

## ZNACZENIE KORELACJI W HODOWLI ROŚLIN

*Stanisław Węgrzyn*

Zakład Roślin Zbożowych IHAR w Krakowie

W praktyce hodowlanej znane jest zjawisko polegające na tym, że przy zmianie jednej cechy zmienia się równocześnie drugą lub kilka innych cech. Obserwowany związek pomiędzy dwoma dowolnymi cechami nosi nazwę korelacji fenotypowej, która może wynikać z przyczyn genetycznych i środowiskowych. Ponieważ korelacja fenotypowa nie stanowi pewnego kryterium w odniesieniu do możliwości lub niemożliwości równoczesnego poprawienia dwóch lub więcej cech na skutek prowadzonej selekcji, dlatego też istotne jest stwierdzenie, czy współzależność ta uwarunkowana jest genetycznie, czy też może być przypisana wpływom środowiska. Korelacje genetyczne wynikają z plejotropowego działania genów i ze sprzężeń pomiędzy blokami genów warunkujących dane cechy. Wielkość korelacji wynikającej z plejotropii odzwierciedla stopień wpływu tych samych genów na dwie cechy. Przy czym niektóre geny mogą wpływać na wzrost wartości obydwu cech, podczas gdy inne geny wpływają na wzrost wartości jednej cechy, zaś na zmniejszenie drugiej cechy. Pierwsze powodują ujawnienie się korelacji dodatnich, drugie zaś korelacji ujemnych.

Oprócz korelacji genetycznych mamy do czynienia również z korelacjami środowiskowymi, które wynikają nie tylko z przyczyn środowiskowych, ale również z nieaddytywnych form działania genów, czyli domi-

nacji i tej części epistazy, która uwarunkowana jest heterozygotycznym stanem loci genów.

Jeśli korelacja środowiskowa pomiędzy dwiema cechami będzie mała, wówczas korelacja genetyczna będzie bliska korelacji fenotypowej. Korelacja genetyczna i korelacja środowiskowa mogą nawzajem przeciwdziałać i może się zdarzyć, że korelacja fenotypowa będzie bliska zeru, czyli cechy będą pozornie nie skorelowane.

Cel hodowlany może zakładać wzrost obydwóch cech. W tym przypadku dodatnie korelacje genetyczne między tymi cechami będą pożądate, zaś korelacje ujemne będą utrudniać realizację zamierzonego celu. Może się jednak zdarzyć, że chcemy poprawić wartość tylko jednej cechy, natomiast obniżyć wartość drugiej. W tym przypadku ujemna korelacja genetyczna pomiędzy tymi cechami będzie ułatwiać realizację celu, zaś dodatnia korelacja będzie utrudniać.

Korelacje genetyczne i środowiskowe mogą być zupełnie różne pod względem wielkości i znaków. Jeśli obydwie korelacje mają znaki różne to wskazuje, że efekty genetyczne i środowiskowe są uwarunkowane różnymi mechanizmami fizjologicznymi. Wyższa korelacja fenotypowa od genetycznej wskazywać będzie na podobne oddziaływanie czynników środowiskowych lub nieaddytywnych form działania genów na obydwie cechy.

Zależność pomiędzy trzema rodzajami korelacji, a mianowicie: fenotypową, genetyczną i środowiskową podał Falconer za pomocą następującego wzoru:

$$r_p = h_x h_y r_A + (1 - h_x^2) (1 - h_y^2) r_E$$

gdzie:

$r_p$  oznacza współczynnik korelacji fenotypowej,

$r_A$  jest współczynnikiem korelacji genetycznej pomiędzy cechami X i Y.

$r_E$  - jest współczynnikiem korelacji środowiskowej,

$h_x^2$  i  $h_y^2$  są współczynnikami odziedziczalności odpowiednio dla cech X i Y.

Z wzoru widać wyraźnie, w jaki sposób przyczyny genetyczne i środowiskowe łączą się, aby dać korelację fenotypową.

W przypadku niższych współczynników odziedziczalności obydwóch cech, lub nawet jednej z nich, cała korelacja fenotypowa uwarunkowana będzie przez korelację środowiskową. Jeśli natomiast współczynniki odziedziczalności obydwóch cech będą wysokie, wówczas korelacja fenotypowa będzie uwarunkowana przede wszystkim korelacją genetyczną. W tym przypadku powinna wystąpić duża zgodność pomiędzy wielkościami współczynników korelacji fenotypowej i genetycznej.

Współczynniki korelacji między cechami można wyznaczać, podobnie jak współczynniki odziedziczalności różnymi metodami. Podstawowymi metodami służącymi do wyznaczania korelacji genetycznej są analiza kowariancji potomstwa i rodziców oraz analiza kowariancji w obrębie grup potomstwa spokrewnionego lub niespokrewnionego.

Znajomość korelacji między cechami ma olbrzymie znaczenie dla hodowli roślin. Ułatwia ona nie tylko dobór komponentów do krzyżowania w aspekcie szans uzyskania korzystnych rekombinantów, lecz także stanowi podstawę do wyboru odpowiedniej metody selekcji i wielkości selekcjonowanej populacji. Jeśli pomiędzy dwoma komponentami rodzicielskimi istnieją różnice w interesujących nas cechach to musimy poznać jaki związek zachodzi między tymi cechami. Jeśli np. forma wysoka odznacza się dużą masą 1000 ziarn, zaś forma niska małą, wówczas interesuje nas jaki charakter ma związek genetyczny między tymi cechami i, czy w konsekwencji zabiegów hodowlanych istnieje możliwość uzyskania form niskich o dużej masie 1000 ziarn.

Jeśli dokonamy pomiarów biometrycznych interesujących nas cech potomstwa  $F_2$  i obliczymy współczynnik korelacji genetycznej pomiędzy nimi, to wielkość tego współczynnika wskazywać będzie na możliwość połączenia tych cech w potomstwie. Bardzo często spotyka się niewłaściwą interpretację współczynnika korelacji. Wysoki współczynnik korelacji będzie wskazywał na plejotropowe działanie genów, lub sprzężenia genów warunkujących badane cechy. A więc korelacja taka będzie niepomyślna dla osiągnięcia zamierzonego celu. Odwrotnie, mały współczynnik korelacji będzie wskazywał na brak genetycznej zależności pomiędzy tymi cechami, a równocześnie będzie wskazywał na możliwość ich połączenia w potomstwie. Znając więc wartość korelacji genetycznej pomiędzy dwoma cechami można już w pokoleniu  $F_2$  ocenić szanse korzystnego połączenia cech rodziców w potomstwie.

Duże znaczenie mają korelacje między cechami również w samym procesie selekcji. Jeśli cecha poprawiana, nazwijmy ją  $Y$ , ma mały stopień odziedziczalności, wówczas niewskazane jest w określonych warunkach prowadzenie selekcji bezpośrednio na tę cechę, należy wówczas wyszukać podrzędną cechę, nazwijmy ją  $X$ , która znajduje się w ścisłym związku z cechą  $Y$ , ale równocześnie ma wysoki współczynnik odziedziczalności. Prowadząc więc selekcję na cechę  $X$  możemy osiągnąć postęp w cesze  $Y$  poprzez reakcję skorelowaną. Selekcję taką nazywamy selekcją pośrednią, gdyż selekcje prowadzi się na inną cechę niż ta, którą chcemy ulepszyć. Interesuje nas zatem w jakich okolicznościach selekcja pośrednia będzie skuteczniejsza od selekcji bezpośredniej. Względna wartość selekcji pośredniej w stosunku do selekcji bezpośredniej można wyrazić wzorem:

$$r_A = \frac{i_Y \cdot h_Y^2}{i_X \cdot h_X^2}$$

gdzie:

$r_A$  jest współczynnikiem korelacji genetycznej pomiędzy cechami X i Y,

i jest współczynnikiem intensywności selekcji dla cech X i Y,

$h_x^2$  i  $h_y^2$  są współczynnikami odziedziczalności cech X i Y.

Ze wzoru tego wynika, że skorelowana reakcja na selekcję pośrednią przy tej samej intensywności selekcji, jest większa od reakcji bezpośredniej, gdyż  $r_A h_x < h_x$ . Jeśli więc korelacja genetyczna,  $r_A$ , pomiędzy tymi dwiema cechami będzie bardzo mała, wówczas selekcja pośrednia nie może dać lepszych wyników od selekcji bezpośredniej.

W hodowli roślin bardzo często nie można prowadzić równocześnie selekcji na większą liczbę cech. Prowadząc selekcję na jedne cechy możemy powodować zmiany w cechach nie objętych selekcją, jeśli te ostatnie pozostają w korelacji z cechami selekcjonowanymi. Interesuje nas w tym przypadku jaka będzie zmiana w skorelowanej cesze Y (niepodlegającej selekcji), jeśli prowadzić będziemy selekcję na cechę X. Reakcja skorelowanej cechy Y będzie wprost proporcjonalna, jak wykazał Falconer, do współczynnika intensywności selekcji, współczynników odziedziczalności obydwóch cech, wielkości współczynnika korelacji genetycznej pomiędzy tymi cechami oraz od fenotypowego odchylenia standardowego cechy Y. Zależność tę można ująć wzorem:

$$R_Y = i \cdot h_x \cdot h_y \cdot r_A \cdot \sigma_{PY}$$

Okazuje się więc, że można przewidzieć zmiany cechy nieselekcjonowanej Y, jeśli będziemy znać wielkość korelacji cechy Y z cechą selekcjonowaną X i współczynniki odziedziczalności obydwóch cech.

Wiele cennych informacji z punktu widzenia hodowlanego o zależ-

nościach między cechami można uzyskać za pomocą analizy współczynników ścieżkowych zarówno dla korelacji fenotypowych jak i genetycznych. Analiza ta polega na wyodrębnieniu wpływów bezpośrednich i pośrednich. Zagadnienie polega na tym, że zwykle jedną z cech uważamy za skutek (cecha główna), a pozostałe cechy - za przyczyny. Weźmy na przykład plon ziarna z kłosa, który uważać będziemy za cechę główną, oraz liczbę ziarn w kłosie i masę jednego ziarniaka za przyczyny. W analizie przyczynowo-skutkowej (ścieżkowej) korelacja pomiędzy plonem ziarna z kłosa a liczbą ziarn z kłosa jest sumą efektu działania bezpośredniego liczby ziarn w kłosie i efektu pośredniego masy 1000 ziarn.

Analiza ścieżkowa wykazała, że wpływ bezpośredni liczby ziarniaków w kłosie na plon ziarna z kłosa jest o wiele większy niż wynikałoby to z wielkości współczynnika korelacji pomiędzy tymi cechami. Korelacja ta bowiem obniżana jest przez wpływ pośredni masy 1000 ziarn, gdyż cecha ta skorelowana jest ujemnie z liczbą ziarn w kłosie. Wiele przykładów wskazuje, że porównywanie wielkości poszczególnych współczynników korelacji nic nie mówi o znaczeniu poszczególnych cech w selekcji. Dopiero analiza przyczynowo-skutkowa może dostarczyć wiele cennych informacji o sposobach dziedziczenia się cech i wyborze metod selekcji.

Станислав Венгжин

## ЗНАЧЕНИЕ КОРРЕЛЯЦИИ В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ

### Р е з ю м е

В статье рассматриваются проблемы, какие могут возникать в ходе селекции в связи с корреляцией между признаками. Особое внимание уделялось генетическим корреляциям, которые могут возникать вследствие сопряжения или плейотропного действия генов. Обсуждаются также фенотипные и средовые корреля-

ции и их взаимосвязи. Сверх того представлен генетический прогресс достигнутый в селекции корреляционных признаков. Рассматриваются также связи между признаками с точки зрения анализа тропинок.

*Stanisław Węgrzyn*

#### IMPORTANCE OF CORRELATION IN PLANT BREEDING

##### S u m m a r y

Problems which can arise in the breeding process course due to correlation between features are presented in the paper. A particular attention is paid to genetic correlations, which can follow from linkage or pleiotropic action of genes. Also phenotypic and environmental correlations and their mutual relationships are discussed. Moreover, the genetic progress reached in the selection of correlated features is presented. Also connections between particular features from the pathway analysis point of view are discussed.