

KRZYSZTOF UKALSKI¹
TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI²

¹ Katedra Ekonometrii i Statystyki, Zakład Biometrii
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

² Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — PIB
Zakład Roślin Zbożowych w Krakowie

Wielocechowa analiza wyników doświadczeń wstępnych z żytem ozimym

Multivariate analysis of data from preliminary trials with winter rye

Przedmiotem badań było 30 form żyta ozimego badanych w doświadczeniach wstępnych przez sześć Zakładów Hodowli Roślin oraz Zakład Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie. Wyniki prezentowane w pracy dotyczą obiektów badanych w 2009 r. w 6 miejscowościach. Pod uwagę wzięto 10 cech: plon, MTZ, wysokość, odporność na wyleganie, przezimowanie, liczba dni do kłoszenia, liczba dni do dojrzałości, pylenie, odporność na mączniaka i rdzę brunatną. Celem pracy było: 1. zastosowanie analizy składowych głównych (PCA) na wartościach transformowanych dla cech wyrażonych w skali bonitacyjnej, 2. szczegółowe porównanie badanych form żyta przy użyciu regresji składowych głównych (PCR). Analiza składowych głównych PCA na wartościach poddanych transformacji wyjaśniła ponad 15% więcej zmienności całkowitej niż PCA na wartościach nietransformowanych dla trzech pierwszych składowych. Wyniki analizy PCR przedstawiono za pomocą wykresów przedstawiających zróżnicowanie badanych form żyta ozimego pod kątem wybranej cechy. Forma populacyjna HRSM 4 swoimi właściwościami zbliżona jest do form mieszańcowych.

Słowa kluczowe: analiza składowych głównych, formy mieszańcowe, formy populacyjne, plon ziarna, regresja składowych głównych, transformacja, żyto ozime

The subjects of the study were 30 lines of winter rye examined in preliminary trials coordinated by the Plant Breeding and Acclimatization Institute, the Department of Cereals Crops in Cracow. The results presented in the paper concern objects examined in 6 locations in 2009. Ten traits were taken into account: grain yield, 1000 grains weight, plant height, lodging score, winter hardiness, no. of days to heading, no. of days to maturity, pollen fertility, powdery mildew score and brown rust score. The aim of the study was: firstly, the application of principal component analysis (PCA) on transformed values for traits formulated in valuation scale, secondly, detailed comparison of examined forms of winter rye using principal component regression (PCR). Principal component analysis PCA on values under transformation explained over 15% more total variation than PCA on non-transformed values for three first components. The results of PCR analysis are shown on graphs presenting diversity of examined forms of winter rye with consideration of particular traits. The population form HRSM 4 is similar, by its characteristics, to the hybrid lines.

Key words: grain yield, hybrid forms, population forms, principal component analysis, principal component regression, transformation, winter rye

WSTĘP

Odmiany,rody i mieszańce żyta ozimego charakteryzują się wysoką zmiennością oraz współzależnością cech użytkowych. Wskazują na to wyniki badań zgromadzonych w bankach genów form żyta (Kubicka i in., 2006; Węgrzyn i in., 1996) oraz badanych na zawansowanym etapie hodowli jakim są doświadczenia wstępne (Śmiałowski i in., 2001, 2007). Do analizy tych genetyczno-hodowlanych zjawisk bardzo przydatne okazują się metody wielowymiarowe stosowane do oceny wielocechowej zbóż szczególnie na podstawie wyników doświadczeń odmianowych prowadzonych w kilku środowiskach (Ukalski i in., 2009).

Jedną z najczęściej stosowanych metod wielowymiarowych przy badaniu wielocechowej zmienności roślin uprawnych jest analiza składowych głównych PCA (Pearson, 1901; Hotelling 1933, 1936; Rao, 1964). Stosując tę metodę należy pamiętać o założeniach. Dane, na których chcemy wykonać PCA, powinny spełniać założenia wymagane dla współczynników korelacji Pearsona (Hatcher i Stepanski, 1994). Zatem, wszystkie analizowane zmienne powinny być ciągłe oraz powinny mieć rozkład normalny lub zbliżony do normalnego. Inne założenia wymagane przy analizie PCA opisali Hatcher i Stepanski (1994).

Zwykle wśród cech badanych w doświadczeniach hodowlanych są cechy o wartościach wyrażonych w skali bonitacyjnej. Są to wartości w skali porządkowej nie spełniające podanych wyżej założeń. Efektywność analizy składowych głównych, a w związku z tym jakość wnioskowania na jej podstawie, można próbować poprawić za pomocą transformacji cech wyrażonych w skali bonitacyjnej (Kruskal i Shepard, 1974; Young i in., 1978; Winsberg i Ramsay, 1983).

Cele pracy: (i) ocena form mieszańcowych i populacyjnych żyta ozimego pod kątem ważnych cech tego gatunku na podstawie wielowymiarowych metod statystycznych — analizy składowych głównych PCA z transformacją cech o wartościach wyrażonych w skali bonitacyjnej, hierarchicznej analizy skupień, analizy zmiennych kanonicznych CVA oraz regresji na składowych głównych PCR; (ii) propozycja analizy wyników za pomocą prostych w interpretacji wykresów regresji na składowych głównych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiło 30 form żyta ozimego badanych w doświadczeniach wstępnych prowadzonych przez Zakłady i Stacje Hodowli Roślin koordynowane przez Zakład Roślin Zbożowych IHAR — PIB w Krakowie. W doświadczeniach badano 12 genotypów populacyjnych, w tym dwa wzorce (Bosmo, Dańkowskie Diament) i 18 mieszańcowych z dwoma wzorcami (Balistic, Minello). Wyniki prezentowane w pracy dotyczą obiektów badanych w 2009 roku w 6 miejscowościach (środowiskach): Choryń, Laski, Nagradowice, Radzików, Smolice oraz Sobiejuchy. Doświadczenia polowe przeprowadzono w układzie bloków niekompletnych w 3 powtórzeniach na poletkach o powierzchni 10 m². Zabiegi agrotechniczne; nawożenie, ochronę przed chwastami i szkodnikami zastosowano odpowiednio do lokalnych potrzeb. W okresie wegetacji i po

zbiorach badano wiele cech z których wybrano 10, wśród których były cechy rolnicze (wysokość [cm], odporność na wyleganie [9°], przezimowanie [9°], liczba dni do kłoszenia, liczba dni do dojrzałości, pylenie [9°]), cechy odporności na choroby (mączniak [9°], rdza brunatna [9°]) oraz cechy opisujące strukturę plonu (MTZ [g] i plon ziarna [dt/ha], przy 15% H₂O).

Metody statystyczne. Wyniki doświadczeń stanowiły niekompletną klasyfikację krzyżową genotypy × środowiska ze względu na to, iż w niektórych miejscowościach nie badano wszystkich wziętych pod uwagę cech. Zatem, do oceny efektów genotypów wykorzystano predyktory BLUP (best linear unbiased predictors) (Krzyszowski, 1988; Searle i in., 1992; Mohammadi i Prasanna, 2003; Hooks i in., 2006; Ukalska i in., 2009). Wartości BLUP policzono za pomocą procedury MIXED programu SAS (SAS Institute Inc., 2008). Na ich podstawie wyznaczono poprawione średnie genotypowe badanych cech poprzez środowiska, których wartości wykorzystano następnie we wszystkich analizach wielowymiarowych.

Wielocechową charakterystykę 30 form żyta ozimego wykonano za pomocą analizy składowych głównych PCA przeprowadzonej na dwa sposoby. Pierwszy, klasyczny sposób, polegał na przeprowadzeniu analizy PCA na standaryzowanych poprawionych średnich genotypowych. Drugi sposób analizy polegał na wykonaniu PCA na transformowanych wartościach cech wyrażonych w skali bonitacyjnej (odporność na wyleganie, przezimowanie, liczba dni do kłoszenia, liczba dni do dojrzałości, pylenie, odporność na mączniaka oraz na rdzę brunatną). Wykorzystano transformację wartości optymalnych Fishera (Fisher's method of Optima Scores) (Fisher i Mackenzie, 1923; Fisher, 1938).

Uzyskane po transformacji wyniki poddano kontroli, której celem było sprawdzenie, czy zastosowanie transformacji poprawiło jakość analizy, poprzez zwiększenie odsetka wyjaśnionej wariancji, ale jednocześnie, czy nie zmieniło znacząco wartości cech, co mogłoby skutkować podaniem złych charakterystyk badanych obiektów. Kontrolę transformacji wykonano na podstawie hierarchicznej analizy skupień oraz analizy zmiennych kanonicznych CVA. W analizie skupień wykorzystano metodę Warda (Ward, 1963). Obiekty podzielono na jednorodnie wielocechowo grupy, wydzielone na podstawie wartości statystyki pseudo t^2 (Duda i Hart, 1973; Caliński i Harabasz, 1974; Khattree i Naik, 2000; Crossa i Franco, 2004). Na podstawie analizy CVA opisano wydzielone grupy genotypów pod względem rozważanych cech (Mohammadi i Prasanna, 2003). Pod uwagę wzięto zwłaszcza te grupy, w których wystąpiły wzorce. Odmiany wzorcowe, jako obiekty o znanych własnościach, posłużyły jako odniesienie w analizie kontrolnej. Przeciętne wartości cech uzyskane dla grup z wzorcami porównano ze średnimi wartościami dla wzorców tych cech, które były silnie skorelowane ze zmiennymi kanonicznymi. Wykorzystano średnie wartości cech dla wzorców podawane przez ich hodowców.

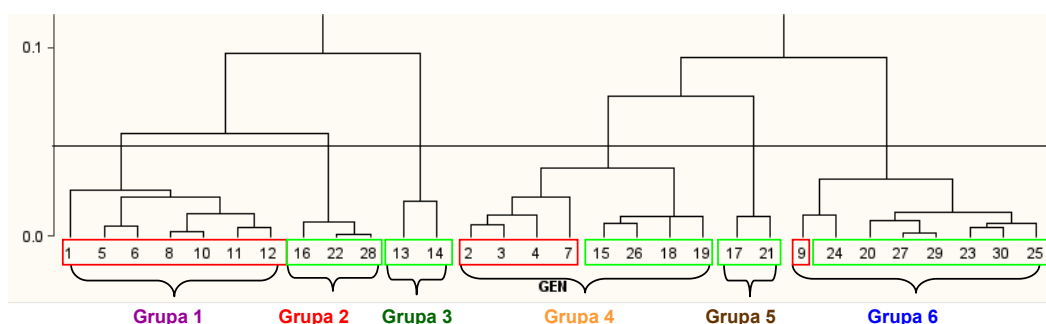
Następnie wykonano regresję na składowych głównych PCR (Jolliffe, 1982, 1986; Hadi i Ling, 1998). Wyniki tej wielowymiarowej metody analizy danych przedstawiono za pomocą wykresów wykonanych dla poszczególnych cech w skali tych dwóch składowych głównych, dla których wyznaczona funkcja charakteryzowała się największym współczynnikiem determinacji R^2 . Wykresy takie są bardziej czytelne i łatwiejsze

w interpretacji niż wykresy przedstawiające zróżnicowanie obiektów uzyskane na podstawie PCA w przestrzeni dwu lub trójwymiarowej, zwłaszcza przy dużej liczbie badanych obiektów i badanych cech.

Analizy wielowymiarowe przeprowadzono za pomocą procedur CLUSTER, CANDISC, PRINCOMP i TREE, natomiast prezentowane w pracy wykresy wykonano za pomocą procedur graficznych pakietu SAS (Khattree i Naik, 2000; SAS Institute Inc., 2008).

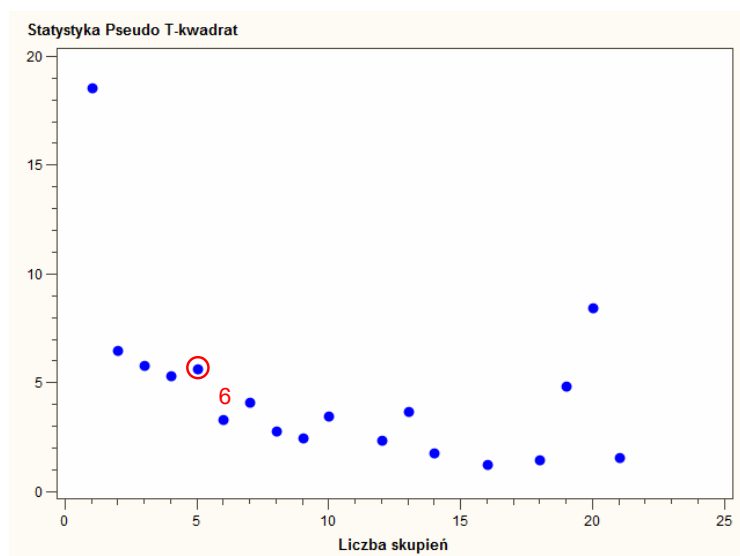
WYNIKI I DYSKUSJA

Na poprawionych średnich genotypowych cech przez środowiska wykonano analizę składowych głównych na dwa sposoby. Dla danych nie poddanych transformacji pierwsze trzy składowe główne wyjaśniły łącznie 70,64% procent zmienności całkowitej, z czego PCA1 — 32,67%, PCA2 — 22,22%, PCA3 — 15,75%. Analogiczne wyniki dla danych przetransformowanych wyniosły odpowiednio: PCA1 — 56,66%, PCA2 — 15,32%, PCA3-14,09%, w sumie 86,06%. Pierwsze trzy składowe główne dla danych poddanych transformacji wyjaśniły o 15,42% więcej całkowitej zmienności, dlatego też na tych wartościach przeprowadzono wielocechową charakterystykę badanych form żyta ozimego.



Rys. 1. Dendrogram podobieństwa genotypów żyta ozimego z podziałem na 6 grup
Fig. 1. Dendrogram of similarities between winter rye genotypes divided into 6 groups

Wyniki hierarchicznej analizy skupień przedstawiono za pomocą dendrogramu (rys. 1), na którym zaznaczono podział badanych form żyta ozimego na 6 grup, wydzielonych za pomocą statystyki pseudo t^2 (rys. 2). Według tej statystyki można dokonać podziału obiektów na tyle grup, ile wynosi kolejna jej wartość po lokalnym maksimum. Pierwsze lokalne maksimum statystyki pseudo t^2 (rys. 2) wynosi 5, zatem można dokonać podziału obiektów na 6 grup. Na dendrogramie (rys. 1) odmiany populacyjne oznaczono liczbami 1-12, gdzie 1 i 2 to wzorce, a odmiany mieszańcowe liczbami 13-30, gdzie 13 i 14 to odmiany wzorcowe. Opis genotypów doświadczalnych i przypisaną im numerację zamieszczono w tabeli 1. Podział badanych form żyta ozimego jest zgodny z ich podziałem na odmiany mieszańcowe i populacyjne. W grupie 1 znalazły się tylko odmiany populacyjne, w grupach 2, 3 i 5 tylko formy mieszańcowe, w grupie 6 wśród genotypów mieszańcowych stwierdzono tylko jedną formę populacyjną (numer 9), a na grupę 4 składały się po cztery formy obu typów.



Rys. 2. Wykres wartości statystyki pseudo t^2
 Fig. 2. The graph of pseudo t^2 statistic values

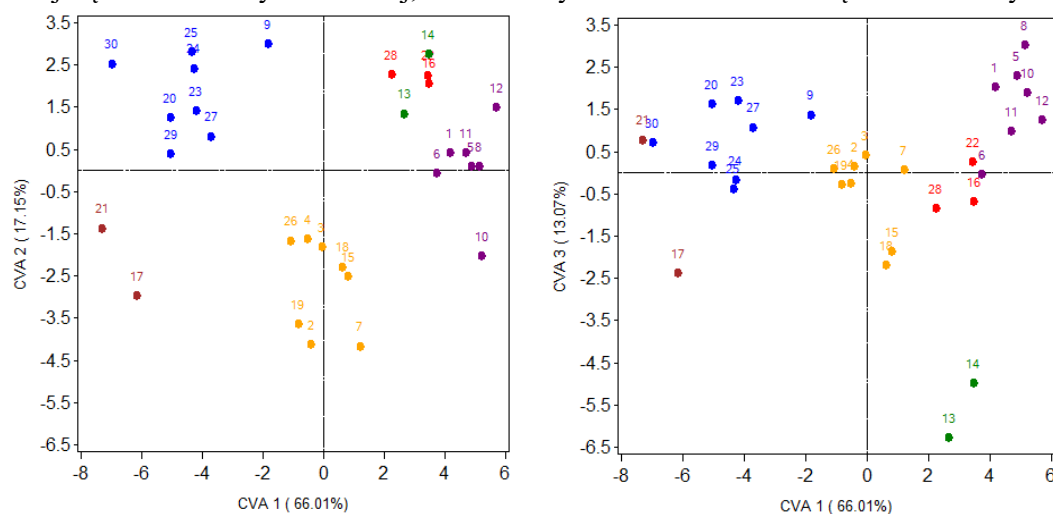
Tabela 1

Genotypy żyta ozimego badane w analizowanych doświadczeniach wstępnych (1, 2 — wzorce populacyjne, 13, 14 — wzorce mieszańcowe)
 Winter rye genotypes tested in preliminary trials (1, 2 — standards for population forms, 13, 14 — standards for hybrid forms)

Genotypy — Genotypes					
populacyjne — population forms		mieszańcowe — hybrid forms			
nazwa name	numer number	nazwa name	numer number	nazwa name	numer number
Bosmo	1	Balistic	13	SMH8121	22
D.Diamant	2	Minello	14	SMH7186	23
CHD17	3	CHD516	15	SMH8311	24
CHD28	4	CHD548	16	SMH7191	25
CHD43	5	CHD617	17	SMH8312	26
CHD62	6	CHD621	18	SMH7334	27
CHD101	7	CHD627	19	SMH8240	28
HRSM1	8	NAD472	20	SMH7205	29
HRSM4	9	SMH7183	21	SMH7213	30
HRSM7	10				
HRSM8	11				
HRSM9	12				

Analizę zmiennych kanonicznych wykonano z uwzględnieniem podziału badanych form na 6 grup. Na podstawie wykresów CVA (rys. 3) w układzie pierwszej i drugiej oraz pierwszej i trzeciej zmiennej kanonicznej, wykonano charakterystykę 6 wydzielonych grup pod względem 10 obserwowanych cech. W tabeli 2 umieszczono opisy wydzielonych grup ze względu na wszystkie obserwowane cechy. Zastosowano symboliczny opis

wydzielonych grup: symbole \uparrow i \uparrow oznaczają odpowiednio dużo większą i większą wartość cechy względem średniej, symbole \downarrow i \downarrow oznaczają odpowiednio dużo mniejszą i mniejszą wartość cechy od średniej, natomiast symbol 0 oznacza średnią wartość cechy.



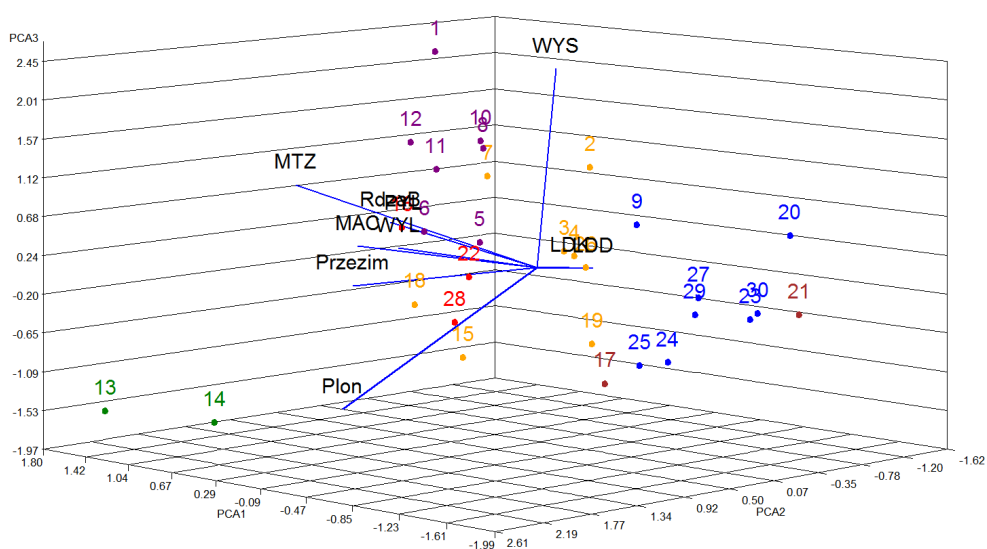
Rys. 3. Rozmieszczenie grup genotypów żyta ozimego w układzie 1 i 2 (CVA1 i CVA2) oraz 1 i 3 (CVA1 i CVA3) zmiennej kanonicznej

Fig. 3. Layout of winter rye genotypes' groups for the 1st and 2nd (CVA1 and CVA2) and for the 1st and 3rd (CVA1 and CVA3) canonical variable

Kontrolę wykonanej transformacji przeprowadzono biorąc pod uwagę grupę 3, ze względu na to, że w jej składzie znalazły się dwie wzorcowe odmiany mieszańcowe Balistic i Minello. Na podstawie informacji dotyczących tych wzorców, podanych na stronach internetowych firm hodowlanych: KWS LOCHOW POLSKA (online) — hodowcy odmiany Balistic, oraz SAATEN-UNION (online) — hodowcy odmiany Minello, sprawdzono czy własności obiektów z grupy 3 pokrywają się z własnościami wzorców podanymi przez formy hodowlane. Grupa 3 charakteryzowała się następującymi właściwościami na tle pozostałych grup (tab. 2, rys. 3): bardzo wysoki plon (\uparrow), duża wartość MTZ (\uparrow), bardzo mała wysokość (\downarrow), dobra odporność na wyleganie (\uparrow), dobra mrozoodporność (\uparrow), LDK i LDD powyżej średniej liczby dni dla wydzielonych grup (\uparrow), wysokie pylenie (\uparrow), dobra odporność na mączniaka i rdzę brunatną. Po stwierdzeniu dużej zgodności otrzymanego opisu grupy 3 z informacjami firm hodowlanych o odmianach Balistic i Minello, stwierdzono, że dane poddane transformacji nie uległy zniekształceniu i mogą zostać wykorzystane do dalszych analiz.

Charakterystyka grup genotypów żyta ozimego
The description of groups of winter rye genotypes

	Plon Yield	MTZ 1000 grain weight	Wyso- kość Plant height	Wylega- nie Lodging	Przezimo- wanie Winter hardiness	LDK No. of days to heading	LDD No. of days to maturity	Pylenie Pollen fertility	Mączniak Poldery mildew	Rdza brunatna Brown rust
Zmienna kanoniczna Canonical variable	3	1	3	1	1	2	2	1	1	1
Współczynnik korelacji cechy ze zmienną kanoniczną Correlation coefficients between trait and canonical variable	-0,79	0,62	0,67	0,75	0,74	0,92	0,65	0,81	0,82	0,81
Grupa 1	↓	↑↑	↑	↑↑	↑↑	0	0	↑↑	↑↑	↑↑
Grupa 2	0	↑	0	↑	↑	↑	↑	↑	↑	↑
Grupa 3	↑↑	↑	↓	↑	↑	↑	↑	↑	↑	↑
Grupa 4	0	0	0	0	0	↓	↓	0	0	0
Grupa 5	↑	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓	↓
Grupa 6	↓	↓	↑	↓	↓	↑	↑	↓	↓	↓

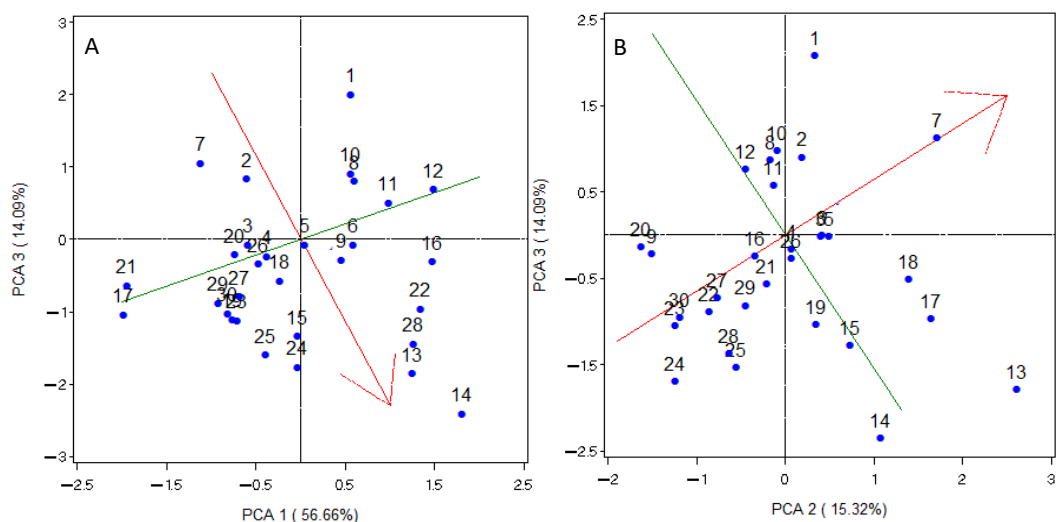


Rys. 4. Rozmieszczenie genotypów żyta ozimego w układzie trzech pierwszych składowych głównych
Fig. 4. Layout of winter rye genotypes coordinated by first three principal components

Wielocechowe zróżnicowanie badanych obiektów można scharakteryzować na podstawie wykresu w układzie pierwszych trzech składowych głównych (rys. 4). Charakterystyka ta może być dosyć trudna zwłaszcza przy dużej liczbie cech skorelowanych ze składowymi głównymi

i dużej liczbie obiektów. Ponadto posługiwanie się wyznaczonymi kierunkami zmienności poszczególnych cech na wykresie w układzie pierwszych trzech składowych głównych (rys. 4) może sprawiać trudności. Aby ułatwić ocenę obiektów zaproponowano regresję na składowych głównych PCR, która pozwala uzyskać osobne wykresy dla poszczególnych cech w skali tych dwóch składowych głównych, dla których wyznaczona funkcja ma największy współczynnik determinacji R^2 .

Na rysunkach 5, 6 i 7 pokazano położenie badanych form w układzie dwóch składowych głównych. Linia zakończona grotem wskazuje kierunek przebiegu wyznaczonej funkcji regresji, a grot wzrost wartości cechy. Linia prostopadła do linii z grotem wskazuje obszar średnich wartości cechy.

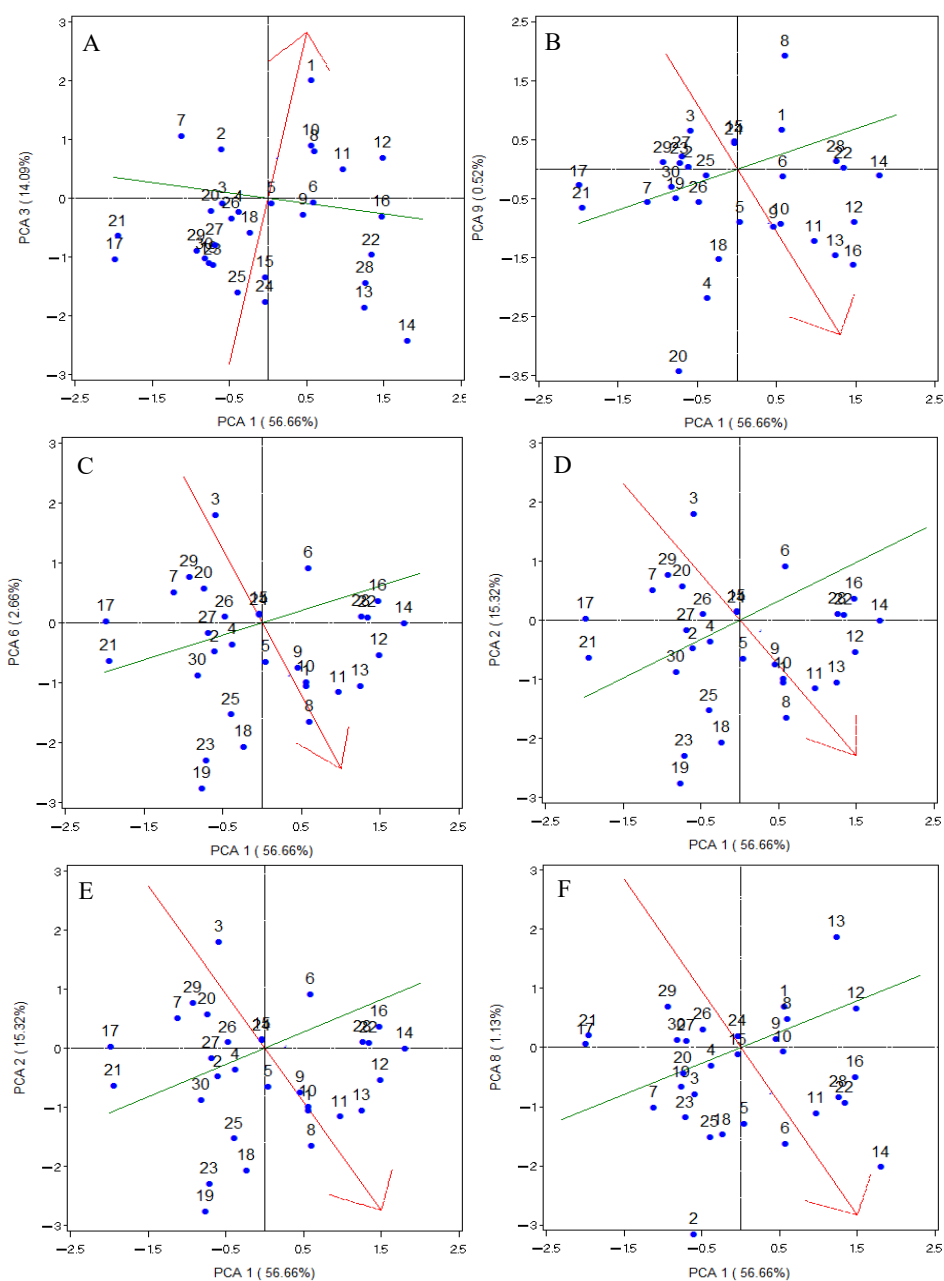


Rys. 5. Funkcja regresji na dwóch składowych głównych dla plonu (na pierwszej PCA1 i trzeciej składowej głównej i PCA3; rys. A) i MTZ (PCA2 i PCA3; rys. B)

Fig. 5. Regression function on two principal components for grain yield (on first PCA1 and third PCA3; fig. A) and 1000 grains weight (PCA2 and PCA3; fig. B)

Na rysunku 5A przedstawiono funkcję regresji PCR dla plonu. Dla pierwszej i trzeciej składowej głównej funkcja regresji PCR osiągnęła największą wartość R^2 wynoszącą 0,68. Analizując wykres tej funkcji stwierdzamy, że najwyższym plonem charakteryzowały się genotypy mieszańcowe 14- Minello, 13- Balistic 28- SMH8240, 24- SMH8311, 22- SMH8121. Spośród form populacyjnych najwyżej plonowały 9- HRSM4 oraz 6- CHD62.

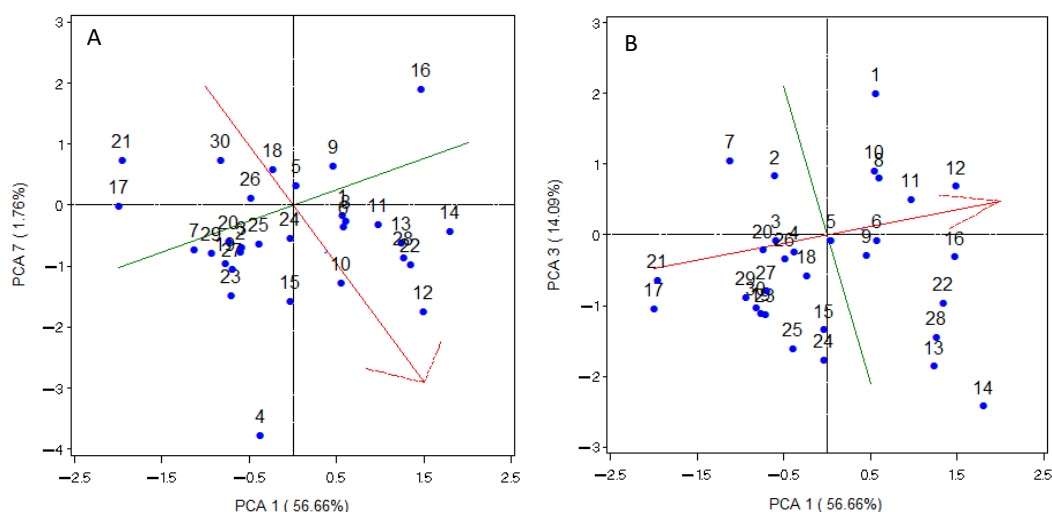
Na rysunku 5B pokazano funkcję regresji PCR dla MTZ (dla pierwszej i szóstej składowej głównej funkcja osiągnęła wartość $R^2= 0,75$). Na podstawie tego wykresu można zauważyć, że większą wartość MTZ osiągnęły formy populacyjne niż mieszańcowe z kilkoma wyjątkami: dużą wartością charakteryzowały się genotypy mieszańcowe 13- Balistic, 18- CHD621, 17- CHD617, a małą forma populacyjna 9- HRSM4. Najwyższą wartość uzyskano dla formy populacyjnej 7- CHD101.



Rys. 6. Funkcje regresji na dwóch składowych głównych dla wysokości (A), odporności na wyleganie (B), przezimowania (C), LDK (D), LDD (E) oraz dla pylenia (F)
Fig. 6. Regression functions on two principal components for plant height (fig. A), lodging score (fig. B), winter hardiness (fig. C), no. of days to heading (fig. D), no. of days to maturity (fig. E) and for pollen shed (fig. F)

Na rysunku 6 przedstawiono wykresy funkcji regresji PCR dla badanych cech rolniczych. Wyższymi odmianami są odmiany populacyjne (rys. 6A, $R^2=0,81$) niż mieszańcowe, najwyższą jest forma 1- Bosmo (wzorzec odmian populacyjnych), najniższymi są formy 14- Minello, 24- SMH 8311, 25- SMH 7191, 13- Balistic. Najwyższą odpornością na wyleganie (rysunek 6B, $R^2=0,99$) wśród badanych form charakteryzowały się 20- NAD 472, 16- CHD 548, 13- Balistic, 4- CHD 28. Największą mrozoodporność (rys. 6C, $R^2=0,90$) stwierdzono dla 19- CHD 627, 18- CHD 621, 23- SMH 7186, 8- HRSM 1, 13- Balistic. Najmniejszą liczbą dni do kłoszenia (rys. 6D, $R^2=0,70$) i liczbą dni do dojrzałości (rys. 6E, $R^2=0,78$) charakteryzowały się formy 3- CHD 17, 29- SMH 7205, 7- CHD 101, 17- CHD 617, a największą 13- Balistic, 12- HRSM 9, 11- HRSM 8, 14- Minello, 8- HRSM 1. Bardzo dobrym pyleniem (rys. 6F, $R^2=0,94$) charakteryzowały się formy 14- Minello, 22- SMH 8121, 6- CHD 62, 11- HRSM 8, 28- SMH 8240.

Na rysunku 7 przedstawiono wykresy funkcji regresji PCR dla odporności na mączniaka (rys. 7A, $R^2=0,93$) oraz na rdzę brunatną (rys. 7B, $R^2=0,99$). Bardziej odpornymi na mączniaka były odmiany populacyjne niż mieszańcowe, gdyż większość form populacyjnych jest położona na wykresie wokół linii prostopadłej (obszar wartości średnich) i poniżej (kierunek zgodny ze strzałką na wykresie). Najbardziej odpornymi formami były 4- CHD 28, 12- HRSM 9, 22- SMH 8121, 28- SMH 8240, 14- Minello, 13- Balistic, a najmniej 21- SMH 7183, 30- SMH 7213, 17- CHD 617. Na rdzę brunatną najbardziej odpornymi były 12- HRSM 9, 16- CHD 548, 14- Minello, 22- SMH 8121, 11- HRSM 8, a najmniej 17- CHD 617, 21- SMH 7183, 29- SMH 7205.



Rys. 7. Funkcje regresji na dwóch składowych głównych dla odporności na mączniaka (A) oraz dla odporności na rdzę brunatną (B)

Fig. 7. Regression functions on two principal components for resistance to powdery mildew (fig. A) and brown rust (fig. B)

Dwuwymiarowe wykresy funkcji regresji na składowych głównych PCR pozwalają na wnikliwą ocenę badanych genotypów żyta ozimego, umożliwiającą uzyskanie dokład-

niejszych wniosków niż analiza wykresu PCA, ze względu na to, iż każdą cechę możemy analizować na osobnym wykresie.

WNIOSKI

1. Analiza składowych głównych PCA przeprowadzona na wartościach cech w skali bonitacyjnej poddanych transformacji wyjaśniła ponad 15% więcej zmienności całkowitej (86%) niż PCA na wartościach nietransformowanych (71%) dla trzech pierwszych składowych. Zastosowana transformacja nie spowodowała zniekształcenia własności badanych obiektów.
2. W pracy pokazano wykorzystanie wykresów funkcji regresji PCR na dwóch składowych głównych w celu uproszczenia interpretacji wielocechowej analizy badanych form żyta ozimego. Wykresy takie umożliwiają dokładniejszą ocenę badanych genotypów niż wykres składowych głównych, co ułatwi wykrycie genotypów o ponadprzeciętnych własnościach mogących mieć duże znaczenie w hodowli żyta ozimego.
3. Na podstawie zastosowanych metod wielowymiarowych stwierdzono, że wśród form populacyjnych obiekt HRSM 4 zbliżony jest swoimi właściwościami do form mieszańcowych.

LITERATURA

- Caliński T., Harabasz J. 1974. A dendrite method for cluster analysis. *Comm. Stat.* 3: 1 — 27.
- Crossa J., Franco J. 2004. Statistical methods for classifying genotypes. *Euphytica* 137: 19 — 37.
- Duda R. O., Hart P. E. 1973. *Pattern classification and scene analysis*. New York: John Wiley & Sons, Inc.
- Fisher R. A. 1938. *Statistical methods for research workers*. 7th Edition. Oliver and Boyd, Edinburgh.
- Fisher R. A., Mackenzie W. A. 1923. Studies in crop variation: II The manorial response of different potato varieties. *Journal of Agricultural Science* 13: 311 — 320.
- Hatcher, L. Stepanski, E. 1994. *A step- by-step approach to using the SAS system for univariate and multivariate statistics*. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Hooks T., Pedersen J.F., Marx D. B., Vogel K. P. 2006. Variation in the U.S. photoperiod insensitive sorghum collection for chemical and nutritional traits. *Crop Sci.* 46: 751 — 757.
- Hotelling H. 1933. Analysis of complex of statistical variables into principal components. *Journal of Education Psychology* 24: 417 — 441, 498 — 520.
- Hotelling H. 1936. Simplified computation of principal components. *Psychometrika* 1: 27 — 35.
- Jolliffe I. T. 1982. A note on the use of principal components in regression. *Applied Statistics* 31: 300 — 303.
- Jolliffe I. T. 1986. *Principal component analysis*. New York, Springer-Verlag.
- Kubicka H., Puchalski J., Niedzielski M., Łuczak W., Martyniszyn A. 2006. Gromadzenie i ocena zasobów genowych żyta. *Biul. IHAR* 240/241: 141 — 150.
- Khattree R., Naik D. N. 2000. *Multivariate data reduction and discrimination with SAS software*. SAS Institute Inc., Cary, NC. 558 pp.
- Kruskal J. B., Shepard, R. N. 1974. A nonmetric variety of linear factor analysis. *Psychometrika* 38: 123 — 157.
- Krzanowski W.J. 1988. *Principles of multivariate analysis: a user's perspective*. Oxford University Press, Oxford.
- KWS LOCHOW POLSKA [dostęp 12 marca 2011]. <http://www.kws-lochow.pl/odmiany/wszystkie-odmiany/zboze/zyto-ozime/odmiana/balistic.html>.

- Mohammadi S.A., Prasanna B.M. 2003. Analysis of genetic diversity in crop plants-Salient statistical tools and considerations. *Crop Sci.* 43: 1235 — 1248.
- Pearson K. 1901. On lines planes of closest fit to a system of points in space. *Philosophical Magazine* 2: 557 — 572.
- Rao C. R. 1964. The use and interpretation of principal components in applied research. *Sankhya A* 26:329 — 358.
- SAATEN-UNION [dostęp 12 marca 2011]. Dostępny w internecie: <http://www.saaten-union.pl/odmiany/ozime/index.php/minello/>.
- SAS Institute Inc. 2008. SAS/STAT® 9.2 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Searle S. R., Casella G., McCulloch C. E. 1992. *Variance components*. John Wiley & Sons, New York.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Zmienność i współzależność niektórych cech struktury plonu u żyta. *Biul. IHAR NR 218/219*: 401 — 408.
- Śmiałowski T. 2007. Zmienność plonu i wybranych cech form mieszańcowych i populacyjnych żyta ozimego badanych w doświadczeniach wstępnych w latach 2003–2005. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 517, cz. 2: 741 — 748.
- Ukalski K., Śmiałowski T. Ukalska J. 2009. Analiza plonowania i stabilności genotypów owsa za pomocą metody graficznej typu GGE. *Żywność. Nauka. Techn. Jakość.* Nr 3: 127 — 140.
- Ukalska J., Ukalski K., Kociuba W., Kramek A. 2010. Porównanie genotypów kolekcyjnych pszenżyta jarego × *Triticosecale* Wittmack; cz. 1. Analiza zmienności fenotypowej. *Zesz. Probl. Post. Nauk Rol.* 555: 437 — 445.
- Ward J. H., jr. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. *J. Am. Statist. Assoc.* 58: 236 — 244.
- Węgrzyn S., Śmiałowski T., Grochowski L. 1996. Zmienność i współzależność cech oraz ocena zjawisk genetycznych w życie ozimym badanym w kolekcji 1977–1992. *Biul. IHAR* 200: 69 — 83.
- Winsberg S. Ramsay J. O. 1983. Monotone spline transformations for dimension reduction. *Psychometrika* 48: 575 — 595.
- Young F. W., Takane Y., de Leeuw J. 1978. The principal components of mixed measurement level multivariate data: An alternating least squares method with optimal scaling features. *Psychometrika* 43: 279 — 281.