	Ocena stabilności wybranych cech plonotwórczych polskich odmian pszenżyta ozimego Stability estimation of selected yielding traits of Polish winter triticale varieties	127
Henryk Bujak Anna Tratwał Felicja Walczak	Reakcja odmian pszenżyta ozimego na warunki środowiskowe Wielkopolski przy dwóch poziomach intensywności agrotechniki The reaction of winter triticale varieties, grown using two levels of cultivation intensity, to Wielkopolska environmental conditions	141
Krzysztof Ukalski Tadeusz Śmiałowski	Ocena stabilności plonowania odmian owsa oplewionego na podstawie danych z doświadczeń wstępnych Evaluation of yield stability of covered oat genotypes based on the results of preliminary trials	157
Sylwia Lewandowska Rafał Kuriata Władysław Kadłubiec	Wartość hodowlana wybranych linii wsobnych kukurydzy Breeding value of selected maize inbred lines	169
Sylwia Lewandowska Rafał Kuriata Władysław Kadłubiec	Morfologiczne i genetyczne zróżnicowanie linii wsobnych kukurydzy Morphological and genetic diversity of maize inbred lines	177
Krzysztof Wójcik Rafał Kuriata Sylwia Lewandowska	Odziedziczalność i współzależność cech rolniczych kukurydzy Heritability and relationships between maize agricultural traits	183
Leszek Domański Dariusz R. Mańkowski Bogdan Flis Henryka Jakuczun Ewa Zimnoch-Guzowska	Wielocechowa analiza różnorodności fenotypowej mieszańców ziemniaka uzyskanych z krzyżowań tetraploid $\times$ diploid Multivariate analysis of phenotypic diversity in the tetraploid $\times$ diploid hybrid progenies of potatoes	189
Wojciech Rybiński Jan Bocianowski Szymon Dziamba	Zmienność cech ilościowych u wybranych odmian lokalnych lędźwianu siewnego (<i>Lathyrus sativus</i> L.) Variation of quantitative traits in Polish local grasspea accessions (<i>Lathyrus sativus</i> L.)	195

Wojciech Rybiński Jan Bocianowski Katarzyna Pankiewicz	Zmienność cech ilościowych mutantów dwóch odmian lędźwianu siewnego (<i>Lathyrus sativus</i> L.) Variability of quantitative traits of two mutated grasspea (<i>Lathyrus</i> <i>sativus</i> L.) cultivars	211
--	--	-----