

KATARZYNA AMBROŹY-DERĘGOWSKA¹

TADEUSZ ŁUCZKIEWICZ²

KATARZYNA MARCZYŃSKA¹

IWONA MEJZA¹

STANISŁAW MEJZA¹

¹ Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych

² Katedra Genetyki i Hodowli Roślin

Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Porównanie metod selekcji genotypów jęczmienia jarego na podstawie doświadczeń jednopowtórzeniowych*

Comparison of methods for selection of spring barley genotypes based on non-replicated experiments

Praca dotyczy metodyki analizowania doświadczeń genetyczno-hodowlanych jednopowtórzeniowych z wykorzystaniem obiektów wzorcowych. Celem takiej analizy jest, między innymi, selekcja genotypów do dalszych badań. W literaturze istnieje wiele propozycji metod selekcji genotypów. W pracy dokonujemy porównań wybranych z literatury sześciu metod selekcji z metodą proponowaną przez autorów opartą na teorii powierzchni reakcji. Powyższych metod nie można porównać analitycznie. Jedynym sposobem jest porównanie rankingów genotypów uzyskanych wszystkimi rozważanymi metodami na podstawie tego samego doświadczenia. Porównania tego dokonujemy na podstawie doświadczenia z jęczmieniem jarym. W pracy rekomendujemy metodę selekcji opartą na teorii powierzchni reakcji z wykorzystaniem poletek kontrolnych.

Słowa kluczowe: hodowlane doświadczenia polowe, doświadczenia jednopowtórzeniowe, metody badania powierzchni reakcji, poletka z wzorcem, selekcja genotypów,

The paper deals with the methodology of inference from non-replicated breeding experiments using standard treatments (check plots). The selection of genotypes for further breeding is one of the important problems of this methodology. In the literature, there are many proposals of genotype selection methods. It is impossible to compare analytically those methods. Hence, we propose to compare six selection methods known from a literature with the method proposed by the authors. The last method is based on the theory of response surface. We compare the rankings of genotypes obtained

* Praca została częściowo wykonana w ramach projektu badawczego nr rej.: N N310 111 740 finansowanego przez NCN

Redaktor prowadzący: Wiesław Mądry

by the all methods on the basis of the experiment with spring barley. We can see that the rankings are completely different. In the paper we recommend the selection methods based on the response surface methodology with proper using check plots.

Key words: breeding field experiments, check plots, genotypes selection, non-replicated experiments, response survey methodology

WSTĘP

W programach hodowlanych, zwłaszcza w początkowym stadium, zachodzi potrzeba porównania wielu genotypów (niekiedy kilkaset), spośród których wybieramy zazwyczaj 20%–30% do dalszych etapów hodowli. Wybór ten możemy dokonać dwoma sposobami. W pierwszym z nich, na podstawie fenotypu roślin na poletku, decydujemy o ich dalszym losie. W tym wypadku nie potrzebujemy żadnych narzędzi naukowych potrzebnych do eliminacji lub zachowania do dalszej hodowli określonego genotypu (poletka). Zazwyczaj jednak, do podjęcia decyzji o wyborze konkretnego genotypu do dalszych etapów hodowli, stosujemy obiektywne narzędzie badawcze. Zwykle jest to wnioskowanie statystyczne przeprowadzone na podstawie doświadczenia polowego, w którym porównujemy wszystkie badane genotypy.

We wstępnym etapie programu hodowlanego dysponujemy często niewielką ilością materiału siewnego, który wystarcza jedynie na założenie doświadczenia jednopowtórzeniowego (z jedną replikacją obiektów). Przy planowaniu takich doświadczeń niezwykle ważne są możliwości wnioskowania statystycznego oraz wybór układu doświadczenia, który umożliwiłby wnioskowanie statystyczne.

W doświadczeniach jednopowtórzeniowych liczba parametrów do estymacji jest większa od liczby obserwacji. Zwykle nie ma możliwości oszacowania błędu doświadczenia, niezbędnego do przeprowadzenia poprawnej analizy statystycznej. Wobec tego do układu należy dodać jakiś element, który spowoduje, że na podstawie rozszerzonego doświadczenia będzie możliwe poprawne wnioskowanie statystyczne. W praktyce tym dodatkowym elementem jest pewna odmiana (genotyp) uznawana za wzorcową (lub kilka takich odmian). Wzorzec rozmieszcza się losowo lub systematycznie w doświadczeniu w zależności od przewidywanej struktury zmienności glebowej pola doświadczalnego.

W doświadczeniach jednopowtórzeniowych efekt środowiska (warunki glebowe) jest uwikłany z efektem genotypu. Zatem w tych doświadczeniach chodzi głównie o to, aby w uzyskanej obserwacji oddzielić składnik zmienności glebowej (efekt środowiska) od składnika działania genotypu (efekt genotypu). Wtedy selekcji genotypów dokonujemy wyłącznie na podstawie ocen efektów genotypowych. To oddzielenie można uczynić pod warunkiem, że dodatkowo założymy formę struktury zmienności glebowej.

Większość dotychczas proponowanych w literaturze metod zakłada liniowy trend zmienności glebowej. Podobnie, strukturę zmienności zakłada się także w proponowanych metodach geostatystycznych. To jest główną wadą istniejących metod wnioskowania opartego na doświadczeniach jednopowtórzeniowych. Wybór metody wnioskowania (selekcji) w dużej mierze zależy od szczęśliwego (lub nie) założenia, dotyczącego struktury zmienności glebowej.

W pracy Mejza i Mejza (2013) proponujemy metodę wnioskowania wolną od jakichkolwiek ograniczeń dotyczących struktury zmienności glebowej. Strukturę tę estymujemy i następnie wykorzystujemy do "poprawiania" obserwacji. Odejmując od obserwacji część zmienności pochodzącej z warunków glebowych, uzyskujemy ocenę efektu genotypu. Ocenę tę, jak i ocenę wariancji uzyskaną na podstawie poletek kontrolnych, wykorzystujemy w procesie selekcji.

Dokładniej, do wnioskowania opartego na doświadczeniach jednopowtórzeniowych zaproponowaliśmy metodykę opartą na **teorii powierzchni reakcji** (krótko MPR), (zob. np. Khuri, 2006; Montgomery, 2005; Box i Draper, 2007). Za pomocą metody MPR proponujemy estymowanie struktury zmienności glebowej na podstawie odpowiednio rozmieszczonego wzorca. Następnie dysponując tym oszacowaniem prognozujemy obserwacje dla wszystkich pozostałych poletek (na których występują porównywane genotypy). Umożliwia to oszacowanie składnika (efektu) badanej cechy, np. plonu, którego wielkość zależy od żyzności gleby oraz efektu genotypu, który chcemy oszacować. Możemy wtedy porównać badane genotypy na podstawie ocen ich efektów.

W cytowanej wyżej pracy zaproponowano różne przestrzenne rozmieszczenie obiektu wzorcowego w zależności od częstości występowania wzorca. Proponujemy tam systematyczne rozmieszczanie obiektu wzorcowego w jednym lub w kilku kierunkach. Dotychczas stosowane rozmieszczenia (np. co 5–7 wierszy), z punktu widzenia kontroli zmienności środowiska nie są najlepsze. Wtedy znaczne obszary pola doświadczalnego nie podlegają żadnej kontroli poprzez obiekt wzorcowy. Zatem właściwym rozmieszczeniem obiektów wzorcowych (check plots) jest rozmieszczenie systematyczne o gęstości wybranej przez badacza (zob. Mejza S., Marczyńska K., 2011; Sebolei i in., 2005; Marczyńska i in., 2010).

Ambroży i in. (2008 a,b) dokonali przeglądu zwykle stosowanych metod selekcji w rozważanych typach doświadczeń ze względu na cztery kryteria. W kryterium pierwszym jako miary skuteczności użyli stosunku średniej wariancji porównań międzyobiektowych w układzie losowanych bloków do tej samej średniej wariancji w rozważanej metodzie. Drugie kryterium oparte było na zasadzie, że prawdopodobieństwo optymalnej selekcji jest tym większe, im większa jest wariancja w populacji badanych genotypów w stosunku do wariancji błędu. Łatwiej bowiem tworzy się ranking w zbiorze charakteryzującym się dużym zróżnicowaniem genotypów. W kryterium trzecim za lepszą uznaje się tę metodę, która wybiera genotypy do dalszej selekcji bardziej równomiernie z pola doświadczalnego. Kryterium czwarte oparte jest na minimalizacji różnic między ocenami efektów obiektowych w doświadczeniu jednopowtórzeniowym i wielopowtórzeniowym. Autorzy (Ambroży i in., 2008 b) na podstawie analizy pięciu doświadczeń z pszenicą jarym, jęczmieniem jarym i pszenicą ozimą, rekomendują metody M2, M5, a przede wszystkim metodę M7 jako skuteczne w zagadnieniu selekcji genotypów na podstawie doświadczeń jednopowtórzeniowych.

W niniejszej pracy dokonujemy porównań metod selekcji na podstawie wybranych z literatury 6 metod (z dyskutowanych w pracy Ambroży i in., 2008 a,b) z metodą selekcji genotypów proponowaną w pracy Mejza i Mejza, 2013. Metod tych nie można porównać analitycznie. Jedynym sposobem jest porównanie rankingów genotypów uzyskanych

wszystkimi rozważanymi metodami na podstawie tego samego doświadczenia. Porównania tego dokonamy na podstawie doświadczenia z jęczmieniem jarym.

METODY

Obecnie krótko opiszemy rozważane metody selekcji na podstawie doświadczeń jednopowtórzeniowych.

Metoda MPR — Mejza i Mejza (2013)

Analizę statystyczną przeprowadza się w dwóch etapach. Na początku poszukuje się estymatora funkcji reakcji zmienności środowiska na podstawie obserwacji z poletek wzorcowych. Korzysta się tutaj z bogatej metodyki powierzchni reakcji (zob. np. Khuri, 2006; Montgomery, 2005; Box i Draper, 2007). Dokładność dopasowania powierzchni reakcji charakteryzującej zmienność środowiska (głównie zmienność glebową) zależy w dużej mierze od rozmieszczenia obiektów wzorcowych na polu doświadczalnym. Preferowane jest w tym zagadnieniu systematyczne i równomierne ich rozmieszczenie. Dodatkowo, można kontrolować stopień dopasowania oceny powierzchni reakcji do obserwacji. Pewną niedogodnością tej metody jest brak systematycznego sposobu poszukiwania formy powierzchni reakcji. Pozostaje więc tak zwana metoda prób i błędów.

W następnym etapie, na podstawie uzyskanej oceny, oblicza się wszystkie prognozy dla poletek, na których występują badane genotypy. Dla każdego genotypu wyznacza się ocenę jego efektu jako różnicy obserwacji na poletku i prognozy. Na podstawie tych różnic ustala się ranking genotypów. Z analizy wariancji przeprowadzonej dla powierzchni reakcji uzyskujemy ocenę wariancji błędu. Metodę tę nazwiemy MPR — metoda powierzchni reakcji.

Opisy pozostałych metod podajemy za Ambroży i in. (2008 a). Nie dokonujemy obliczeń metodą M5. Stosuje się ją dla doświadczeń zakładanych w układach blokowych. Nasze doświadczenie nie spełnia tego wymogu. Numerację metod stosujemy taką jak w wyżej cytowanej pracy.

Metoda M0

W tej metodzie ranking genotypów oparty jest bezpośrednio na uporządkowanych "niepoprawionych" obserwacjach uzyskanych w doświadczeniu.

Metoda M1 — Kempton i Fox (1997)

Rozpatrzmy ciąg poletek, z genotypami rozmiaru s pomiędzy dwoma wzorcami W_1 i W_2 . Wtedy za ocenę efektu i -tego obiektu τ_i , występującego na i -tym kolejnym poletku po wzorcu W_1 , przyjmujemy

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

gdzie y_i oznacza obserwację badanej cechy, dotyczącą genotypu występującego na poletku i . W tym wypadku "poprawianie" zależy od odległości od obiektów wzorcowych.

Metoda M2 — analiza wariancji

Metoda ta oparta jest na analizie wariancji dla doświadczeń zakładanych w układzie całkowicie losowym, w układzie losowanych bloków lub w układzie kolumnowo — wierszowym. Ocenę wariancji uzyskujemy wyłącznie z analizy wariancji (zob. np. Woś i in., 2010, Adamska i in., 2012, Kaczmarek i in., 2013).

Metoda M3 — Kempton i Fox (1997)

W metodzie tej "poprawione" obserwacje (oceny efektów) dla genotypu uzyskujemy biorąc odchylenie obserwacji dla tego genotypu od wartości średniej dla odmian wzorcowych (poletek kontrolnych), występujących w tym samym pasie (kolumnie) co analizowany genotyp. Ocenę wariancji obliczamy z obserwacji uzyskanych na poletkach wzorcowych.

Metoda M4 — ważony indeks środowiskowy

Metoda ta może być zastosowana do genotypów, występujących w układzie kolumnowo — wierszowym. Ocenę efektu genotypu (g) oblicza się jako odchylenia od „indeksu środowiska”, który to indeks obliczany jest jako średnia ważona z najbliższych obiektów wzorcowych W według poniższego schematu

$$\begin{array}{c} 1/8 W \dots\dots\dots 1/8 W \\ 1/4 W g g g g g g 1/4 W \\ 1/8 W \dots\dots\dots 1/8 W \end{array}$$

Trudno jest podać uzasadnienie takiej reguły. Z powodzeniem można podać więcej reguł ważenia (indeksu środowiska). Nieznana jest struktura zmienności środowiska (gleby) właściwa dla tej metody.

Metoda M6 — check plots (Utz, 1997)

Metodę tę stosujemy do doświadczeń genetyczno-hodowlanych, w których celowo wprowadza się poletka z obiektem wzorcowym. Proponowana metoda jest dwuetapowa. Najpierw wyznacza się efekty przestrzenne na podstawie obserwacji uzyskanych dla poletek wzorcowych. W drugim etapie efekty przestrzenne wykorzystuje się w analizie kowariancji do wyeliminowania niejednorodności poletek i do uzyskania rankingu genotypów opartego na końcowych ocenach ich efektów.

Metoda M7 — moving average (Utz, 1997)

Metoda ta jest pewnym uogólnieniem metody M4, czyli porównywania genotypu z pewnym indeksem środowiskowym. Zakładamy, że poletka występują w pasach i w tych pasach porównujemy genotypy. W metodzie M7 obserwację dla badanego genotypu porównujemy z wartością średnią z pewnej ustalonej liczby ($2k$) genotypów występujących na k poletkach, poprzedzających poletko z badanym genotypem i k poletek występujących za poletkiem z genotypem w danym pasie. Oczywiście, sami musimy ustalić liczbę k . Nie ma żadnych naukowych przesłanek w jakiej sytuacji, w wypadku jakiej struktury zmienności glebowej, metoda ta umożliwi właściwy ranking genotypów.

Wymienione metody porównamy na podstawie przykładu doświadczenia z jęczmieńniem jarym, przy czym metodę MPR uznajemy za podstawową i preferowaną. Zatem konfrontować będziemy rankingi uzyskane za pomocą powyższych metod z rankingiem uzyskanym za pomocą metody MPR.

PRZYKŁAD I WNIOSKI

Doświadczenie z jęczmieniem jarym przeprowadzono w stacji doświadczalnej Modzurów w sezonie 2005/2006. Obserwowano plon ziarna (w kg/ poletko) z 333 poletek doświadczalnych, przy czym 270 genotypów było jeden raz replikowanych oraz jeden genotyp (wzorzec) wystąpił na 63 poletkach (63 razy replikowany). Poletka rozmieszczone były w 37 wierszach i 9 kolumnach (zob. tab. 1), (zob. Mejza i Mejza, 2013). W cytowanej pracy wykorzystano jedynie część większego doświadczenia genetyczno-hodowlanego.

Tabela 1

Rozmieszczenie genotypów jęczmienia jarego na polu
Arrangement of spring barley genotypes in the field

4813	4948	5069	5204	5325	5460	5581	5654	5775
4814	4947	5070	5203	5326	5459	5582	5653	5776
4815	4946	5071	5202	5327	5458	5583	5652	5777
4816	4945	5072	5201	5328	5457	5584	5651	5778
4817	4944	5073	5200	5329	5456	5585	5650	5779
4818	4943	5074	5199	5330	5455	5586	5649	5780
4819	4942	5075	5198	5331	5454	5587	5648	5781
4820	4941	5076	5197	5332	5453	5588	5647	5782
4821	4940	5077	5196	5333	5452	5589	5646	5783
4822	4939	5078	5195	5334	5451	5590	5645	5784
4823	4938	5079	5194	5335	5450	5591	5644	5785
4824	4937	5080	5193	5336	5449	5592	5643	5786
4825	4936	5081	5192	5337	5448	5593	5642	5787
4826	4935	5082	5191	5338	5447	5594	5641	5788
4827	4934	5083	5190	5339	5446	5595	5640	5789
4828	4933	5084	5189	5340	5445	5596	5639	5790
4829	4932	5085	5188	5341	5444	5597	5638	5791
4830	4931	5086	5187	5342	5443	5598	5637	5792
4831	4930	5087	5186	5343	5442	5599	5636	5793
4832	4929	5088	5185	5344	5441	5600	5635	5794
4833	4928	5089	5184	5345	5440	5601	5634	5795
4834	4927	5090	5183	5346	5439	5602	5633	5796
4835	4926	5091	5182	5347	5438	5603	5632	5797
4836	4925	5092	5181	5348	5437	5604	5631	5798
4837	4924	5093	5180	5349	5436	5605	5630	5799
4838	4923	5094	5179	5350	5435	5606	5629	5800
4839	4922	5095	5178	5351	5434	5607	5628	5801
4840	4921	5096	5177	5352	5433	5608	5627	5802
4841	4920	5097	5176	5353	5432	5609	5626	5803
4842	4919	5098	5175	5354	5431	5610	5625	5804
4843	4918	5099	5174	5355	5430	5611	5624	5805
4844	4917	5100	5173	5356	5429	5612	5623	5806
4845	4916	5101	5172	5357	5428	5613	5622	5807
4846	4915	5102	5171	5358	5427	5614	5621	5808
4847	4914	5103	5170	5359	5426	5615	5620	5809
4848	4913	5104	5169	5360	5425	5616	5619	5810
4849	4912	5105	5168	5361	5424	5617	5618	5811

Poletka oznaczone **boldem** i *italikiem* oznaczają obiekt wzorcowy — Plot numbers in **bold** and *italics* mark the standard objects

W tabeli 1 przedstawiono rozmieszczenie wzorca i badanych genotypów. Poletka oznaczone **boldem** i *italikiem* oznaczają obiekt wzorcowy. Widzimy, że obiekt wzorcowy występował w co 7 wierszu.

Praca ma charakter metodyczny i nie jest ważny rodzaj cechy, według której prowadzony jest ranking. Zatem przyjmijmy, że ze względu na pewną cechę najlepsze genotypy będą na początku rankingu a najgorsze na końcu.

Pełny ranking genotypów obliczono dla wszystkich omawianych w pracy metod. Jak już wspomniano wcześniej, metoda MPR jest rekomendowaną w tej pracy, zatem wszelkie porównania przeprowadzono w stosunku do niej. W tabeli 2, pierwszej kolumnie, zamieszczono jedynie ranking 20 genotypów skrajnych (powiedzmy najlepszych i najgorszych) z rankingu uzyskanego za pomocą metody MPR. W kolejnych kolumnach tabeli 2 podano miejsca jakie uzyskały genotypy wyselekcjonowane za pomocą metody MPR w rankingach uzyskanych za pomocą pozostałych metod. Natychmiast zauważamy bardzo duże zróżnicowanie w pozycjach genotypów w różnych rankingach. Dodatkowo, zauważamy duży stopień "poprawiania" surowych obserwacji (Metoda M0) przez wszystkie pozostałe metody. Wskazuje to na znaczącą rolę "poprawiania", którego celem jest wyeliminowanie wpływu zmienności środowiskowej (zmienności glebowej).

Zaprezentowana różnorodność rankingów oznacza, że proponowane metody "poprawiały" obserwacje w różny sposób. Wynika to z tego, że metody M1–M7 zakładają z góry pewną strukturę zmienności glebowej i względem tej struktury dokonują "poprawiania". Niestety ta prawdziwa struktura nie jest znana. Być może jakaś z tych metod prowadzi do rzeczywistego rankingu, ale my o tym nie wiemy. Ten argument wyraźnie preferuje metodę MPR. W pierwszym etapie tej metody identyfikujemy strukturę zmienności glebowej i ją estymujemy. W drugim etapie uzyskana ocena struktury zmienności glebowej stanowi podstawę do "poprawiania" obserwacji. W rozważanym przykładzie dopasowanie powierzchni reakcji do obserwacji uzyskanych dla wzorca mierzone współczynnikiem determinacji wynosiło 74 %. Oznacza to, że uzyskana ocena w 74% opisuje, wyjaśnia zmiany zmienności glebowej i w co najmniej o rząd tej wielkości "poprawia" obserwacje z poletek. Rozmieszczenie obiektu wzorcowego w tym przykładzie nie jest korzystne dla metody MPR, co powoduje brak kontroli zmienności glebowej pomiędzy poletkami z wzorcem. Prawidłowe rozmieszczenie wzorca jest niezmiernie ważne dla uzyskania pełnej kontroli i oceny tej zmienności glebowej. Zmienność glebową łatwiej kontrolować w wypadku rozmieszczenia wszystkich poletek w jednym wierszu (pasie), rozmieszczając obiekt wzorcowy co któreś poletko (np. co 5–7). Wtedy jednak warunki brzegowe mogą w pewnym stopniu wpływać na obserwacje na poletkach. (zob. np. Kempton, 1981).

Wydaje się, że wpływ ten jest mniejszy, gdy doświadczenie założymy w układzie kolumnowo-wierszowym. Wtedy poprawne rozmieszczenie obiektów wzorcowych (zob. Mejza i Mejza, 2013) pozwoli zarówno dokładniej kontrolować zmienność glebową, jak i precyzyjniej ją estymować. W takiej sytuacji proponowana metoda MPR będzie najlepszą.

Rankingi genotypów jęczmienia jarego uzyskane rozważanymi metodami
Rankings of spring barley genotypes obtained by the used methods

MPR	Nr genotypu Genotype number	M0	M1	M2	M3	M4	M6	M7
1	4844	1	1	1	1	1	1	1
2	5653	138	242	27	27	179	171	107
3	5652	135	221	25	25	172	165	81
4	5356	4	2	2	2	2	2	2
5	5651	132	174	23	23	165	159	80
6	5650	146	143	34	34	195	190	85
7	5778	141	194	50	50	193	191	61
8	5776	176	259	117	117	242	241	196
9	4845	6	7	7	7	6	7	11
10	5582	196	258	83	83	239	239	188
11	5326	90	109	38	38	49	58	18
12	5649	177	158	77	77	234	228	125
13	5583	204	249	94	94	245	245	182
14	5584	195	235	82	82	237	237	148
15	5172	7	151	10	10	27	13	12
16	5459	160	243	40	40	205	208	91
17	5357	20	5	6	6	21	33	24
18	5644	148	74	43	43	35	28	39
19	4838	12	16	15	15	18	29	5
20	5779	173	207	103	103	236	232	140
...
251	5433	265	208	243	243	233	233	247
252	5077	96	228	195	195	223	220	228
253	5810	180	134	121	121	99	71	157
254	4840	157	264	265	265	268	268	269
255	5809	211	187	171	171	156	128	218
256	4929	103	202	225	225	227	223	245
257	5447	269	155	253	253	221	230	235
258	5086	107	219	228	228	238	240	240
259	5175	150	270	269	269	265	264	267
260	4944	108	240	235	235	244	246	258
261	5092	120	254	255	255	252	254	259
262	5097	124	261	256	256	264	265	263
263	4940	97	229	200	200	229	229	232
264	5082	115	252	237	237	243	242	261
265	4923	140	263	261	261	267	267	266
266	4913	121	253	257	257	260	261	262
267	4848	183	268	270	270	269	269	270
268	4921	178	269	268	268	270	270	268
269	5785	193	100	143	143	114	117	135
270	5336	179	184	244	244	192	189	190

Rankingi uzyskane za pomocą metod M2 i M3 są identyczne. Wynika to z tego, że system blokowy, sztucznie wprowadzony do rozważanego doświadczenia (aby umożliwić wykonanie obliczeń metodą M2) był nieefektywny. Bloki nie eliminowały żadnej zmienności i stąd identyczny jego ranking z rankingiem uzyskanym za pomocą metody M3.

Podsumowując zauważamy, że niektóre genotypy miały podobne miejsca w rankingu, niezależnie od zastosowanej metody. Są to wartościowe genotypy i tym należy poświęcić więcej uwagi (np. genotypy 4844, 5356, 4845).

Podstawową rolę w skuteczności rankingów pełnią obiekty wzorcowe. Z punktu widzenia efektywności metod statystycznych jeden dobrze rozmieszczony obiekt wzorcowy zapewni dobre oszacowanie zmienności glebowej, co w konsekwencji prowadzi do efektywnej selekcji genotypów. Często jednak, do tego typu doświadczeń wprowadza się różne wzorce charakteryzujące się różnymi właściwościami. Wtedy niejako, umożliwia się porównanie badanych genotypów z wszystkimi wzorcami a także z każdym indywidualnie. Z punktu widzenia efektywności metod statystycznych nie jest to najlepsze rozwiązanie. Do zmienności środowiskowej wprowadza się dodatkową zmienność pomiędzy wzorcami. Jeśli zamierzamy skorzystać z metody MPR, to wzorce powinniśmy rozmieścić systematycznie na polu doświadczalnym z dużą częstością. Umożliwiłoby to porównanie badanych genotypów z każdym z wzorców niezależnie. Jeśli wzorce są celowo zróżnicowane, to nie wiemy, czy jest sens porównywać wszystkie genotypy z jakimś "przeciętnym" wzorcem, będącym funkcją (np. średnią) z wszystkich lub niektórych wzorców.

LITERATURA

- Adamska E., Kaczmarek Z., Woś H. 2012. Estimates of winter rapeseed hybrids on the basis of series unreplicated experiments with standards. *Plant Breeding for Future Generations Proceedings of the 19th EUCARPIA General Congress 2012*, Zoltán Bedő and László Láng (Eds), Hungary: 323.
- Ambroży K., Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B. 2008 a. Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż. Część I. Metody oceny efektów obiektowych. *Biul. IHAR 250*: 21 — 28.
- Ambroży K., Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B. 2008 b. Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż. Część II. Empiryczne porównanie metod oceny efektów obiektowych. *Biul. IHAR 250*: 29 — 39.
- Box G. E. P., Draper N. 2007. *Response surfaces, mixtures, and ridge analyses*. Second Edition, Wiley, New York.
- Kaczmarek Z., Adamska E., Mejza I., Woś H., Trzeciak R. 2013. Evaluation of parental forms on the basis of series of unreplicated experiments with their hybrids and standard varieties. *Applied Statistics 2013, Abstracts*, p. 70. (<http://conferences.nib.si/AS2013/AS2013-Abstracts.pdf>).
- Kempton R. A. 1981. Adjustment for competition between varieties in plant breeding trials. *J. Agric. Sci., Camb.* 98: 599 — 611.
- Kempton R. A., Fox P. N. 1997. *Statistical methods for plant variety evaluation*. Chapman & Hall.
- Khuri A. I. 2006. *Response surface methodology and related topics*. World Scientific, Singapore.
- Marczyńska K., Mejza S., Mikulski W. 2010. Doświadczenia jednopowtórzeniowe we wczesnych stadiach hodowlanych. *Colloquium Biometricum*, 40: 63 — 72.
- Mejza S., Marczyńska K. 2011. Check plot density in estimation of soil fertility. *Proceedings: Biometric Methods and Models in Current Science and Research*, D. Hampel, J. Hartmann, J. Michalek, (eds) Central Institute of Supervising and Testing in Agriculture, Brno: 167 — 172.
- Mejza S., Mejza I. 2013. Check plots in field breeding experiments. *Biometrical Letters Vol. 50, No 2*: 137 — 149.
- Montgomery D. C. 2005. *Design and Analysis of Experiments: Response surface method and designs*. New Jersey: John Wiley and Sons, Inc.

- Sebolai B., Pedersen J. F., Marx D. B., Boykin D. L. 2005. Effect of control plot density, control plot arrangements, and assumption of random or fixed effects on nonreplicated experiments for germplasm screening using spatial models. *Crop Sci.*: 1978 — 1980.
- Utz H. F. 1997. A computer program for statistical analysis of plant breeding experiments. Version 2N. Institute of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics. University of Hohenheim. Germany.
- Woś H., Adamska E., Kaczmarek Z. 2010. Metody statystyczne dla oceny mieszańców i ich linii rodzicielskich na podstawie serii doświadczeń jednopowtórzeniowych z wzorcami. *Rośliny Oleiste*: 243 — 256.