

TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI ¹

ANNA CIEPLICKA ²

DARIUSZ R. MAŃKOWSKI ¹

¹ Pracownia Ekonomiki Nasiennictwa i Hodowli Roślin

Zakład Nasiennictwa i Nasionoznawstwa, Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin — Państwowy Instytut Badawczy w Radzikowie

² Hodowla Roślin Smolice Sp. z o. o. Grupa IHAR, Oddział Bąków

Jedno i wielozmienna charakterystyka rodów jęczmienia jarego (*Hordeum vulgare* L.) wyhodowanych w HR Smolice i badanych w zespołowych doświadczeniach hodowlanych w roku 2016*

One and multi-variable characterization of spring barley (*Hordeum vulgare* L.) cultivars grown in Smolice Plant Breeding and tested in field breeding experiments in 2016

Celem pracy była ocena zróżnicowania wartości cech poprzez charakterystykę badanych rodów i odmian jęczmienia jarego. Materiałem badawczym były rody jęczmienia jarego wyhodowane w Hodowli Roślin Smolice oddział Bąków. Obiekty te badane były w 2 seriach doświadczeniach zespołowych w 6 miejscowościach (Bąków, Nagradowice, Polanowice, Radzików, Smolice i Strzelce) a uzyskane wyniki polowe i laboratoryjne stanowiły podstawę do przeprowadzenia analiz statystycznych. Do analizy zróżnicowania badanych obiektów pod względem plonu, wysokości roślin, podatności na wyleganie i choroby zastosowano, dla obydwu serii, analizę wariancji w układzie hierarchiczno-krzyżowym. Na tej podstawie wyznaczono estymatory BWLUE do oceny efektów badanych odmian i rodów. W celu opracowania wielocechowej charakterystyki badanych rodów i odmian wykorzystano samoorganizującą się sieć neuronową Kohonena. Przeprowadzona jednozmienna analiza wariancji dla uzyskanych plonów w dwóch seriach doświadczeń pozwoliła na stwierdzenie, że w obydwu seriach występowały różnice w przeciętnych plonach uzyskiwanych w poszczególnych lokalizacjach. Stwierdzono również istotne zróżnicowanie przeciętnych plonów

* Praca powstała w ramach realizacji zadania 2.9 (temat nr. 3-2-00-0-09) pt.: „Analiza, weryfikacja i optymalizacja metod oceny jakościowej materiałów roślinnych” w Programie Wieloletnim IHAR-PIB, finansowanym przez Ministerstwo Rolnictwa i Rozwoju Wsi.

Ziarno jęczmienia wykorzystywane jest wszechstronnie zarówno w przemyśle browarnym, jak i paszowym. Wysoką wartość ziarna jęczmienia potwierdzają liczne badania dotyczące wartości odżywczej dla zwierząt — między innymi Anderson i in. (2008), Boros i in. (1996), Marquardt i in. (1994) oraz badania dotyczące cech ziarna jęczmienia niezbędnych do celów browarnych — Cyran i in. (2002) oraz Gołębiowski i in. (2014).

Aby producenci jęczmienia jarego mogli zapewnić produkt wysokiej jakości musi być dostępny odpowiedni materiał nasienny. Listę zalecanych do uprawy w Polsce odmian jęczmienia jarego browarnego i pastewnego przedstawiono w tabeli 1. Większość stanowią odmiany pochodzące z Polskich Firm Hodowlanych, są również nieliczne ale bardzo plenne odmiany zagraniczne (COBORU, 2016). Jest to jednak krótka lista w porównaniu do oferty bardzo licznych odmian pszenicy, pszenżyta i owsa.

Tabela 1

Jęczmień jary. Odmiany badane w Polsce w 2016 r.
Spring barley. Varieties investigated in Poland in year 2016

Lp. No.	Odmiana Variety	Rok wpisania do Krajowego Rejestru Year of registration	Kraj pochodzenia Origin
typ browarny — brewery type			
1	Olympic	2013	DE
2	RGT Planet	2016	DE
typ pastewny — fodder type			
3	Iron	2011	PL
4	Soldo	2013	DE
5	Suweren	2010	PL
6	Radek	2015	PL
7	KWS Olof	2010	DE
8	Basic	2011	PL
9	Ella	2012	PL
10	KWS Atrika	2013	DE
11	Oberek	2013	OL
12	Rubaszek	2014	PL
13	Podarek	2014	PL
14	Allianz	2016	PL
15	KAS Vermont	2016	DE
16	Paustin	2016	PL
17	Polonia Staropolska	2016	PL
18	Ringo	2016	PL

Pięć Polskich Firm Hodowlanych: Małopolska Hodowla Roślin (MHR), Poznańska Hodowla Roślin (PHR), HR Strzelce, HR DANKO oraz HR Smolice prowadzą intensywne prace hodowlane mające na celu wyhodowanie nowych plennych odmian jęczmienia jarego. Wsparcie badaniami genetycznymi (Grzywa i in., 2002; Węgrzyn i in., 2002) pozwala na przyspieszenie uzyskania nowych, plennych i odpornych na zmienne warunki środowiska rodów hodowlanych. Inne badania (Ploch i in., 2005, Gołębiowski i in., 2013) wskazują, że istotnym warunkiem postępu hodowlanego jest zróżnicowanie materiałów hodowlanych pod względem plenności i innych cech.

Prowadzone od wielu lat zespołowe doświadczenia hodowlane na etapie badań przedwstępnych i wstępnym pozwalają na wyodrębnienie najcenniejszych rodów jęczmie-

nia jarego. Wykonane na tej podstawie zestawienia wyników pozwalają hodowcom wybrać najlepsze rody jęczmienia pod względem wysokości plonu i wartości obserwowanych cech. O wyborze najlepszych rodów decyduje miejsce w rankingu plonu oraz często subiektywna ocena pozostałych cech. Brakuje spójnej metodyki oceny wartości każdego rodu uwzględniającej wszystkie cechy jako zmienne wnoszące wkład w zróżnicowanie badanych obiektów. Postęp w doświadczalnictwie umożliwi bardziej precyzyjną ocenę zróżnicowania wartości cech poprzez charakterystykę badanych rodów i odmian przeprowadzono dla każdej z analizowanych cech jako zmiennych (Mańkowski i in., 2014; Wójcik i Laudański, 1989; Laudański, 1996).

Celem niniejszej pracy była próba oceny zmienności oznaczanych cech rodów jęczmienia jarego wyhodowanych w HR Smolice na tle pozostałych rodów badanych w roku 2016 w zespołowych doświadczeniach hodowlanych. Cel ten osiągnięto przy wykorzystaniu nowoczesnych narzędzi statystycznych i matematycznych (tzw. data-mining). Następnie wyodrębniono najwartościowsze rody do dalszych etapów hodowlanych.

MATERIAŁ I METODY

Materiał badawczy stanowiły wyniki wstępnych doświadczeń hodowlanych przeprowadzonych w 2016 roku w 6 miejscowościach: Bąków — BKH (woj. opolskie), Nagradowice — NAD (woj. wielkopolskie), Polanowie — POB (woj. małopolskie), Strzelce STH — (woj. wielkopolskie) Modzurów — MOB (woj. śląskie), Radzików — RAH (woj. mazowieckie) (Śmiałowski i in., 2016). W badaniach analizowano 120 rodów jęczmienia jarego oraz 3 odmiany wzorcowe: RGT Planet, Soldo, Radek. Grupę badanych obiektów podzielono na 2 serie po 63 obiekty (tab. 2).

Tabela 2

Pochodzenie badanych rodów i odmian Origin of the studied lines and cultivars

Kod seria A Series A codes	Kod seria B Series B codes	Hodowla Breeder
ROD 101 – ROD 110	ROD 201 – ROD 210	Poznańska Hodowla Roślin
ROD 111 – ROD 120	ROD 211 – ROD 220	Małopolska Hodowla Roślin
BKH 101 – BKH 110	BKH 201 – BKH 210	Hodowla Roślin Smolice, Oddział Zamiejscowy Bąków
ROD 121 – ROD 130	ROD 221 – ROD 230	Instytut Hodowli i Aklimatyzacji Roślin Radzików, Zakład Doświadczalny
ROD 131 – ROD 140	ROD 231 – ROD 240	Hodowla Roślin Strzelce
ROD 141 – ROD 150	ROD 241 – ROD 250	Danko Hodowla Roślin
	RGT Planet	RAGT Semences
	Soldo	Saaten-Union
	Radek	Hodowla Roślin Strzelce

Do doświadczeń zespołowych rody BKH 101, BKH 102, BKH 103, BKH 104, BKH 105, BKH 106, BKH 107, BKH 108, BKH 109 wytypowane zostały z doświadczeń międzyzakładowych (pokolenie F₆). Pozostałe obiekty BKH pochodziły z doświadczeń zakładowych (pokolenie F₅). Wybrane rody charakteryzowały się plonem przewyższa-

jącym odmiany wzorcowe (tj. Soldo, Radek) oraz wysoką odpornością na mączniaka prawdziwego, plamistość siatkową i rynchosporiozę.

Doświadczenia polowe prowadzone były w każdej miejscowości w układzie bloków niekompletnych, zbalansowanych na poletkach o powierzchni 10 m² w 2 lub 3 blokach, stosując siew mechaniczny, przy normie wysiewu 300 ziaren na 1 m². Po wschodach oceniano stan roślin. W trakcie badań monitorowano przebieg warunków meteorologicznych w okresie wiosenno-letnim. Zbiór ziarna wykonywano mechanicznie kombajnem poletkowym. Plon po zważeniu (w kg na poletko) przeliczano na 15% suchej masy. Cechy bonitacyjne: wschody, podatność na wyleganie i choroby oceniano w skali 1°–9° (gdzie 1° — oznacza najniższą ocenę, 9° — najwyższą), natomiast cechy mierzalne: wysokość w cm, datę kłoszenia w liczbie dni od 1 maja, a masę 1000 ziaren w gramach (Śmiałowski, 2016).

W celu spełnienia założeń analizy wariancji (normalność rozkładu zmiennych zależnych) zmienne oceniane w skali bonitacyjnej 9° uśredniono w podgrupach (blokach). Tak uzyskane wartości średnie, zgodnie z Twierdzeniem Lindeberga-Lévy'ego, cechowały się rozkładem asymptotycznie zbieżnym z rozkładem normalnym.

Łączna analizę wariancji danych dla badanych zmiennych wykonano dla każdej serii doświadczeń na podstawie modelu stałego postaci (Wójcik i Laudański, 1989; Laudański, 1996; Mańkowski i in., 2014):

$$y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \chi_k(\alpha_i) + \beta_j + \gamma_{ij} + \varepsilon_{ijk},$$

gdzie y_{ijk} to obserwacja zmiennej zależnej dla i -tej lokalizacji, j -tego rodu/odmiany w k -tym bloku, μ to średnia ogólna dla zmiennej zależnej w populacji, α_i to efekt i -tego poziomu czynnika A — lokalizacji, $\chi_k(\alpha_i)$ — to efekt k -tego bloku zagnieżdżonego w i -tej lokalizacji, β_j to efekt j -tego poziomu czynnika B — rody/odmiany, γ_{ij} to efekt interakcji i -tego poziomu czynnika A i j -tego poziomu czynnika B, ε_{ijk} to błąd doświadczalny (losowy).

Powyższy model charakteryzuje układ czynnikowy kombinacji genotypy-miejscowości z serii doświadczeń określany również jako układ hierarchiczno-krzyżowy (Wójcik i Laudański, 1989; Laudański, 1996; Mańkowski i in., 2014). Wykorzystanie tego modelu pozwoliło na przeprowadzenie syntetycznej analizy serii doświadczeń w miejscowościach. Analiza ta uwzględnia efekt bloków zagnieżdżony w lokalizacjach (miejscowościach). Takie podejście sprawia, że zgodnie ze stanem faktycznym efekt bloków był uzależniony od miejscowości, w której prowadzone było pojedyncze doświadczenie.

Powyższy model można zapisać w notacji macierzowej w postaci:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\theta} + \boldsymbol{\varepsilon} = [\mathbf{N} \quad \mathbf{A} \quad \mathbf{B} \quad \mathbf{A} \otimes \mathbf{B} \quad \mathbf{C}] \begin{bmatrix} \mu \\ \boldsymbol{\alpha} \\ \boldsymbol{\beta} \\ \boldsymbol{\gamma} \\ \boldsymbol{\chi} \end{bmatrix} + \boldsymbol{\varepsilon},$$

gdzie \mathbf{y} to wektor obserwacji zmiennej zależnej, \mathbf{X} to macierz układu doświadczenia składającego się z podmacierzy \mathbf{N} , \mathbf{A} , \mathbf{B} , $\mathbf{A} \otimes \mathbf{B}$, oraz \mathbf{C} , które są macierzami

składającymi się z wektorów liniowo niezależnych reprezentujących układ doświadczenia, $\boldsymbol{\theta}$ to wektor parametrów modelu, $\boldsymbol{\mu}$ to średnia ogólna, $\boldsymbol{\alpha}$ to wektor efektów czynnika A — lokalizacji, $\boldsymbol{\beta}$ to wektor efektów czynnika B — rodów/odmian, $\boldsymbol{\gamma}$ to wektor efektów interakcyjnych, $\boldsymbol{\chi}$ to wektor efektów bloków, $\boldsymbol{\varepsilon}$ jest wektorem nieznanych odchyleń losowych (błąd doświadczalny), a $\mathbf{A} \otimes \mathbf{B}$ jest iloczynem Hadamarda-Kroneckera macierzy \mathbf{A} i \mathbf{B} , .

Zakładając, że

$$E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\boldsymbol{\theta} = \mathbf{N}\boldsymbol{\mu} + \mathbf{A}\boldsymbol{\alpha} + \mathbf{B}\boldsymbol{\beta} + (\mathbf{A} \otimes \mathbf{B})\boldsymbol{\gamma} + \mathbf{C}\boldsymbol{\chi}$$

oraz wektor odchyleń losowych spełnia warunek (zgodnie z założeniami analizy wariancji)

$$\boldsymbol{\varepsilon} \sim NID(\mathbf{0}; \sigma_e^2 \mathbf{I}_n),$$

to nakładane warunki identyfikowalności są postaci:

$$\begin{aligned} \mathbf{P}_N \mathbf{A} \boldsymbol{\alpha} = 0 \left(\sum_i n_i \alpha_i = 0 \right), \mathbf{P}_N \mathbf{B} \boldsymbol{\beta} = 0 \left(\sum_j n_j \beta_j = 0 \right), \mathbf{P}_A \mathbf{C} \boldsymbol{\chi} \\ = 0 \left(\bigwedge_i \sum_k n_{ik} \chi_{ik} = 0 \right), \\ \mathbf{P}_{(\mathbf{A}, \mathbf{B})} (\mathbf{A} \otimes \mathbf{B}) \boldsymbol{\gamma} = 0 \left(\bigwedge_j \sum_j n_{ij} \gamma_{ij} = 0 \text{ oraz } \bigwedge_i \sum_j n_{ij} \gamma_{ij} = 0 \right). \end{aligned}$$

Podprzestrzeń estymowanych parametrów $R[\mathbf{X}] = R[\mathbf{N}, \mathbf{A}, \mathbf{B}, \mathbf{A} \otimes \mathbf{B}, \mathbf{C}]$ można przedstawić jako

$$R[\mathbf{N}, (\mathbf{I}_n - \mathbf{P}_N)\mathbf{A}, (\mathbf{I}_n - \mathbf{P}_C)\mathbf{B}, (\mathbf{I}_n - \mathbf{P}_{\mathbf{B}, \mathbf{C}})(\mathbf{A} \otimes \mathbf{B}), (\mathbf{I}_n - \mathbf{P}_{\mathbf{A} \otimes \mathbf{B}})\mathbf{C}].$$

Wyznaczenie wektora $\hat{\boldsymbol{\theta}} = [\hat{\boldsymbol{\mu}}, \hat{\boldsymbol{\alpha}}, \hat{\boldsymbol{\beta}}, \hat{\boldsymbol{\gamma}}, \hat{\boldsymbol{\chi}}]$ prowadzi do wyznaczenia następujących nieobciążonych estymatorów:

$$\begin{aligned} \hat{\boldsymbol{\mu}} &= (\mathbf{N}'\mathbf{N})^{-1} \mathbf{N}'\mathbf{y} \\ \hat{\boldsymbol{\alpha}} &= \mathbf{P}_{\mathbf{A}^*}^{\mathbf{B}} \mathbf{y} \\ \hat{\boldsymbol{\beta}} &= (\mathbf{I}_n - \mathbf{P}_C) \mathbf{P}_{\mathbf{B}^*}^{\mathbf{C}} \mathbf{y} \\ \hat{\boldsymbol{\gamma}} &= (\mathbf{I}_n - \mathbf{P}_{(\mathbf{B}, \mathbf{C})}) \mathbf{P}_{(\mathbf{A} \otimes \mathbf{B})^*}^{(\mathbf{B}, \mathbf{C})} \mathbf{y} \\ \hat{\boldsymbol{\chi}} &= (\mathbf{I}_n - \mathbf{P}_{(\mathbf{A} \otimes \mathbf{B})}) \mathbf{P}_{\mathbf{C}^*}^{(\mathbf{A} \otimes \mathbf{B})} \mathbf{y}, \end{aligned}$$

które można określić mianem BWLUE — Best Weighted Linear Unbiased Estimators (Mańkowski, 2013; Mańkowski i in., 2014) czyli najlepszych ważonych liniowych estymatorów nieobciążonych dla efektów poszczególnych źródeł zmienności uwzględnionych w modelu analizy wariancji. Estymatory te są nieobciążone ze względu na liczbę przypadków (są ważne liczebnością przypadków). Jest to szczególnie ważne przy ocenie efektów czynników badanych w doświadczeniach niekompletnych o różnych liczebnościach przypadków w poszczególnych podklasach, gdy zwykłe średnie arytmetyczne są nieporównywalne. Ponadto tak wyznaczone oceny efektów dla badanych

odmian i rodów mogły być wykorzystane do charakterystyki tych rodów i odmian, gdyż nie były obciążone działaniem pozostałych efektów głównych oraz efektów interakcyjnych.

Porównanie badanych rodów i odmian przeprowadzono poprzez zestawienie (ranking) uzyskanych ocen estymatorów BWLUE. Nie wykonano natomiast porównań szczegółowych za pomocą procedur porównań wielokrotnych, gdyż przy takiej liczbie badanych obiektów (ponad 60 w każdej z serii) interpretacja uzyskanych wyników nie byłaby miarodajna. Oceny efektów dla rodów i odmian posłużyły następnie do charakterystyki wielozmiennej badanych obiektów.

Lokalizacje, w których przeprowadzono doświadczenia potraktowano w analizie jako czynnik stały, gdyż były one subiektywnie wybrane i nie stanowiły losowej reprezentacji dla szerszej populacji (np. powierzchni Polski). W związku z tym analiza była przeprowadzona wg modelu stałego analizy wariancji.

W celu opracowania wielo cechowej charakterystyki badanych rodów i odmian wykorzystano sieć neuronową Kohonena — samoorganizującą się mapę cech (Kohonen, 1982).

Samoorganizująca się mapa Kohonena — tzw. SOM pozwala na przeprowadzenie wielowymiarowej klasyfikacji obiektów ze względu na podobieństwo między wektorami wejściowymi — analizowanymi zmiennymi. Do podstawowych zalet tego rozwiązania zaliczyć można umożliwienie przedstawiania relacji nieliniowych oraz rozwiązywanie problemów, dla których nie umiemy dokładnie zdefiniować charakteru relacji między obiektami (Lasek i Myzik, 2012); wykrywanie powiązań, które zostałyby pominięte, gdyby zastosowano podejścia tradycyjne (Tadeusiewicz, 2001); SOM można zaliczyć do analiz odpornych na obserwacje odstające (Vensanto, 2000). W prowadzonych badaniach SOM wydaje się bardzo atrakcyjna ze względu na możliwość porównania badanych obiektów z obiektami wzorcowymi (wskazanie obiektów wielo cechowo podobnych do obiektów wzorcowych) poprzez wyznaczenie obszarów podobieństwa na uzyskanej mapie (tzw. obszary Woronoja) (Trajer i Świdorski, 2009; Janaszek i Trajer, 2011).

W przeprowadzonej analizie liczba neuronów tworzących mapę topologiczną określono zgodnie z zależnościami podaną przez Vensanto (2000) i wynosiła ona 56. W związku z tym mapa miała rozmiar 7×8 (7 wierszy i 8 kolumn). Do uczenia sieci wykorzystano regułę WTA (Winners Take All). Zbiór danych podzielono na uczący (100 przypadków) i testowy (22 przypadki). Uzyskane sieć cechowała się błędem uczenia na poziomie 0,030339 i błędem testowania na poziomie 0,063091. Po ustaleniu położenia na mapie SOM badanych wzorców wyznaczono wokół nich obszary Woronoja o szerokości jednego neuronu.

Obliczenia wykonano z wykorzystaniem pakietu Statistica w wersji 13.1 (Dell Inc., 2016).

OMÓWIENIE WYNIKÓW I DYSKUSJA

Przeprowadzone doświadczenia polowe z 120 rodami jęczmienia jarego wykazały silne zróżnicowanie badanych obiektów pod względem podatności na wyleganie w obu

terminach oraz chorób: porażeniem liści mączniakiem właściwym, plamistością liści, rdzą koronową kłosa i septorią liści. Niską zmiennością charakteryzowały się wczesność kłoszenia, plon ziarna z poletek, masa 1000 ziaren oraz porażenie *Rhynchosporium* (tab. 3).

Tabela 3

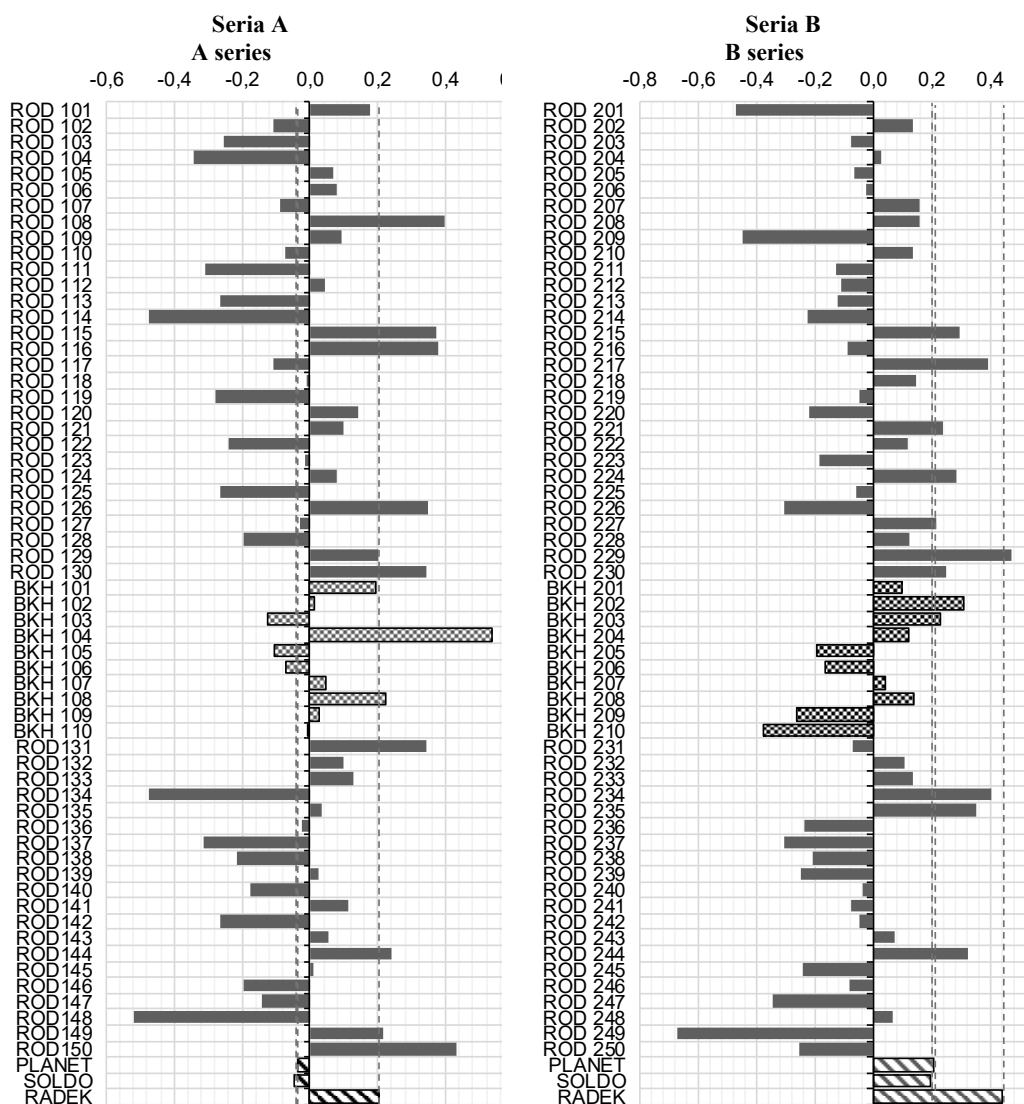
Zakresy wszystkich oznaczanych cech badanych rodów jęczmienia jarego w 2016 roku
The ranges of the all measured traits values of spring barley investigated in year 2016

Cechy Traits	Miara Scale	Średnia Mean	Maks. Max.	Min.	CV (%)
Plon ziarna Yield	dt·ha ⁻¹	68,7	74,4	61,8	3,48
Wysokość roślin Plant height	cm	77,1	85,0	67,8	4,12
Wczesność kłoszenia Heading	liczba dni od 1 maja numbers of days after the 1 st of May	155,6	158,6	152,1	0,81
Mączniak Powdery Mildew		8,8	9,0	5,8	7,69
Wyleganie 1 termin Lodging 1		7,7	9,0	4,7	13,61
Wyleganie 2 termin Lodging 2		4,7	8,8	3,0	25,23
Plamistość siatkowana liści Leaf streaked leaf	Skala 1°-9° 1°-9° scale	7,4	8,4	4,8	7,45
Rdza koronowa kłosów Rust Crown of ears		8,2	9,0	5,9	7,90
Rynchosporium Rynchosporium		9	9,0	8,4	1,38
Septoria liści Leaf septoria		8,4	8,9	5,0	9,85
Masa 1000 ziaren 1000 grain weight	g	48,7	55,6	44,7	4,37

Niska zmienność plonu z poletka, słaby rozstęp pomiędzy najwyższym a najsłabiej plonującym rodem oznacza, że hodowcy mają utrudnioną selekcję rodów jęczmienia. Dlatego o wyborze decydują wyniki pozostałych cech, odporności na choroby i wyleganie. Innym ważnym kryterium wyboru jest zachowanie się rodów w poszczególnych lokalizacjach.

Przeprowadzona jednozmienna analiza wariancji dla uzyskanych plonów w dwóch seriach doświadczeń (tab. 4) pozwoliła na stwierdzenie, że w obydwu seriach występowały różnice w przeciętnych plonach uzyskiwanych w poszczególnych lokalizacjach. Stwierdzono również istotne zróżnicowanie przeciętnych plonów dla badanych rodów i odmian. Interakcja pomiędzy rodami i odmianami oraz lokalizacjami również była istotna statystycznie.

Analizy przeprowadzone dla pozostałych badanych zmiennych (cech) (tab. 5) wykazała istotne zróżnicowanie rodów i odmian we wszystkich cechach, tj. w wysokości roślin, odporności na wyleganie, porażeniu przez mączniaka prawdziwego i plamistości liści siatkową oraz masie tysiąca ziaren. Wyznaczone wartości efektów (BWLUE) posłużyły do sporządzenia rankingów badanych rodów i odmian. Zestawienie uzyskanych ocen efektów dla obserwowanych plonów (rys. 2) pozwoliło na stwierdzenie, że ród BKH 104 (seria A) plonował znacznie wyżej niż wzorce i znacznie wyżej niż inne badane w doświadczeniu rody.



Rys. 2. Zestawienie wartości BWLUE dla plonów rodów i odmian badanych w zespołowych doświadczeniach hodowlanych z jęczmieniem jarym w roku 2016. Jednolite szare słupki oznaczają wartości efektu BWLUE dla plonów rodów pochodzących z innych hodowli niż HR Smolice, rody z HR Smolice oznaczono kratkowymi słupkami, a odmiany wzorcowe słupkami prążkowanymi. Linie przerywane oznaczają poziom efektów dla odmian wzorcowych

Fig. 2. Summary of BWLUE values for yields of lines and cultivars tested in collective breeding trials with spring barley in year 2016. Uniform gray bars indicate BWLUE values for yields from other breeders than HR Smolice, HR Smolice forms were marked with grid bars, and standard cultivars with ribbed bars. Dashed lines indicate the level of effects for standard cultivars

Tabela 4

Wyniki testu F analizy wariancji plonów jęczmienia jarego dla dwóch serii doświadczeń w układzie hierarchiczno-krzyżowym
Spring barley yields ANOVA results of two series of experiment carried out in the cross-hierarchical classification

Źródło zmienności Source of variability	Seria A — A series				Seria B — B Series			
	stopnie swobody degrees of freedom	średnie kwadraty odchyłeń mean squares	statystyka F F statistics	<i>p</i>	stopnie swobody degrees of freedom	średnie kwadraty odchyłeń mean squares	statystyka F F statistics	<i>p</i>
Lokalizacja Localization	5	576,9510	2044,3085	0,0000	5	586,7043	2739,1909	0,0000
Bloki(Lokalizacje) Blocks(Localization)	11	1,6820	5,9599	0,0000	12	3,1874	14,8813	0,0000
Rody i odmiany Lines & cultivars	62	0,9046	3,2054	0,0000	62	1,0866	5,0731	0,0000
Rody i odmiany × lokalizacja Lines & cultivars × localization	310	0,6186	2,1917	0,0000	310	0,6705	3,1306	0,0000
Błąd losowy Residual	682	0,2822			744	0,2142		

Seria A / A series $R^2 = 0,9425$; Seria B / B series $R^2 = 0,9532$

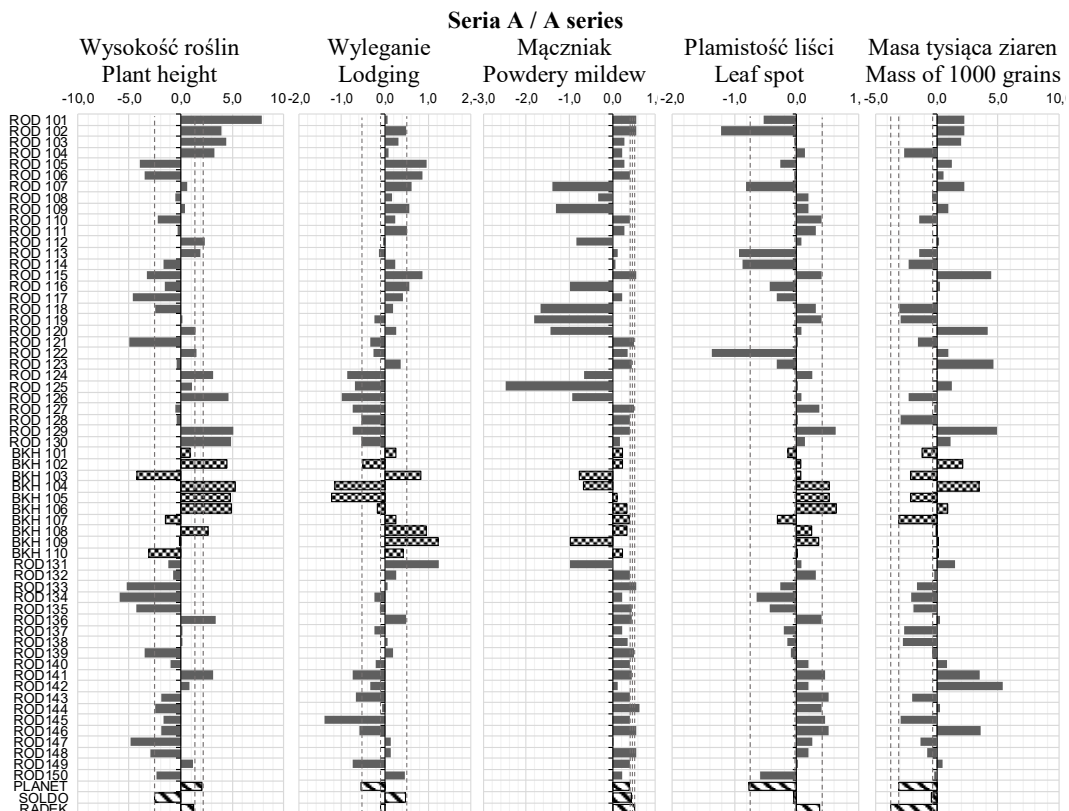
Tabela 5

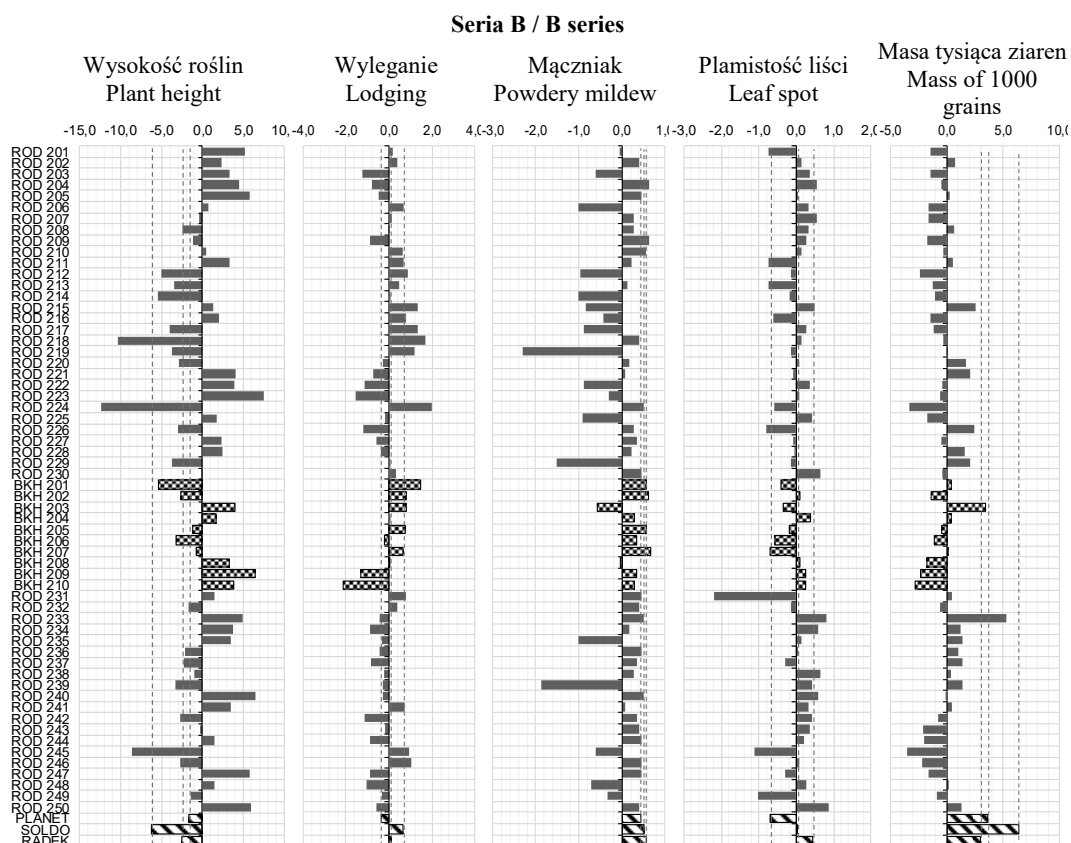
Podsumowanie analizy wariancji dla pozostałych analizowanych zmiennych
The ANOVA summary for rest of analyzed variables

Zmienna Variable	Seria A — A series				Seria B — B Series			
	stopnie swobody dla rodów i odmian degrees of freedom for lines & cultivars	średnie kwadraty odchyłeń dla rodów i odmian mean squares for lines & cultivars	statystyka F F statistics	<i>p</i>	stopnie swobody dla rodów i odmian degrees of freedom for lines & cultivars	średnie kwadraty odchyłeń dla rodów i odmian mean squares for lines & cultivars	statystyka F F statistics	<i>p</i>
Wysokość roślin Plant height	62	61,0726	3,8689	0,0000	62	101,7501	6,1701	0,0000
Wyleganie Lodging	62	1,7956	1,9527	0,0002	62	2,9648	2,3136	0,0000
Mączniak Powdery mildew	62	3,0315	5,2439	0,0000	62	2,6748	4,2225	0,0000
Plamistość liści Leaf spot	62	1,1913	2,9159	0,0000	62	1,7409	3,3315	0,0000
Masa tysiąca ziaren Mass of thousand grains	62	29,3170	5,2104	0,0000	62	17,2889	5,6235	0,0000

BKH 101 i BKH 108 (seria A) plonowały na poziomie wzorca lepiej plonującego — odmiany Radek. BKH 102, BKH 107 i BKH 109 (seria A) plonowały na poziomie niżej plonujących wzorców – odmian Planet i Soldo. Natomiast rody BKH 103, BKH 105 i BKH 106 (seria A) plonowały poniżej słabiej plonujących wzorców, jednak poziom ich plonowania znacznie przewyższał rody najniżej plonujące w doświadczeniu. W serii B

wszystkie rody HR Smolice plonowały poniżej najlepiej plonującego wzorca — odmiany Radek. BKH 202 oraz BKH 203 plonowały na poziomie nieznacznie wyższym niż wzorce niżej plonujące – odmiany Planet i Soldo. Rody BKH 201, BKH 204, BKH 205, BKH 206, BKH 207, BKH 208, BKH 209 oraz BKH 210 plonowały poniżej wzorców. Rody BKH plonowały na poziomie przeciętnym w grupie wszystkich badanych rodów w serii B. W zestawienie porównawczym dla efektów BWLUE dla pozostałych obserwowanych cech (rys. 3) w serii A rody BKH 102, BKH 104, BKH 105, BKH 106, BKH 108 były wyższe od odmian wzorcowych, natomiast niższe były rody BKH 110, BKH 103.





Rys. 3 b. Zestawienie wartości BWLUE dla wysokości roślin, wylegania, mączniaka, plamistości liści oraz masy tysiąca ziaren rodów i odmian badanych w zespołowych doświadczeniach hodowlanych z jęczmieniem jarym w roku 2016. Jednolite szare słupki oznaczają wartości efektu BWLUE dla plonów rodów pochodzących z innych hodowli niż HR Smolice, rody z HR Smolice oznaczono kratkowanymi słupkami, a odmiany wzorcowe słupkami prążkowanymi. Linie przerywane oznaczają poziom efektów dla odmian wzorcowych

Fig. 3 b. Summary of BWLUE values for plant height, lodging, powdery mildew, leaf spot, mass of thousand grains of lines and varieties tested in collective breeding trials with spring barley in year 2016. Uniform gray bars indicate BWLUE values for yields from other breeders than HR Smolice, HR Smolice forms were marked with grid bars, and standard cultivars with ribbed bars. Dashed lines indicate the level of effects for standard cultivars

Dużą odporność na wyleganie wykazał ród BKH 103, BKH 108, BKH 109 w stosunku do odmian wzorcowych. Z kolei gorszą odpornością cechowały się rody BKH 104 oraz BKH 105. W serii A wyróżniły się dwa rody BKH 108 roślina wysoka o wysokiej odporności na wyleganie względem odmian Planet, Soldo, Radek oraz BKH 103 o krótszej słomie i również wysokiej odporności na wyleganie w stosunku do odmian wzorcowych. W rankingu rodów i odmian badanych wyższe od wzorca były rody BKH 203, BKH 204, BKH 208, BKH 209, BKH 210 (seria B), a niższe BKH 205,

BKH 207 (seria B). Wśród badanych rodów w serii B największą tendencję do wylegania wykazywał ród BKH 210 oraz BKH 209. W zestawieniu porównawczym dla mączniaka prawdziwego stwierdzono, że wszystkie rody BKH w serii A miały niższą odporność od odmian wzorcowych, z kolei w serii B wyższą odporność wykazał ród BKH 207. Na poziomie odmian wzorcowych porażenie przez mączniaka prawdziwego odnotowano w BKH 201, BKH 202, BKH 205, BKH 207 (seria B). Wyższą odporność na plamistość siatkową w porównaniu do wzorców posiadały rody BKH 104, BKH 105 oraz BKH 106 (seria A), który dodatkowo był jednym z lepszych w doświadczeniu. W grupie B doświadczenia od odmiany Soldo odporniejsze były rody BKH 202, BKH 204, BKH 208, BKH 209, BKH 210. Wszystkie rody BKH w serii B wykazały niższą odporność na plamistość siatkową od odmiany Radek. Analiza masy tysiąca ziaren pozwala stwierdzić, że w pierwszej serii wszystkie rody HR Smolice mają większą wagę od odmiany Radek, a w drugiej grupie tylko BKH 203.

	1	2	3	4	5	6	7	8
1	[1] BKH108	[3] BKH108	[2]		[3] BKH108	[1]	[5] BKH108	[1]
2	[2]	[1] BKH102	[3]	[3] RADEK BKH101	[4] SOLDO BKH110		[2]	[3]
3	[2] BKH104	[1]	[2]	[2]	[1]	[3]		[3]
4	[2]		[2]	[2] BKH107	[1]	[2]	[1] BKH106	[4]
5	[3]	[2] BKH106	[1]	[2]	[3] PLA NET	[1]	[1]	[4] BKH201
6	[4]	[4] BKH208	[1]	[4]	[1]	[4] BKH202	[3] BKH206 BKH207	[1] BKH208
7	[4] BKH209 BKH210	[4]	[1]	[2]	[4] BKH204	[2] BKH203	[2]	[3]

Rys. 4. Samoorganizująca się mapa cech (SOM) Kohonena dla wyników z serii A oraz B. Kolorem czarnym oznaczono neurony „martwe” (nieaktywowane), ciemnoszarym neurony do których przypisano odmiany wzorcowe, a kolorem jasnoszarym — najbliższe sąsiedztwo neuronów z wzorcami. Liczby w nawiasach kwadratowych oznaczają łączną liczbę obiektów przypisanych do danego neuronu. Położenie rodów wyhodowanych przez HR Smolice oznaczono czcionką pogrubioną

Fig. 4. Kohonen's self-organizing feature map of series A and B results. Black neurons were identified as "dead" (inactive), dark gray neurons — to which reference patterns were assigned, and light gray — the closest neighborhood of neurons with patterns. Numbers in square brackets denote the total number of objects assigned to the neuron. The position of the lines from Smolice Plant Breeding Company was indicated in bold

Opracowana samoorganizująca się mapa cech Kohonena pozwoliła na ocenę podobieństwa badanych rodów do odmian wzorcowych, a także na pogrupowanie badanych rodów i odmian ze względu na wszystkie obserwowane cechy (rys. 4). Wzorce Radek i Soldo usytuowały się obok siebie, co świadczy o bardzo dużym ich podobieństwie pod względem analizowanych cech. Spośród rodów wyhodowanych w HR Smolice i badanych w zespołowych doświadczeniach hodowlanych w roku 2016 najbardziej podobne do wzorców były: BKH 101 do odmiany wzorcowej Radek; BKH 110 do odmiany wzorcowej Soldo; BKH 108 do dwóch odmian wzorcowych — Radek i Soldo; BKH 107 oraz BKH 202 do odmiany wzorcowej Planet. Spośród pozostałych rodów najbardziej podobnymi do siebie nawzajem były rody BKH 209 i BKH 210 oraz rody BKH 205 i BKH 207.

Ranking utworzony na podstawie plonowania rodów, przy braku możliwości przeprowadzenia wielozmiennej charakterystyki tych rodów, stanowi podstawę wnioskowania o przydatności do dalszej procedury uzyskiwania statusu odmiany hodowlanej. Uzyskane charakterystyki badanych cech u rodów jęczmienia jarego na podstawie analiz wielozmiennej ujawniają stopień podobieństwa pomiędzy tymi obiektami. Wcześniejsze badania (Bichoński i in., 2004; Śmiałowski i in., 2003) ujawniają silne związki np. pomiędzy cechami browarnymi jęczmienia jarego browarnego. Osobnym zagadnieniem wymagającym wyjaśnienia jest charakter tego podobieństwa, czy ono jest wynikiem genetycznej zbieżności komponentów użytych do krzyżowania, czy efektem presji selekcyjnej w określonym środowisku lub współdziałania obu tych czynników (Śmiałowski i in., 2001).

PODSUMOWANIE I WNIOSKI

Podstawę wyodrębniania wartościowych rodów jęczmienia jarego na podstawie zespołowych doświadczeń hodowlanych przeprowadzonych w roku 2016 stanowił ranking plenności, a w szczególności przewaga badanych rodów w stosunku do odmian wzorcowych Soldo i Radek. Równie ważnym elementem była charakterystyka badanych rodów pod względem ocenianych pozostałych cech mierzalnych.

1. Analiza wyznaczonych efektów dla badanych obiektów względem obserwowanych plonów wykazała, że spośród rodów wyhodowanych w HR Smolice najbardziej obiecującymi były rody oznaczone jako BKH 104, BKH 101 oraz BKH 108.
2. Analiza wyznaczonych efektów dla badanych obiektów względem obserwowanych pozostałych badanych zmiennych wykazała, że spośród rodów wyhodowanych w HR Smolice najbardziej obiecującymi były: ze względu na wyleganie — BKH 103, BKH 108, BKH 109 oraz BKH 201; ze względu na odporność na mączniaka — BKH 202, BKH 205 oraz BKH 207; ze względu na odporność na plamistość liści — BKH 104, BKH 105 i BKH 106; a ze względu na MTZ – BKH 102, BKH 104 oraz BKH 203.
3. Spośród rodów wyhodowanych w HR Smolice i badanych w zespołowych doświadczeniach hodowlanych w roku 2016 najbardziej podobne do wzorców były: BKH 101 do odmiany wzorcowej Radek; BKH 110 do odmiany wzorcowej Soldo; BKH 108 do dwóch odmian wzorcowych — Radek i Soldo; BKH 107 oraz BKH 202

- do odmiany wzorcowej Planet. Spośród pozostałych rodów najbardziej podobnymi do siebie nawzajem były rody BKH 209 i BKH 210 oraz rody BKH 205 i BKH 207.
4. Opisana w pracy metodyka analizy oparta na estymatorach BWLUE pozwalała na zbudowanie rankingu odmian na podstawie wartości porównywalnych i nieobciążonych ze względu na licznosc przypadków i wpływ pozostałych, badanych w doświadczeniu efektów głównych oraz efektów interakcyjnych.

LITERATURA

- Andersson A. A. M., Lampi A-M., Nyström L., Piironen V., Li Li., Ward J., Gebruers K., Courtin C. M., Delcour J. A., Boros D., Fraś A., Dynkowska W., Rakszegi M., Bedo Z., Shewry P. R., Aman P. 2008. Phytochemical and fibre components in barley varieties in the HEALTHGRAIN diversity screen. *J. Agric. Food Chem.* 56: 9767 — 9776.
- Bichoński A., Śmiałowski T. 2004. Relationships and correlations between brewery traits of the spring barley varieties. *EJPAU*. Vol. 7. s. Food Science and Technology.
- Boros D., Rek-Cieply B., Cyran M. 1996. A note on the composition and nutritional value of hulless barley. *J. Anim. Feed Sci.* 5:417 — 424.
- Cyran M., Izydorczyk M., MacGregor W. 2002. Structural characteristics of water-extractable nonstarch polysaccharides from barley malt. *Cereal Chem.* 79: 359 — 366.
- Dell Inc. 2016. Dell Statistica (data analysis software system), version 13. software.dell.com.
- Gołębiewski D., Kamińska B., Burek J., Boros D. 2014. Wpływ genotypu i miejscowości na cechy determinujące wartość browarną ziarna nowych linii jęczmienia jarego. *Biul. IHAR.* 274: 3 — 14.
- Gołębiewski D., Myszk K., Fraś A., Boros D., Burek J., Mańkowski D. R. 2013. Zróżnicowanie genotypowe i środowiskowe cech wartości browarnej rodów jęczmienia jarego z doświadczeń przedrejestrowych z roku 2012. *Biul. IHAR* 268: 47 — 58.
- Grzywa M., Śmiałowski T. 2002. Zastosowanie translokacji do lokalizacji genów krótkoźdźbłości u mutanta jęczmienia odmiany Delisa. *Biul. IHAR* 221: 57 — 67.
- Janaszek M. A., Trajer J. 2011. Method of evaluating diversity of carrot roots using a self-organizing map and image data. *Computers and Electronics in Agriculture*, Vol. 79, Issue 1: 75 — 81.
- Kohonen, T. 1982. Self-organized formation of topologically correct feature maps. *Biological Cybernetics*, Vol. 48, Issue: 1: 59 — 69.
- Lasek, M., Myzik, A., 2012. Sieci neuronowe Kohonena w przeprowadzaniu analiz danych. Próba wykorzystania w eksploracji danych dotyczących jednostek terytorialnych. *Problemy Zarządzania*. 3 (38), vol. 10: 124 — 147.
- Laudański Z. 1996. Zastosowanie operatorów rzutowania w analizowaniu danych nieortogonalnych — teoria, algorytmy i przykłady. Wydawnictwo SGGW, Warszawa.
- Mańkowski D. R. 2013. Modele równań strukturalnych SEM w badaniach rolniczych, Monografie i Rozprawy Naukowe IHAR — PIB. IHAR-PIB, Radzików.
- Mańkowski D. R., Śmiałowski T., Laudański Z., Janaszek-Mańkowska M. 2014. Application of cultivar scoring for incomplete data (case study: field experiment with × *Triticosecale* Witt.). In: Laudański, Z., Mańkowski D. R. (Eds.), International Conference — The 44th International Biometrical Colloquium and IV Polish-Portuguese Workshop on Biometry — Conference Papers. IHAR — PIB, Radzików: 39.
- Marquardt R. R., Boros D., Guenter W., Crow G. 1994. The nutritive value of barley, rye, wheat and corn for young chicks as affected by use of a *Trichoderma reesei* enzyme preparation. *Anim. Feed Sci. Technol.* 45: 363 — 378.
- Ploch M., Cyran M., Kasztelowicz K., Boros D., Burek J. 2005. Zmienność i współzależność cech jakości jęczmienia browarnego ze zbioru w 2004 roku. *Biul. IHAR* 235: 155 — 162.
- Śmiałowski T., Węgrzyn S. 2001. Przydatność punktów doświadczalnych do oceny materiałów hodowlanych żyta ozimego. *Biul. IHAR*: 218/219. 409 — 417.
- Śmiałowski T. 2013. Analiza zmienność najważniejszych cech rolniczych zbóż badanych w seriach doświadczeń hodowlanych. XLIII Międzynarodowe Colloquium Biometryczne. 8-11.09.2013: 22.

- Śmiałowski. T., Bichoński A. 2003. Zastosowanie analizy ścieżek do oceny współzależności pomiędzy wybranymi cechami jęczmienia jarego browarnego. *Biul. IHAR* 230: 275 — 284.
- Tadeusiewicz R. 2001. *Wprowadzenie do sieci neuronowych*, Kraków: StatSoft Polska.
- Trajer J., Świderski A. 2009. Using cluster analysis for examining carrot varieties diversity. *Annals of Warsaw University of Life Sciences — SGGW, Agriculture* No 54: 71—76.
- Vesanto J. 2000. *Using SOM in Data Mining*. Helsinki University of Technology, Espoo, Finland.
- Węgrzyn S., Grzywa M., Śmiałowski T. 2002. Ocena zdolności kombinacyjnej odmian i rodów jęczmienia jarego browarnego dla plonu i odporności na mączniaka. *Biul. IHAR* 221: 45 — 55.
- Wójcik A. R., Ludański Z. 1989. *Planowanie i wnioskowanie statystyczne w doświadczałnictwie*. PWN, Warszawa.