

AGNIESZKA DOBRZYCKA¹
JOANNA WOLKO¹
JAN BOCIANOWSKI²
IWONA BARTKOWIAK-BRODA¹

¹ Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, Oddział w Poznaniu

² Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu, Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych
e-mail: a.m.dobrzycka@gmail.com

Analiza wielowymiarowa linii DH, mieszańców pojedynczych i trójliniowych rzepaku ozimego (*Brassica napus* L.) pod względem wybranych cech

Ze względu na duży popyt i wszechstronne zastosowanie nasion rzepaku, będących źródłem oleju wykorzystywanego na cele spożywcze i przemysłowe oraz białka paszowego, zapotrzebowanie na nasiona tej rośliny ciągle rośnie. Programy hodowlane skupiają się głównie na wytwarzaniu odmian o wysokim plonie nasion. Jednym ze sposobów na zwiększenie plonu jest hodowla odmian mieszańcowych. Dobór genotypów rodzicielskich o korzystnych wartościach wielu cech oraz ocenę ich zróżnicowania ułatwia charakterystyka wielocechowa. Wykorzystuje się w tym celu statystyczne metody wielowymiarowe, np. analiza składowych głównych, czy analiza zmiennych kanonicznych, które pozwalają na uproszczenie wielocechowych porównań obiektowych.

Celem pracy była wielowymiarowa charakterystyka zmienności ośmiu cech mieszańców pojedynczych, trójliniowych oraz form rodzicielskich tych mieszańców za pomocą metody analizy zmiennych kanonicznych opartej na modelu wielowymiarowej analizy wariancji dla obserwowanych cech. Materiał roślinny, na którym prowadzono badania obejmuje 182 obiekty: 60 linii DH, 60 mieszańców pojedynczych F₁ (CMS×DH), 60 mieszańców trójliniowych (CMS/DH×Rfo), oraz 2 linie rodzicielskie użyte do otrzymania tych mieszańców (linia męskosterylna CMS *ogura* i linia z genem restorerem Rfo). Doświadczenia polowe prowadzono przez dwa sezony wegetacyjne w układzie bloków losowanych w trzech powtórzeniach. Badany materiał został scharakteryzowany fenotypowo pod względem cech takich jak: wczesność i długość kwitnienia, wysokość roślin, liczba rozgałęzień na roślinie, liczba łuszczyń na roślinie, długość łuszczyń, liczba nasion w łuszczyńce, masa tysiąca nasion.

Na podstawie ocenionych cech fenotypowych wyliczono zmienne kanoniczne oraz wyznaczono odległości Mahalanobisa dla badanych obiektów. Dwie pierwsze zmienne kanoniczne wyjaśniają w sumie 50,38% ogólnej zmienności ($V1 = 33,92\%$ i $V2 = 16,46\%$). W układzie tych zmiennych najbardziej zróżnicowane były linie DH, chociaż większość z nich znajdowała się na wykresie po lewej stronie osi $V2$. Mieszzańce $CMS \times DH$ umiejscowiły się w centrum układu, natomiast mieszańce $CMS/DH \times Rfo$ — po prawej stronie osi $V2$. Na prezentowanym posterze przedstawione zostaną także minimalne i maksymalne wartości dystansu fenotypowego dla wszystkich badanych genotypów ($min = 0,479$; $max = 7,791$), także z uwzględnieniem podziału na wartości obserwowane w obrębie poszczególnych grup obiektów oraz pomiędzy tymi grupami. Stwierdzono większe zróżnicowanie badanych obiektów pomiędzy grupami niż wewnątrz nich.