

Elżbieta Adamska*, Laurencja Szala, Krystyna Kołodziej, Teresa Cegielska-Taras

Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin, Zakład Roślin Oleistych w Poznaniu

*Instytut Genetyki Roślin PAN w Poznaniu

Ocena linii DH rzepaku ozimego pod względem wybranych cech na podstawie doświadczeń polowych przeprowadzonych w dwóch środowiskach

Estimation of winter oilseed rape DH lines for several traits on the basis of experiments carried out at two environments

Słowa kluczowe: *Brassica napus* L., rzepak ozimy, linie DH, analiza statystyczna, interakcja genotypowo-środowiskowa

Key words: *Brassica napus* L., winter oilseed rape, DH line, statistical analysis, genotype-environment interaction

Praca zawiera wyniki analizy doświadczeń z podwojonymi haploidami (DH) rzepaku ozimego przeprowadzonymi w dwóch środowiskach. Porównywano 32 linie DH z formami rodzicielskimi (DH O-120 i DH C-1041) oraz odmianą wzorcową Kana pod względem wybranych cech struktury plonu, plonu z poletka, zawartości tłuszczu i składu kwasów tłuszczowych oleju łącznie i indywidualnie. Stwierdzono występowanie wysoce istotnych różnic (na poziomie $P = 0,01$) między środowiskami i między liniami DH (średnie z dwu środowisk). Istotna okazała się interakcja genotypy \times środowisko dla cech struktury plonu, plonu z poletka i zawartości tłuszczu. Dla zawartości poszczególnych kwasów tłuszczowych oleju interakcja ta praktycznie nie występowała. Możliwe było wyodrębnienie linii DH istotnie lepszych w wartościach badanych cech zarówno od form rodzicielskich, jak i od odmiany wzorcowej Kana.

The paper contains the results of statistical analysis of winter oilseed rape doubled haploids (DH) performed on the basis of experiments carried out at two places. 32 DH lines and parental forms (DH O-120 and DH C-1041) as well as control variety Kana were compared together or individually for chosen traits: several seed yield components, seed yield per plot, oil content and fatty acid content. The results of the study showed significant differences (at the level $P = 0.01$) between places and between the DH lines (mean value for two places). For several seed yield components, seed yield per plot and oil content genotype \times environment interaction was significant. But for fatty acid content the interaction did not appear. It was possible to select DH lines better than parental forms and control variety Kana for studied traits.

Wstęp

Podwojone haploidy (linie DH) ze względu na swą całkowitą homozygotyczność są doskonałym materiałem do badań nad genetycznym uwarunkowaniem cech.

Celem pracy było porównanie linii DH rzepaku ozimego otrzymanych z pokolenia F_1 mieszańca, o symbolu H5 pomiędzy dwoma liniami DH (DH O-120 \times DH C-1041), z formami rodzicielskimi oraz z odmianą wzorcową Kana pod względem wybranych cech łącznie i indywidualnie. Wstępną informację o genetycznym zróżnicowaniu badanych linii DH i podział podwojonych haploidów na grupy jednorodne dla cech struktury plonu i wielkości plonu w jednym środowisku przedstawiono we wcześniejszej pracy (Szała i in. 2000). Niniejsza praca zawiera wyniki analizy doświadczeń przeprowadzonych w dwóch środowiskach.

Material i metody

Doświadczenia przeprowadzono na poletkach o powierzchni 0,8 m², w dwóch miejscach: IHAR Poznań w sezonie 1998/1999 oraz Stacji Doświadczalnej IGR PAN w Cerekwicy w sezonie 1999/2000. Każde z doświadczeń założono w układzie całkowicie losowym w 3 powtórzeniach, obejmowało ono 32 linie DH wyprowadzone metodą izolowanych mikrospor z pokolenia F_1 mieszańca DH O-120 (P1) \times DH C-1041 (P2) (Cegielska-Taras, Szała 1997), ich formy rodzicielskie oraz odmianę wzorcową Kana. Dla badanych genotypów wykonano pomiary następujących cech: masa 1000 nasion, długość łuszczyzny, liczba nasion w łuszczyźnie, plon z poletka i zawartość tłuszczu w nasionach. Ponadto wykonano analizy biochemiczne procentowej zawartości poszczególnych kwasów tłuszczowych w oleju nasion. Dla obu zestawów cech przeprowadzono niezależnie kompleksowe analizy statystyczne.

W pierwszym rzędzie wykonano wielowymiarowe analizy wariancji dla układu całkowicie losowego. Stanowią one uogólnienie klasycznej jednocechowej analizy wariancji na przypadek wielu cech. Szczegółowy algorytm obliczeniowy tej analizy wraz z programem komputerowym zawarty jest w pracy Ceranki i in. (1976). Funkcje testowe oraz sposób testowania jedno- i wielowymiarowych hipotez zostały podane w pracy Calińskiego i in. (1976). Przeprowadzona w pracy analiza wariancji umożliwiła weryfikację hipotez o braku różnic pomiędzy środowiskami, o braku różnic pomiędzy badanymi genotypami oraz o braku interakcji genotypów ze środowiskami pod względem wybranych cech plonotwórczych, plonu z poletka i zawartości tłuszczu oraz niezależnie pod względem zawartości pięciu kwasów tłuszczowych w oleju.

Jedną z trudności występujących przy stosowaniu wielozmiennej analizy wyników doświadczeń jest zagadnienie możliwości prostego ich przedstawienia.

Pomocne w tym względzie okazuje się przekształcenie zbioru badanych cech w mniejszy zbiór, na przykład dwóch nowych zmiennych, przy możliwie małej stracie informacji dotyczącej wpływu badanych czynników doświadczalnych. Takie przekształcenie umożliwia tzw. analiza zmiennych kanonicznych (Adamski i in. 1994) dokonująca redukcji przestrzeni wielowymiarowej (wielocechowej) do przestrzeni dwuwymiarowej (płaszczyzny), której osiami są nowe zmienne zwane zmiennymi kanonicznymi. Analiza ta została w pracy przeprowadzona w celu znalezienia obrazu rozmieszczenia linii DH (opisanych wszystkimi badanymi cechami) na płaszczyźnie (w układzie dwóch zmiennych kanonicznych).

Wyniki

Stwierdzono występowanie wysoce istotnych różnic (na poziomie $P = 0,01$) między środowiskami oraz między liniami DH (średnie z dwu środowisk). Istotna okazała się również interakcja genotypy \times środowiska dla cech struktury plonu, plonu z poletka i zawartości tłuszczu, podczas gdy dla zawartości kwasów tłuszczowych interakcja ta praktycznie nie występowała.

Odrzucenie hipotez o braku różnic między genotypami uzasadniało dokonanie porównań poszczególnych linii DH z formami rodzicielskimi oraz z odmianą wzorcową Kana pod względem analizowanych cech łącznie i indywidualnie.

Wyniki oceny testowania porównań między liniami DH rzepaku ozimego, formami rodzicielskimi i odmianą Kana dla cech struktury plonu i zawartości tłuszczu przedstawiono w tabelach: 1, 3, 5, a zawartości pięciu kwasów tłuszczowych w tabelach: 2, 4, 6.

Wszystkie linie DH z wyjątkiem: H5-8, H5-216, H5-237 i H5-493 różniły się istotnie od odmiany wzorcowej Kana pod względem 5 badanych cech łącznie w pierwszej grupie porównywanych cech (struktury plonu i zawartości tłuszczu). Aż 19 linii charakteryzowało się istotnie wyższą masą 1000 nasion w porównaniu do odmiany Kana. Mimo, że najczęściej wzrost masy 1000 nasion jest ujemnie skorelowany z liczbą nasion w łuszczyńce i długością łuszczyzny, udało się wyróżnić cztery linie DH: H5-43, H5-261, H5-284 i H5-396, które odznaczały się istotnie wyższą masą 1000 nasion i jednocześnie większą liczbą nasion w łuszczyńce oraz dłuższą łuszczyzną niż odmiana Kana. Piętnaście linii DH nie różniło się statystycznie pod względem plonu z poletka, czyli plonowało na poziomie wzorca (tab. 1).

Tabela 1

Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH rzepaku ozimego i ich formami rodzicielskimi O-120, C-1041 a wzorcem Kana dla cech struktury plonu i zawartości tłuszczu
Estimation and results of comparison testing between winter oilseed rape DH lines and their parental forms O-120 and C-1041 and control variety Kana for several seed yield components and oil content

Lp.	Kontrast w stosunku do odmiany Kana <i>Contrast as compared with variety Kana</i>	Ocena kontrastu dla cech — <i>Estimate of contrast for</i>					Wartość stat. F dla 5 cech łącznie <i>F- stat. value for 5 traits jointly</i>
		masa 1000 nasion <i>1000 seed weight</i>	plon z poletka <i>seed yield per plot</i>	liczba nasion w łuszczyńce <i>seed number per pod</i>	długość łuszczyzny pod <i>length</i>	% tłuszczu <i>oil content</i>	
1	H5-8	0,28*	-16,4	-1,0	-0,2	-0,7	2,10
2	H5-30	0,78**	-39,8	-5,6**	-0,5**	-0,3	13,03**
3	H5-43	0,35*	-32,8	3,8**	0,4*	0,0	6,95**
4	H5-71	1,12**	-12,5	-9,1**	-1,1**	0,5	28,87**
5	H5-77	0,99**	-10,2	-6,6**	-0,8**	-1,5**	25,10**
6	H5-79	0,70**	-125,0**	-1,2	0,6**	-0,7	16,39**
7	H5-85	0,72**	-98,8**	-3,3**	-0,9**	-0,6	15,15**
8	H5-105	1,18**	11,6	-10,2**	-1,7**	-1,2**	46,02**
9	H5-109	-0,07	-121,7**	2,9**	0,3	0,5	8,29**
10	H5-114	0,05	-60,3*	3,2**	-0,3	-0,7	6,85**
11	H5-129	0,06	4,9	3,1**	-0,1	-1,2**	4,98**
12	H5-191	0,34**	6,0	4,1**	0,1	-0,4	7,20**
13	H5-202	0,19	0,1	2,2*	0,6**	0,6	3,61**
14	H5-216	-0,26*	-45,1	0,0	-0,1	-0,2	1,50
15	H5-237	0,07	-9,3	0,2	0,0	0,7	0,60
16	H5-238	0,44**	-73,2**	1,7	0,2	-0,5	7,01**
17	H5-250	0,67**	-31,4	-3,1**	-0,4*	-0,2	8,08**
18	H5-255	0,52**	-44,7	-7,2**	-1,8**	-0,2	22,19**
19	H5-261	0,28*	-140,7**	2,2*	0,9**	-1,4**	15,41**
20	H5-284	0,32**	-87,0**	2,3*	1,2**	-1,5**	14,48**
21	H5-349	0,07	-74,1**	0,9	0,6**	-0,3	4,26**
22	H5-396	0,47**	-53,1*	3,9**	1,7**	-0,2	22,54**
23	H5-416	0,84**	-61,4*	-3,2**	-0,3	-0,7	13,40**
24	H5-467	0,21	-22,3	-0,7	-0,2	-1,3**	3,51**
25	H5-493	0,01	-29,7	-1,2	0,0	-0,2	0,58
26	H5-544	0,59**	-92,9**	-2,9**	0,0	0,0	8,32**
27	H5-621	0,00	-101,7**	2,3*	0,6**	-1,9**	8,80**
28	H5-729	0,50**	-118,6**	1,5	0,8**	-1,2**	14,95**
29	H5-802	-0,15	-118,7**	1,1	0,7**	-1,9**	9,33**
30-	H5-804	0,62**	-81,0**	-0,9	-0,2	-0,2	8,65**
31	H5-876	0,33**	-108,5**	0,7	-0,2	-0,3	7,10**
32	H5-977	0,39**	-91,4**	-2,0*	-0,6**	-1,0**	7,71**
33	P2 - C-1041	0,97**	-92,6**	-7,4**	-1,4**	-1,1**	29,18**
34	P1 - O-120	0,17	-44,1	5,3**	1,7**	-0,4	19,59**
Wzorzec Kana		3,97	309,6	25,6	8,18	48,4	
Wartości krytyczne — <i>Critical values</i>						F _{0,05}	3,91
						F _{0,01}	6,81

* — Istotność na poziomie P = 0,05 — *Significance at P = 0.05*

** — Istotność na poziomie P = 0,01 — *Significance at P = 0.01*

Tabela 2

Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH rzepaku ozimego i ich formami rodzicielskimi O-120, C-1041 a wzorcem Kana dla pięciu kwasów tłuszczowych

Estimation and results of comparison testing between winter oilseed rape DH lines and their parental forms O-120 and C-1041 and control variety Kana for fatty acids content

Lp.	Kontrast w stosunku do odmiany Kana <i>Contrast as compared with variety Kana</i>	Ocena kontrastu dla kwasów <i>Estimate of contrast for acids</i>					Wartość stat. F dla 5 cech łącznie <i>F- stat. value for 5 traits jointly</i>
		C _{16:0}	C _{18:0}	C _{18:1}	C _{18:2}	C _{18:3}	
1	H5-8	-0,08	-0,08	-0,21	0,17	-0,37	0,25
2	H5-30	-0,16	0,00	1,35	-1,11	-0,05	0,57
3	H5-43	-0,35*	-0,25	0,73	-0,71	0,25	1,67
4	H5-71	-0,03	-0,23	-1,73	0,50	1,05*	1,73
5	H5-77	0,13	-0,33*	-1,95**	1,30	1,91**	3,86**
6	H5-79	-0,05	0,08	-2,10*	1,06	0,98*	2,02
7	H5-85	-0,05	0,05	-0,05	-0,45	0,57	0,33
8	H5-105	0,06	-0,10	-0,56	0,16	0,31	0,19
9	H5-109	0,05	-0,15	1,06	-1,56	0,43	1,42
10	H5-114	-0,08	-0,25	-0,75	0,51	0,46	0,74
11	H5-129	-0,40*	0,11	3,10**	-1,63	-0,88	2,82*
12	H5-191	-0,01	-0,01	0,08	-0,90	-0,41	0,31
13	H5-202	-0,13	0,03	-0,43	-0,55	0,80	0,83
14	H5-216	0,21	-0,06	-2,76	0,71	1,63**	3,50
15	H5-237	-0,11	-0,05	-0,18	-0,05	0,21	0,19
16	H5-238	0,00	0,02	-0,23	-0,41	0,30	0,15
17	H5-250	-0,15	-0,20	-0,45	-0,13	0,56	0,84
18	H5-255	-0,36*	-0,20	0,26	1,18	0,08	1,69
19	H5-261	0,23	-0,21	-3,33**	1,66	1,20*	3,21**
20	H5-284	-0,16	-0,16	-1,33	-1,41	0,61	2,28*
21	H5-349	-0,16	-0,10	0,21	-0,05	0,28	0,35
22	H5-396	0,05	-0,21	-0,43	-0,76	0,13	0,68
23	H5-416	-0,13	0,10	-2,00*	0,91	0,13	1,72
24	H5-467	-0,15	-0,38*	-3,90**	2,96**	1,31**	6,04**
25	H5-493	-0,16	-0,18	-3,13**	2,33*	0,38	3,55**
26	H5-544	-0,18	0,05	-0,13	0,90	-0,56	0,90
27	H5-621	0,03	-0,05	0,10	0,17	-0,75	0,47
28	H5-729	0,11	-0,23	-2,28*	0,55	0,56	1,45
29	H5-802	-0,37*	-0,01	0,25	-0,62	0,45	1,19
30	H5-804	-0,36*	-0,41	-2,25*	1,18	0,85	4,30**
31	H5-876	-0,03	-0,05	-1,91*	2,28*	0,65	1,8
32	H5-977	-0,01	-0,65**	-1,96*	2,36*	0,13	3,49**
33	P2 – C-1041	-0,03	-0,01	-2,53**	1,39	-0,33	2,06
34	P1 – O-120	-0,15	-0,08	1,0	0,05	0,11	0,44
Wzorzec Kana		5,12	1,58	61,68	20,35	10,55	
Wartości krytyczne — <i>Critical values</i>						F _{0,05}	2,28
						F _{0,01}	3,15

* — Istotność na poziomie P = 0,05 — *Significance at P = 0.05*

** — Istotność na poziomie P = 0,01 — *Significance at P = 0.01*

Tabela 3

Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH rzepaku ozimego a formą mateczną P1 – O-120 dla cech struktury plonu i zawartości tłuszczu — *Estimation and results of comparison testing between winter oilseed rape DH lines and maternal form P1 – O-120 for several seed yield components and oil content*

Lp.	Kontrast w stosunku do P1 <i>Contrast as compared with P1</i>	Ocena kontrastu dla cech — <i>Estimate of contrast for</i>					Wartość stat. F dla 5 cech łącznie <i>F- stat. value for 5 traits jointly</i>
		masa 1000 nasion <i>1000 seed weight</i>	plon z poletka <i>seed yield per plot</i>	liczba nasion w łuszczyńce <i>seed number per pod</i>	długość łuszczyzny <i>pod length</i>	% tłuszczu <i>oil content</i>	
1	H5-8	0,11	27,7	-6,3**	-1,9**	-0,2	22,20**
2	H5-30	0,61**	4,3	-10,9**	-2,3**	0,2	38,56**
3	H5-43	0,18	11,2	-1,5	-1,4**	0,4	11,04**
4	H5-71	0,95**	31,5	-14,4**	-2,8**	0,9*	65,92**
5	H5-77	0,82**	33,9	-11,9**	-2,5**	-1,1*	56,92**
6	H5-79	0,52**	-80,9**	-6,4**	-1,1**	-0,3	13,45**
7	H5-85	0,55**	-54,7*	-8,6**	-2,7**	-0,2	41,98**
8	H5-105	1,01**	55,7*	-15,5**	-3,5**	-0,8	96,70**
9	H5-109	-0,24	-77,6**	-2,4*	-1,4**	0,9*	12,96**
10	H5-114	-0,11	-16,2	-2,1*	-2,0**	-0,3	24,48**
11	H5-129	-0,10	49,0	-2,1*	-1,8**	-0,8	23,10**
12	H5-191	0,16	50,1	-1,2	-1,7**	0,0	18,67**
13	H5-202	0,01	44,1	-3,1**	-1,1**	1,0*	8,04**
14	H5-216	-0,43**	-1,0	-5,3**	-1,9**	0,2	23,02**
15	H5-237	-0,09	34,8	-5,1**	-1,7**	1,1*	18,82**
16	H5-238	0,26	-29,1	-3,7**	-1,5**	-0,1	13,53**
17	H5-250	0,50**	12,7	-8,4**	-2,1**	0,2	30,19**
18	H5-255	0,35**	-0,61	-12,5**	-3,5**	0,2	73,02**
19	H5-261	0,10	-96,6**	-3,1**	-0,8**	-1,0*	6,65**
20	H5-284	0,15	-42,9	-3,0**	-0,6**	-1,1*	4,30**
21	H5-349	-0,09	-30,1	-4,4**	-1,1**	0,1	7,82**
22	H5-396	0,30*	-8,9	-1,4	-0,0	0,2	1,49
23	H5-416	0,66**	-17,3	-8,5**	-2,0**	-0,3	31,04**
24	H5-467	0,04	21,7	-6,0**	-2,0**	-0,9*	25,57**
25	H5-493	-0,17	14,4	-6,5**	-1,7**	0,2	19,24**
26	H5-544	0,41**	-48,8	-8,3**	-1,8**	0,4	21,07**
27	H5-621	-0,16	-57,6*	-3,0**	-1,2**	-1,5**	10,95**
28	H5-729	0,33**	-74,5**	-3,8**	-0,9**	-0,7	8,36**
29	H5-802	-0,32**	-74,6**	-4,2**	-1,1**	-1,5**	11,61**
30	H5-804	0,45**	-36,9	-6,2**	-2,0**	0,2	23,32**
31	H5-876	0,16	-64,4*	-4,6	-2,0**	0,1	21,36**
32	H5-977	0,22	-47,2	-7,3	-2,3**	-0,6	31,46**
P1 – O-120		4,14	265,5	30,9	9,9	48,0	
Wartości krytyczne — <i>Critical values</i>						F _{0,05}	3,91
						F _{0,01}	6,81

* — Istotność na poziomie P = 0,05 — *Significance at P = 0.05*

** — Istotność na poziomie P = 0,01 — *Significance at P = 0.01*

Tabela 4

Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH rzepaku ozimego a formą maticzną P1 – O-120 dla pięciu kwasów tłuszczowych — *Estimation and results of comparison testing between winter oilseed rape DH lines and maternal form P1 – O-120 for fatty acids content*

Lp.	Kontrast w stosunku do P1 <i>Contrast as compared with P1</i>	Ocena kontrastu dla kwasów <i>Estimate of contrast for acids</i>					Wartość stat. F dla 5 cech łącznie <i>F- stat. value for 5 traits jointly</i>
		C _{16:0}	C _{18:0}	C _{18:1}	C _{18:2}	C _{18:3}	
1	H5-8	0,07	0,0	-1,22	0,12	-0,48	0,59
2	H5-30	-0,02	0,08	0,35	-1,17	-0,17	0,30
3	H5-43	-0,20	-0,17	-0,27	-0,77	0,13	0,85
4	H5-71	0,12	-0,15	-2,73**	0,45	0,93	2,24*
5	H5-77	0,28	-0,25	-2,95**	1,25	1,80**	4,21**
6	H5-79	0,10	0,17	-3,10**	1,02	0,87	3,21**
7	H5-85	0,10	0,13	-1,05	-0,50	0,45	0,77
8	H5-105	0,22	-0,02	-1,57	0,12	0,20	0,72
9	H5-109	0,20	-0,07	0,07	-1,62	0,32	1,27
10	H5-114	0,07	-0,17	-1,75	0,47	0,35	0,79
11	H5-129	-0,25	0,20	2,10*	-1,68	-1,00*	1,85
12	H5-191	0,17	0,07	-0,92	-0,95	-0,53	0,93
13	H5-202	0,02	0,12	-1,43	-0,60	0,68	1,27
14	H5-216	0,37*	0,02	-3,77**	0,67	1,52**	5,01**
15	H5-237	0,03	0,03	-1,18	-0,10	0,10	0,43
16	H5-238	0,15	0,10	-1,23	-0,47	0,18	0,74
17	H5-250	0,0	-0,12	-1,45	-0,18	0,45	0,82
18	H5-255	-0,22	-0,12	-0,73	1,13	0,03	0,93
19	H5-261	0,38*	-0,13	-4,33**	1,62	1,08*	4,70**
20	H5-284	-0,02	-0,08	-2,33*	-1,47	0,50	2,92*
21	H5-349	-0,02	-0,02	-0,78	-0,10	0,17	0,22
22	H5-396	0,20	-0,13	-1,43	-0,82	0,02	1,09
23	H5-416	0,02	0,18	-3,00**	0,87	0,02	2,29*
24	H5-467	0,0	-0,30	-4,90**	2,92**	1,20*	6,74**
25	H5-493	-0,02	-0,10	-4,13**	2,28*	0,27	4,52**
26	H5-544	-0,03	0,13	-1,13	0,85	-0,68	1,24
27	H5-621	0,18	0,03	-0,90	0,12	-0,87	0,95
28	H5-729	0,27	-0,15	-3,38**	0,50	0,45	2,53*
29	H5-802	-0,22	0,07	-0,75	-0,67	0,33	0,97
30	H5-804	-0,22	-0,33*	-3,25**	1,13	0,73	4,20**
31	H5-876	0,12	0,03	-2,92**	2,23*	0,53	2,56*
32	H5-977	0,13	-0,57**	2,97**	2,32*	0,02	3,28**
P1 – O-120		4,96	1,50	62,68	20,40	10,66	
Wartości krytyczne — <i>Critical values</i>						F _{0,05}	2,28
						F _{0,01}	3,15

* — Istotność na poziomie P = 0,05 — *Significance at P = 0.05*

** — Istotność na poziomie P = 0,01 — *Significance at P = 0.01*

Tabela 5

Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH rzepaku ozimego a formą ojcowską P2 – C-1041 dla cech struktury plonu i zawartości tłuszczu — *Estimation and results of comparison testing between winter oilseed rape DH lines and paternal form P2 – C-1041 for several seed yield component and oil content*

Lp.	Kontrast w stosunku do P2 <i>Contrast as compared with P2</i>	Ocena kontrastu dla cech — <i>Estimate of contrast for</i>					Wartość stat. F dla 5 cech łącznie <i>F- stat. value for 5 traits jointly</i>
		masa 1000 nasion <i>1000 seed weight</i>	plon z poletka <i>seed yield per plot</i>	liczba nasion w łuszczyńce <i>seed number per pod</i>	długość łuszczyzny <i>pod length</i>	% tłuszczu <i>oil content</i>	
1	H5-8	-0,69	76,3**	6,4**	1,2**	0,4	17,20**
2	H5-30	-0,19	52,9*	1,8	0,8**	0,8	6,02*
3	H5-43	-0,62	59,8*	11,2**	1,8**	1,0*	33,09**
4	H5-71	0,14	80,1**	-1,6	0,3	1,6**	6,18*
5	H5-77	0,01	82,4**	0,9	0,6**	-0,4	3,36
6	H5-79	-0,28	-32,4	6,3**	2,0**	0,3	25,27**
7	H5-85	-0,25	-6,1	4,1**	0,5*	0,5	4,43
8	H5-105	0,20	104,2**	-2,7**	-0,3	-0,1	6,41*
9	H5-109	-1,05**	-29,0	10,3**	1,7**	1,5**	44,79**
10	H5-114	-0,92**	32,3	10,6**	1,1**	0,4	29,59**
11	H5-129	-0,90**	97,5**	10,6**	1,3**	-0,1	29,33**
12	H5-191	-0,63**	98,7**	11,5**	1,5**	0,7	30,18**
13	H5-202	-0,79**	92,7**	9,6**	2,0**	1,6**	39,59**
14	H5-216	-1,23**	47,5	7,5**	1,2**	0,9*	34,48**
15	H5-237	-0,90**	83,4**	7,6**	1,3**	1,7**	30,29**
16	H5-238	-0,53**	19,4	9,1**	1,6**	0,6	23,52**
17	H5-250	-0,30*	61,3*	4,3**	0,9**	0,9*	8,58**
18	H5-255	-0,45**	47,9	0,20	-0,4*	0,8	6,11*
19	H5-261	-0,70**	-48,1	9,6**	2,3**	-0,3	39,93**
20	H5-284	-0,65**	5,61	9,7**	2,5**	-0,4	41,70**
21	H5-349	-0,90**	18,5	8,3**	1,9**	0,8	35,99**
22	H5-396	-0,50**	39,5	11,4**	3,1**	0,9*	59,93**
23	H5-416	-0,14	31,2	4,2**	1,0**	0,3	7,08**
24	H5-467	-0,76**	70,3**	6,7**	1,1**	-0,2	16,81**
25	H5-493	-0,98**	62,9*	6,2**	1,4**	0,9*	27,56**
26	H5-544	-0,39**	-0,31	4,5**	1,3**	1,0*	14,76**
27	H5-621	-0,97**	-9,05	9,8**	1,9**	-0,8	35,83**
28	H5-729	-0,47**	-25,9	8,9**	2,2**	-0,1	32,32**
29	H5-802	-1,13**	-26,0	8,5**	2,0**	-0,8	40,25**
30	H5-804	-0,35**	11,6	6,5**	1,1**	0,8	12,87**
31	H5-876	-0,64**	-15,9	8,1**	1,1**	0,8	20,22**
32	H5-977	-0,58**	1,28	5,4**	0,8**	0,1	9,90**
P2 – C-1041		4,95	217,0	18,1	6,8	47,4	
Wartości krytyczne — <i>Critical values</i>						F _{0,05}	3,91
						F _{0,01}	6,81

* — Istotność na poziomie P = 0,05 — *Significance at P = 0.05*

** — Istotność na poziomie P = 0,01 — *Significance at P = 0.01*

Tabela 6

Ocena i wyniki testowania porównań między liniami DH rzepaku ozimego a formą ojcowską P2 – C-1041 dla pięciu kwasów tłuszczowych — *Estimation and results of comparison testing between winter oilseed rape DH lines and paternal form P2 – C-1041 for fatty acids content*

Lp.	Kontrast w stosunku do P2 <i>Contrast as compared with P2</i>	Ocena kontrastu dla kwasów <i>Estimate of contrast for acids</i>					Wartość stat. F dla 5 cech łącznie <i>F- stat. value for 5 traits jointly</i>
		C _{16:0}	C _{18:0}	C _{18:1}	C _{18:2}	C _{18:3}	
1	H5-8	-0,05	-0,07	2,32*	-1,22	-0,03	1,54
2	H5-30	-0,13	0,02	3,88**	-2,50*	0,28	4,13**
3	H5-43	-0,32	-0,23	3,27**	-2,10*	0,58	4,40**
4	H5-71	0,0	-0,22	0,80	-0,88	1,38**	2,59*
5	H5-77	0,17	-0,32	0,58	-0,08	2,25**	5,69**
6	H5-79	-0,02	0,10	0,43	-0,32	1,32**	1,48
7	H5-85	-0,02	0,07	2,48**	-1,83	0,90	2,68*
8	H5-105	0,10	-0,08	1,97*	-1,22	0,65	2,15
9	H5-109	0,08	-0,13	3,60**	-2,95**	0,77	6,21**
10	H5-114	-0,05	-0,23	1,78	-0,87	0,80	2,25
11	H5-129	-0,37*	0,13	5,63**	-3,02**	-0,55	7,09**
12	H5-191	0,05	0,0	2,62**	-2,28*	-0,08	2,50*
13	H5-202	-0,10	0,05	2,10*	-1,93	1,13*	2,64*
14	H5-216	0,25	-0,05	-0,23	-0,67	1,97**	3,97**
15	H5-237	-0,08	0,03	2,35*	-1,43	0,55	1,90
16	H5-238	0,03	0,03	2,30*	-1,80	0,63	2,26*
17	H5-250	-0,12	-0,18	2,08*	-1,52	0,90	2,70*
18	H5-255	-0,33*	-0,18	2,80**	-0,20	0,42	2,91*
19	H5-261	0,27	-0,20	-0,80	0,28	1,53**	2,63*
20	H5-284	-0,13	-0,15	1,20	-2,80**	0,95	3,31**
21	H5-349	-0,13	-0,08	2,75**	-1,43	0,62	2,57*
22	H5-396	0,08	-0,20	2,10*	-2,15*	0,47	3,13**
23	H5-416	-0,10	0,12	0,53	-0,47	0,47	0,33
24	H5-467	-0,12	-0,37*	-1,37	1,58	1,65**	3,40**
25	H5-493	-0,13	-0,17	-0,60	0,95	0,72	0,87
26	H5-544	-0,15	0,07	2,40*	-0,48	-0,23	1,29
27	H5-621	0,07	-0,03	2,63**	-1,22	-0,42	2,18
28	H5-729	0,15	-0,22	0,25	-0,83	0,90	1,69
29	H5-802	-0,33*	0,0	2,78**	-2,00*	0,78	2,91*
30	H5-804	-0,33*	-0,40*	0,28	-0,20	1,18*	3,30**
31	H5-876	0,0	-0,03	0,62	0,90	0,98*	1,15
32	H5-977	0,02	-0,63**	0,57	0,98	0,47	3,56**
P2 – C-1041		5,10	1,56	59,15	21,73	10,21	
Wartości krytyczne — <i>Critical values</i>						F _{0,05}	2,28
						F _{0,01}	3,15

* — Istotność na poziomie P = 0,05 — *Significance at P = 0.05*

** — Istotność na poziomie P = 0,01 — *Significance at P = 0.01*

Przedstawione w tabeli 2 oceny i wyniki dotyczące testowania porównań linii DH ze wzorcem dla 5 kwasów tłuszczowych oleju nasion wykazują mniejsze ich zróżnicowanie. Wartości statystyki F dla 5 kwasów tłuszczowych łącznie okazały się istotne na poziomie $P = 0,05$ lub $P = 0,01$ tylko dla ośmiu linii spośród których linia DH H5-129 wyróżniała się istotnie większą zawartością kwasu oleinowego. Cztery linie miały wyższą zawartość kwasu linolowego oraz 6 linii DH charakteryzowało się wyższą zawartością kwasu linolenowego (tab. 2).

Oprócz przeprowadzonych porównań linii DH z odmianą wzorcową Kana dokonano oceny tych linii w stosunku do form rodzicielskich DH O-120 (forma mateczna; tab. 3, 4) i DH C-1041 (forma ojcowiska; tab. 5, 6), wyznaczając dla każdej z nich efekty transgresji poprzez porównanie z lepszą formą rodzicielską pod względem danej cechy. Należy zaznaczyć iż linie rodzicielskie zostały dobrane w taki sposób, że forma mateczna DH O-120 charakteryzowała się długą łuszczyzną, dużą liczbą nasion w łuszczyźnie, stosunkowo wysokim plonem i zawartością tłuszczu w oleju nasion, natomiast forma ojcowiska odznaczała się wysoką masą 1000 nasion.

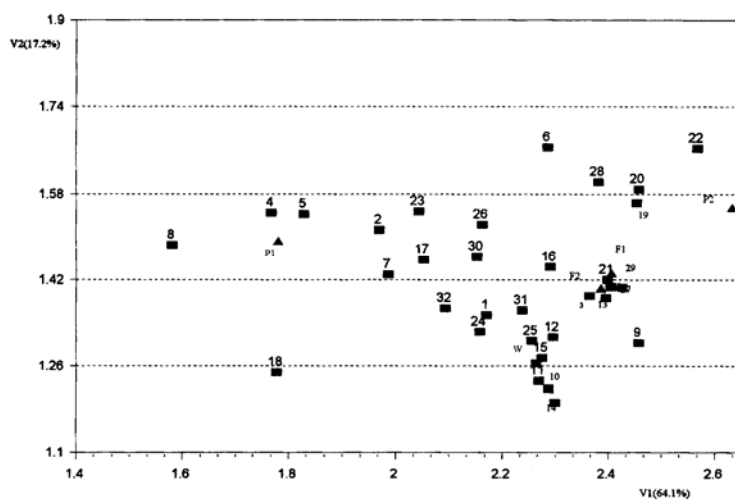
W wyniku przeprowadzonych porównań między liniami DH a formami rodzicielskimi stwierdzono, że istotny dodatni efekt transgresji wykazały jedynie nieliczne linie podwojonych haploidów. I tak linia DH H5-105 przewyższała istotnie (o 55,7 g) formę rodzicielską DH O-120 pod względem plonu z poletka, a linie DH: H5-71, H5-109, H5-202, H5-237 przewyższały tę formę zawartością tłuszczu średnio o 1% (tab. 3). Spośród pozostałych linii podwojonych haploidów można wyróżnić te, które uzyskały wartości cech na poziomie lepszych form rodzicielskich. Najwięcej linii DH wykazywało tę tendencję dla zawartości tłuszczu (22 linie DH), plonu z poletka (23 linie DH) i masy 1000 nasion (9 linii DH). W przypadku liczby nasion w łuszczyźnie wystąpiło tylko pięć takich podwojonych haploidów, a pod względem długości łuszczyzny jedna linia DH H5-396, która nie odbiegała od formy rodzicielskiej DH O-120. Żadna też z badanych linii nie przewyższała istotnie formy ojcowiskowej DH C-1041 pod względem masy 1000 nasion (tab. 3 i 5).

Trzydzieści linii DH różniło się istotnie od formy matecznej DH O-120 pod względem procentowej zawartości pięciu kwasów tłuszczowych oleju. Na szczególną uwagę zasługuje linia DH H5-129, która charakteryzowała się najwyższą zawartością kwasu oleinowego ze wszystkich badanych form. Przewyższała ona również odmianę wzorcową Kana (tab. 2). Cztery linie DH: H5-77, H5-216, H5-261 i H5-467, wyróżniały się istotnie wyższą zawartością kwasu linolenowego. Linia DH H5-467 posiadała również wysoką zawartość kwasu linolowego przy znacznym obniżeniu kwasu oleinowego w porównaniu do formy rodzicielskiej DH O-120 (tab. 4). Istotnie wyższą zawartość kwasu linolowego obserwowano także u podwojonych haploidów: H5-493, H5-876 i H5-977. Porównanie linii DH z formą ojcowiskową C-1041 dla pięciu kwasów tłuszczowych łącznie wykazało,

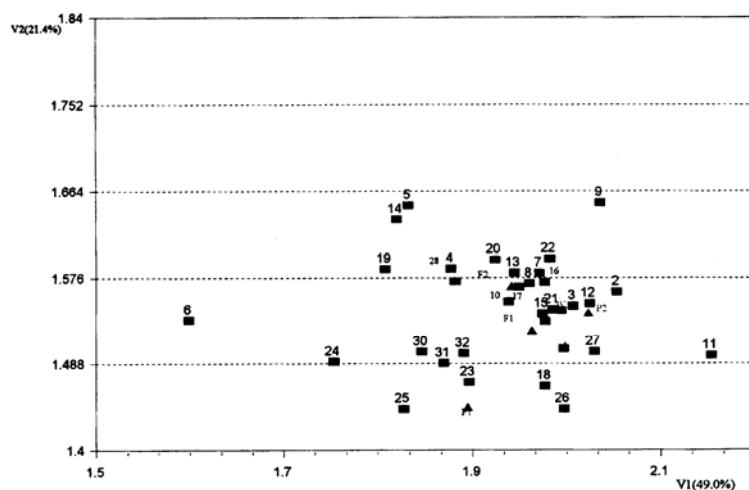
że 11 linii DH było podobnych do tej formy, 18 linii DH posiadało większą zawartość kwasu oleinowego, a 9 podwojonych haploidów charakteryzowało się wyższą zawartością kwasu linolenowego (tab. 6).

W celu znalezienia graficznego obrazu rozmieszczenia linii DH na płaszczyźnie, ze względu na badane cechy, przeprowadzono analizy zmiennych kanonicznych (Adamski i in. 1994). Przekształcenie przestrzeni pięciowymiarowej (zdefiniowanej przez cechy plonotwórcze, plon z poletka i zawartość tłuszczu) do przestrzeni dwuwymiarowej (zdefiniowanej przez dwie pierwsze zmienne kanoniczne) zostało przeprowadzone ze stratą informacji wynoszącą 18,7% całkowitej zmienności między genotypami (rys. 1). Natomiast zredukowanie pięciowymiarowej przestrzeni zdefiniowanej przez 5 kwasów tłuszczowych do płaszczyzny zostało dokonane ze stratą 29,6% informacji (rys. 2). Graficzne obrazy rozmieszczenia linii podwojonych haploidów rzepaku ozimego uzyskanych z doświadczeń w dwu środowiskach dają pogląd zarówno o ich zróżnicowaniu, jak i relacji do form rodzicielskich i odmiany Kana. Rysunki należy interpretować w następujący sposób: im bliższa odległość między punktami reprezentującymi genotypy (linie DH, formy rodzicielskie, mieszańce, odmiana wzorcowa), tym większe podobieństwo tych genotypów pod względem zespołu wszystkich obserwowanych cech. W przypadku cech plonotwórczych i zawartości tłuszczu (rys. 1) zwraca uwagę krańcowe usytuowanie form rodzicielskich P1 i P2 oraz linii nr 18. Wyróżnić też można linie DH (1, 10, 11, 12, 14, 15, 24, 25, 31, 32) charakteryzujące się dużym podobieństwem pod względem wymienionych wyżej cech do odmiany wzorcowej Kana.

Obraz rozmieszczenia linii DH, odmiany wzorcowej form rodzicielskich i mieszańców dokonany ze względu na zawartość kwasów tłuszczowych (rys. 2) jest w znacznym stopniu odmienny. Formy rodzicielskie są mniej zróżnicowane, a odmiana wzorcowa oraz mieszańce F_1 i F_2 zajmują centralną pozycję pośród badanych linii DH.



Rys. 1. Rozmieszczenie linii DH, form rodzicielskich i ich mieszańców oraz odmiany wzorcowej Kana w układzie pierwszych dwóch zmiennych kanonicznych V_1 i V_2 wyznaczonych ze względu na cechy struktury plonu i zawartość tłuszczu — *Plotting of DH lines, parental forms, hybrids F_1 , F_2 and control variety Kana in the pattern of primary two variables canonical V_1 and V_2 ranged out in respect for traits of seed yield components and oil content*



Rys. 2. Rozmieszczenie linii DH, form rodzicielskich i ich mieszańców oraz odmiany wzorcowej Kana w układzie pierwszych dwóch zmiennych kanonicznych V_1 i V_2 wyznaczonych ze względu na zawartość pięciu kwasów tłuszczowych — *Plotting of DH lines, parental forms, hybrids F_1 , F_2 and control variety Kana in the pattern of primary two variables canonical V_1 and V_2 ranged out in respect for fatty acids content.*

Wnioski

1. W wyniku prowadzonych badań możliwe było wyróżnienie następujących podwojonych haploidów charakteryzujących się wartościami analizowanych cech lepszymi od odmiany rzepaku ozimego Kana:
 - linii DH H5-43, przewyższającej odmianę wzorcową pod względem masy 1000 nasion oraz liczby zawiązanych nasion w łuszczyńce i długości łuszczyńcy,
 - linii DH H5-191 z wyższą masą 1000 nasion i liczbą zawiązanych nasion w łuszczyńce
 - linii DH H5-202 charakteryzującej się większą liczbą nasion w łuszczyńce i długością łuszczyńcy,
 - linii DH H5-8 o wyższej masie 1000 nasion.

Wszystkie wymienione wyżej linie pod względem pozostałych cech utrzymywały się na poziomie wzorca. Ponadto na poziomie odmiany Kana utrzymywały się również linie DH: H5-237 i H5-493.
2. Stwierdzono, że pod względem zawartości nienasyconych kwasów tłuszczowych następujące podwojone haploidy przewyższały istotnie odmianę wzorcową Kana:
 - linia DH H5-129 — pod względem zawartości kwasu oleinowego,
 - linie DH: H5-463, H5-497, H5-876 i H5-977 — pod względem kwasu linolowego
 - linie DH: H5-71, H5-77, H5-79, H5-216, H5-261 i H5-467 — pod względem kwasu linolenowego.
3. Dodatni efekt transgresji dla plonu stwierdzono u linii DH H5-105.

Conclusions

1. It is possible to distinguish several doubled haploid lines with analyzed traits better than winter oilseed rape cultivar Kana:
 - DH H5-43 higher in 1000 seeds weight, number of seeds per pod and pod length
 - DH H5-191 higher in 1000 seeds weight and number of seeds per pod
 - DH H5-202 higher in number of seeds per pod and pod length
 - DH H5-8 higher in 1000 seeds weight.

All these DH lines in regard to other studied traits were on the level of cultivar Kana. Moreover DH H5-237 and DH H5-493 in studied traits were on the level of cultivar Kana.

2. In respect to the amount of unsaturated fatty acids the following DH lines were better than cultivar Kana:
 - in oleic acid — H5-129
 - in linoleic acid — H5-463, H5-497, H5-876, H5-977
 - in linolenic acid — H5-71, H5-77, H5-79, H5-216, H5-261, H5-467
3. The effect of positive transgression for seed yield was observed in line DH H5-105.

Literatura

- Adamski T., Devaux P., Kaczmarek Z., Surma M. 1994. Multivariate statistical analysis to assess *Hordeum mulbosum* – mediated haploid production efficiency in barley. W: Biometrical in Plant Breeding; Applications of molecular markers (van Ooijen JW., Jansen J.) CPRO-DLO, Wageningen: 213-215.
- Caliński T., Dyczkowski A., Kaczmarek Z. 1976. Testowanie hipotez w wielozmiennej analizie wariancji i kowariancji. Algorytmy biometryczne i statystyczne z. 5: 77-113.
- Cegielska-Taras T., Szała L. 1997. Regeneracja roślin z mikrosporowych zarodków rzepaku ozimego (*Brassica napus* L). Rośliny Oleiste XVIII: 21-30.
- Ceranka B., Chudzik H., Czajka S., Kaczmarek Z. 1976. Wielozmienna analiza wariancji dla klasyfikacji pojedynczej. Algorytmy biometryczne i statystyczne z. 5: 3-21.
- Szała L., Adamska E., Cegielska-Taras T. 2000. Analiza zmienności wybranych cech struktury plonu linii DH rzepaku ozimego. Rośliny Oleiste XXI (2): 607-614.

Podziękowanie

Autorzy dziękują prof. dr hab. Zygmunta Kaczmarkowi za udzieloną pomoc w obliczeniach statystycznych.