

WYZNACZANIE WARTOŚCI CECH MIERZALNYCH W WARUNKACH  
INTERAKCJI GENOTYPOWO-ŚRODOWISKOWEJ

Stanisław Węgrzyn

Zakład Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie

Interakcja genotypowo-środowiskowa ma duże znaczenie w hodowli i ocenie odmian roślin uprawnych. Stąd więc w każdym programie hodowlanym lub doświadczalnym bardzo ważne jest wartościowanie genotypów w różnych układach środowiskowych. Dla takich cech ilościowych jak plon względna wartość danego genotypu może zmieniać się w różnych środowiskach na skutek występowania interakcji genotypu ze środowiskiem. Powoduje to zmiany w kolejności uszeregowania genotypów, co stwarza trudności dla hodowcy przy wyborze najbardziej pożądaných obiektów. Do tego dodać jeszcze należy, że interakcja genotypowo-środowiskowa obniżać będzie skuteczność postępu hodowlanego z prowadzonej selekcji. Zjawisko to interesuje od wielu lat nie tylko statystyków, ale przede wszystkim hodowców roślin.

Idea analizy statystycznej interakcji genotypowo-środowiskowej została zapoczątkowana przez Yates i Cochran [9], a następnie zmodyfikowana przez Finlay i Wilkinsona, Eberhart i Russella, Perkins i Jinksa [1, 2, 6] oraz innych. W modelach tych wykorzystuje się regresję wartości fenotypowych poszczególnych obiektów względem indeksu środowiskowego. Za indeks środowiskowy przyjmuje się średnią ze wszystkich obiektów, lub odchylenie średniej generalnej od średniej danego środowiska. Analiza dostarcza dwóch parametrów współczynnika regresji i średniego kwadratu odchylen od regresji.

Wricke [8] użył innej miary interakcji genotypowo-środowiskowej, a mianowicie współczynnika ekowalencji  $w$ , który jest sumą kwadratów odchylen genotypu od całkowitej interakcji. Wskaźnik  $w$

może być jednak obarczony błędem na skutek różnych poziomów plonowania. Dlatego też Węgrzyn i Poradzińska [7] użyli współczynnik zmienności  $/V/$ , który jest procentowym stosunkiem średniego kwadratu odchylenia standardowego z interakcji genotypowo-środowiskowej danego genotypu do jego średniego plonu. Stabilność genotypu w pojęciu współczynnika ekowalencji i współczynnika zmienności jest odwrotnie proporcjonalna do ich wielkości, tzn. im wskaźnik  $/w/$  lub  $/V/$  ma większą wartość, tym genotyp wykazuje mniejszą stabilność i odwrotnie.

Freeman i Perkins [3] badali niektóre metody rozdziału interakcji genotypowo-środowiskowej i ich wartość statystyczną. Dość krytycznie odnieśli się do regresji poszczególnych wartości względem efektów środowiskowych. Ich zdaniem miarę tę powinny stanowić nie średnie ze wszystkich genotypów rosnących w danym środowisku, lecz genotyp nie wchodzący do obliczania średnich wartości dla środowisk. Również zaproponowali oni podział interakcji genotypowo-środowiskowej na komponent liniowy i nieliniowy stosownie do analizy Perkinsa i Jinksa [6].

Zupełnie inne podejście do interakcji genotypowo-środowiskowej zasugerował Hanson [4]. Proponuje on, aby względną stabilność dowolnego genotypu mierzyć odległością euklidesową od idealnego modelu teoretycznego. Idealny genotyp może być określony dowolnie lub eksperymentalnie jako średnia ze wszystkich genotypów w danym środowisku.

Inny sposób analizy interakcji genetyczno-środowiskowej opracowany przez Mungomery i in. [5] wzoruje się na metodach taksonomicznych, które pozwalają grupować genotypy na podstawie ich podobieństwa. Podobieństwo określa się tutaj jako odległość euklidesową między genotypami w przestrzeni wielowymiarowej, której ośiami współrzędnymi są środowiska.

Oprócz wspomnianych metod, znane są również sposoby analizy interakcji genotypowo-środowiskowej oparte na analizie składowych głównych, dendrytowej, współrzędnych głównych, zmiennych kanonicznych, itp. Wyniki opracowane tymi metodami są dość skomplikowane i trudne w interpretacji dla hodowcy roślin, który nie jest dobrze zapoznany z metodami biometrycznymi.

Dotychczasowe metody analizy interakcji genotypowo-środowiskowej opierają się na wyznaczaniu jednego lub dwóch parametrów stabilności. Biorąc jeszcze pod uwagę potencjał plonowania, ocena

genotypu staje się bardziej złożona, co niewątpliwie sprawia hodowcy trudności w podejmowaniu decyzji przy wyborze odpowiednich obiektów. Na ogół przyjmuje się, że genotypy z szeroką adaptacyjnością, czyli dużą stabilnością mają średni potencjał plonowania, podczas gdy genotypy z wysokim potencjałem plonowania charakteryzują się na ogół wąską adaptacyjnością. Współczesna hodowla roślin dąży do wyhodowania odmian o wysokim potencjale plonowania w połączeniu z szeroką adaptacyjnością. Dlatego też pożądane jest, aby metoda oceny genotypu była wszechstronna, a więc ujmowała zarówno potencjał plonowania, jak i jego stabilność w różnych układach środowiskowych, a równocześnie była możliwie prosta w interpretacji. Stąd podjęto próbę opracowania metody, która w postaci jednego wskaźnika charakteryzowałaby zarówno potencjał plonowania, jak i jego stabilność w różnych środowiskach.

**P r o p o n o w a n a m e t o d a .** Dla łatwiejszego zrozumienia istoty proponowanej metody przyjmijmy pewne założenia modelowe. Weźmy pod uwagę  $k$  genotypów rosnących w  $n$  środowiskach, czyli  $i = 1, 2, \dots, k$  oraz  $j = 1, 2, \dots, n$ . Posługując się symboliką genetyczno-statystyczną możemy zapisać model dla obserwacji  $i$ -tego genotypu w  $j$ -tym środowisku w postaci:

$$X_{ij} = m + a_i + b_j + g_{ij}, \quad /1/$$

gdzie:

- $m$  - średnia ze wszystkich obiektów i środowisk ( $\bar{X}$ ),
- $a_i$  - efekt genotypowy obliczony jako różnica pomiędzy średnią  $i$ -tego obiektu ( $\bar{X}_{i.}$ ), a średnią  $\bar{X}_{..}$ , czyli  $a_i = \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..}$ ,
- $b_j$  - efekt środowiskowy obliczony jako różnica pomiędzy średnią  $j$ -tego środowiska ( $\bar{X}_{.j}$ ), a średnią  $\bar{X}_{..}$ , czyli  $b_j = \bar{X}_{.j} - \bar{X}_{..}$ ,
- $g_{ij}$  - efekt interakcji  $i$ -tego genotypu w  $j$ -tym środowisku obliczony w postaci:  $g_{ij} = \bar{X}_{ij} - \bar{X}_{i.} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}$ .

Aby można było porównać plony dla tego samego genotypu z dwóch lub więcej środowisk musimy wyeliminować składnik środowiskowy ( $b_j$ ) poprzez jego odjęcie ze wzoru (1). W ten sposób otrzymamy nową zmienną, którą oznaczymy symbolem  $Z_{ij}$ , a zatem:

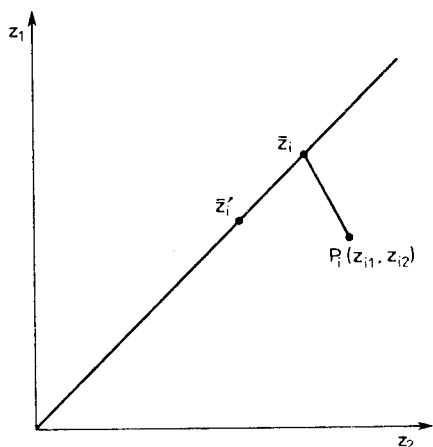
$$Z_{ij} = X_{ij} - b_j = X_{ij} - \bar{X}_{.j} + \bar{X}_{..} = m + a_i = g_{ij} \quad /2/$$

Przyjmując restrykcje

$$\sum_{i=1}^k a_i = \sum_{j=1}^n b_j = \sum_{i=1}^k g_{ij} = \sum_{j=1}^n g_{ij} = 0$$

można wykazać, że średnie obiektowe  $\bar{z}_i$  są takie same, jak średnie wyznaczone z równania (1), czyli  $\bar{X}_{i.}$ .

Dla łatwiejszego zrozumienia podstaw teoretycznych proponowanej metody zagadnienie przedstawiono na wykresie, którego osiami współrzędnymi są środowiska /rys. 1/.



Rys. 1. Przedstawienie punktu  $P_i$  w przestrzeni 2-wymiarowej

Ograniczymy się do przestrzeni 2-wymiarowej. Na rysunku tym oś rzędnych oznacza pierwsze środowisko, zaś oś odciętych oznacza drugie środowisko, przy czym numeracja środowisk nie ma tutaj żadnego znaczenia. Punkt  $P_i$  scharakteryzowany jest plonami  $i$ -tego genotypu w dwóch środowiskach ( $Z_{i1}$  i  $Z_{i2}$ ). Punkt  $\bar{z}_i$  oznacza średni plon dla  $i$ -tego genotypu z dwóch środowisk. Punkt ten leży na prostej diagonalnej, która charakteryzuje wartości genotypowe wolne od interakcji genotypowo-środowiskowej. Natomiast punkt  $\bar{z}'_i$  jest wartością szukaną, który również musi leżeć na prostej diagonalnej, aby nie był obciążony interakcją. Chcąc znaleźć ten punkt musimy przyjąć pewne założenia, dotyczące odległości punktów w przestrzeni. Przyjmujemy, że odległość punktu szukanego  $\bar{z}'_i$  od punktu  $\bar{z}_i$  jest taka sama, jak odległość punktu  $P_i$  od punktu  $\bar{z}_i$ . Założenie to jest poprawne, gdyż dotyczy ono wszystkich genotypów. Korzystając z tego założenia możemy napisać wzór na odległość dwóch punktów w 2-wymiarowej przestrzeni euklidesowej, a mianowicie:

$$(\bar{z}'_{i1} - \bar{z}_{i.})^2 + (\bar{z}'_{i2} - \bar{z}_{i.})^2 = (z_{i1} - \bar{z}_{i.})^2 + (z_{i2} - \bar{z}_{i.})^2 \quad /3/$$

Ponieważ szukany punkt  $\bar{z}'_{i.}$  leży na prostej diagonalnej, stąd wzór (3) przyjmie postać:

$$2(\bar{z}'_{i.} - \bar{z}_{i.})^2 = (z_{i1} - \bar{z}_{i.})^2 + (z_{i2} - \bar{z}_{i.})^2 \quad /4/$$

Po odpowiednim przekształceniu wzoru (4) znajdziemy wartość szukanego punktu  $\bar{z}'_{i.}$ :

$$\bar{z}'_{i.} = \bar{z}_{i.} + \sqrt{\frac{1}{2} [(z_{i1} - \bar{z}_{i.})^2 + (z_{i2} - \bar{z}_{i.})^2]} \quad /5/$$

Ponieważ zjawisko interakcji genotypowo-środowiskowej ma charakter niepożądany z punktu widzenia hodowlanego, zatem znak + od - rzucono i po uogólnieniu na przestrzeń n-wymiarową, czyli dowolną liczbę środowisk, wzór (5) możemy napisać w postaci:

$$\bar{z}'_{i.} = \bar{z}_{i.} - \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (z_{ij} - \bar{z}_{i.})^2} \quad /6/$$

Wartości  $\bar{z}'_{i.}$  w przypadku interakcji genotypowo-środowiskowej będą mniejsze od średnich  $\bar{z}_{i.}$ . Stąd średnia obliczona ze wszystkich obiektów musi być również mniejsza od średniej obliczonej z wartości genotypowych nie poprawionych. Aby średnie te miały taką samą wartość musimy obliczyć średnie obiektowe poprawione, które otrzymamy ze wzoru:

$$\bar{x}'_{i.} = \bar{x}_{..} + \bar{z}'_{i.} - \bar{z}'_{..} \quad /7/$$

gdzie:

$\bar{x}'_{i.}$  - średni plon poprawiony dla i-tego obiektu,

$\bar{x}_{..}$  - średnia ze wszystkich obiektów i środowisk,

$\bar{z}'_{i.}$  - wartość dla i-tego genotypu obliczona wg wzoru (6),

$\bar{z}'_{..}$  - średnia obliczona z wartości  $\bar{z}'_{i.}$ .

**P r z y k ł a d l i c z b o w y .** Dla oceny skuteczności proponowanej metody posłużymy się przykładem zaczerpniętym z doświadczeń hodowlanych z rodami pszenicy ozimej. Wzięto 10 obiektów badanych w 5 miejscowościach. Wybrane obiekty charakteryzują się zarówno bardzo dużą, jak i bardzo małą stabilnością plonowania.

Mają one charakter wyłącznie dydaktyczny i dlatego dla uproszczenia zapisu zostały zakodowane symbolami. Wyniki podano w tabeli 1.

T a b e l a 1

Plony ziarna z 10 obiektów pszenicy ozimej  
w miejscowościach /dt/ha/

Symbol obiektu	M-1	M-2	M-3	M-4	M-5
A	85,0	84,9	84,2	60,0	65,7
B	86,4	89,5	76,5	59,9	70,4
C	92,8	96,0	79,6	60,8	72,3
D	82,8	80,3	77,5	59,9	66,7
E	96,7	88,8	77,1	58,3	72,2
F	81,5	81,7	78,5	59,1	65,6
G	82,5	93,5	68,8	54,0	69,8
H	86,7	91,2	72,7	55,1	70,7
I	85,8	87,8	72,4	59,8	68,8
K	75,8	85,9	71,4	61,8	64,8

Średnie plony nie poprawione dla obiektów obliczono wprost z tabeli 1, zaś plony poprawione oszacowano wg wzoru (7). Ponadto obliczono współczynniki ekowalencji /W/, współczynniki zmienności /V/ oraz średnie kwadraty odchyleń od regresji ( $S_d^2$ ). Współczynnik ekowalencji wg Wricke [8] obliczono wg zmodyfikowanego wzoru:

$$W_i = \sum_{j=1}^n (X_{ij} - \bar{X}_{.j})^2 - n(\bar{X}_{i.} - \bar{X}_{..})^2.$$

Współczynniki zmienności wg Węgrzyna i Poradzińskiej [7] również w modyfikacji wg wzoru:

$$V_i = \frac{\sqrt{\frac{1}{n-1} \sum_{j=1}^n (Z_{ij} - \bar{Z}_{i.})^2}}{\bar{Z}_{i.}} \cdot 100.$$

Średni kwadrat odchyień od regresji:

$$S_{di}^2 = \frac{1}{n-2} \left[ \sum_{j=1}^n (z_{ij} - z_{i.})^2 - \frac{\sum_{j=1}^n (z_{ij} b_j)^2}{\sum_{j=1}^n b_j^2} \right]$$

Poszczególne symbole we wzorach mają takie same znaczenie jak podano poprzednio. Wyniki obliczeń zestawiono w tabeli 2.

T a b e l a 2

Średnie plony i parametry stabilności plonowania  
dla 10 odmian pszenicy

Odmiana	Plon w dt z ha			Parametry stabilności		
	popr. ( $\bar{X}'_{i.}$ )	nie popr. ( $\bar{X}_{i.}$ )	$R = \bar{X}'_{i.} - \bar{X}_{i.}$	w	v	$S_d^2$
A	74,80	75,96	-1,16	87,8	6,2	28,4
B	79,36	74,54	2,82	0,7	0,6	0,3
C	81,01	80,30	0,71	27,0	3,2	0,7
D	73,16	73,44	-0,28	55,0	5,1	9,0
E	77,50	78,62	-1,12	86,2	5,9	21,7
F	73,15	73,28	-0,13	50,1	4,8	10,7
G	72,26	73,72	-1,46	101,1	6,8	27,0
H	75,49	75,28	0,21	39,9	4,2	7,6
I	76,41	74,92	1,49	11,8	2,3	3,8
K	70,87	71,94	-1,07	84,2	6,4	15,1

W tabeli tej podano również współczynniki korelacji pomiędzy różnicą plonów poprawionych i nie poprawionych ( $R_1 = \bar{X}'_{i.} - \bar{X}_{i.}$ ), a poszczególnymi parametrami stabilności plonowania. Uzyskano bardzo wysokie współczynniki korelacji, co wskazuje na silny związek pomiędzy korektą plonów a wielkością interakcji genotypowo-środowiskowej. Ze znaku współczynnika korelacji wynika, że im większy udział interakcji, tym większa redukcja wielkości plonu dla danego genotypu. Największe wartości współczynników korelacji otrzymano z parametrami stabilności, określonymi przez współczynnik zmienności / $r = 0,99$ / i współczynnik ekwalencji / $r = 0,96$ /.

Jest to w pełni uzasadnione, bowiem część zmienności interakcji genotypowo-środowiskowej została wyeliminowana przez współczynnik regresji liniowej. Wysoka korelacja pomiędzy korektą plonów a wielkością interakcji genotypowo-środowiskowej wskazuje więc na skuteczność proponowanej metody, która umożliwia równocześnie ocenę potencjału i stabilności plonowania. Ocena ta wyrażona jest w postaci jednego wskaźnika, którym jest średni plon poprawiony dla danego obiektu. Stanowi to duże ułatwienie dla hodowcy przy wyborze odpowiednich genotypów.

#### LITERATURA

1. Eberhart S.A., Russell W.A.: Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.*, 6, 36-40, 1966.
2. Finlay K.W., Wilkinson G.N.: The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Aust. J. Agr. Res.*, 14, 742-754, 1963.
3. Freeman G.H., Perkins J.M.: Environmental and genotype-environmental components of variability. VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. *Heredity*, 27, 15-23, 1971.
4. Hanson W.D.: Genotypes Stability. *Theor., App. Gen.*, 40, 226-231, 1979.
5. Mungomery V.E.R. Shorter, Byth D.E.: Genotype x environment interactions and environmental adaptation. I. Pattern analysis -application to soya bean populations. *Aust. J. Agric. Res.*, 25, 59-72, 1974.
6. Perkins J.M., Jinks J.L.: Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. *Heredity*, 23, 339-346, 1968.
7. Węgrzyn S., Poradzińska J.: Genetyczne aspekty plonowania jęczmienia jarego. *Hod. Rośl. Aklim.*, 23, 99-115, 1979.
8. Wricke G.: Über eine Methode zur Erfassung der ökologischen Streubreite in Feldversuchen. *Zeit. Pflzücht.*, 47, 92-96, 1962.
9. Yates F., Cochran W.G.: The analysis of groups of experiments. *J. Agric. Sci.*, 28, 556-580, 1938.



S. Węgrzyn

ESTIMATION OF MEASURABLE TRAITS UNDER CONDITIONS  
OF THE GENOTYPE-ENVIRONMENT INTERACTION

## S u m m a r y

The method of simultaneous estimation of the values of traits and their stability under different measurement conditions is presented. This method has been based on geometric theorems concerning the distance of a point in the  $n$ -dimensional space. Comparison of the efficiency of the proposed method has been performed on a numerical example at correlation of the results obtained with the genotype-environment interaction indices such as ecovallence coefficient  $/w/$ , variability coefficient  $/V/$  and mean square of deviations from regression  $/s_d^2/$ . A very close correlation between the results elaborated using the proposed method and the above indices has been proved. This would indicate a high efficiency of the proposed method, the advantage of which is a simultaneous estimation of both potential and stability of the yield in the form of one value.

С. Венгжин

ОПРЕДЕЛЕНИЕ ВЕЛИЧИНЫ ИЗМЕРИМЫХ ЧЕРТ  
В УСЛОВИЯХ ГЕНОТИПНО-СРЕДОВОЙ ИНТЕРАКЦИИ

## Р е з ю м е

Был предложен метод одновременной оценки величины черт и их стабильности в разных средовых условиях. Этот метод основан на геометрических положениях относительно отдаленности точки в  $n$ -мерном пространстве. На числовом примере было произведено сравнение эффективности предложенного метода, причем полученные результаты были сопоставлены с коэффициентами генотипно-средовой интеракции, как то: коэффициент эквалентности  $/w/$ , коэффициент изменчивости  $/V/$  и средний квадрат отклонения от

регрессии  $/s_d^2/$ . Получена очень тесная корреляция между результатами полученными по предложенному методу и указанными выше коэффициентами. Это может послужить свидетельством большой эффективности этого метода, достоинством которого является также одновременная оценка потенциала и стабильности урожаев в виде одной величины.