

KRZYSZTOF UKALSKI, TADEUSZ ŚMIAŁOWSKI, JOANNA UKALSKA

ANALIZA PLONOWANIA I STABILNOŚCI GENOTYPÓW OWSA ZA POMOCĄ METODY GRAFICZNEJ TYPU GGE

Streszczenie

W pracy wykonano analizę plonu rodów owsa oplewionego i nieoplewionego. Dane pochodziły z doświadczeń wstępnych przeprowadzonych w 2008 r. Badano 27 rodów owsa oplewionego i 2 wzorce w 6 miejscowościach oraz 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 wzorce w 5 miejscowościach. Do analizy plonu wykorzystano metodę graficzną biplot typu GGE (na efekty GGE składają się efekty główne genotypów G oraz efekty interakcji genotypowo środowiskowej GEI). Na podstawie wykresów biplot typu GGE scharakteryzowano genotypy oraz wskazano te o największym efekcie GGE w każdym środowisku. Spośród rodów owsa nieoplewionego we wszystkich badanych miejscowościach najwyżej plonowały i były dobrze adaptowalne: STH6264, CHD1368, a w przypadku owsa oplewionego: CHD1534, STH149, STH6038, STH12, KREZUS, POB3107. Zbadano stabilność genotypów typu dynamicznego tzn. wskazano genotypy, które nie wykazywały interakcji genotypowo środowiskowej GEI. Najbardziej stabilnymi rodami owsa nieoplewionego były: STH6294, CHD1408, CHD1438, CHD2567, CHD1368, a najmniej stabilnymi: STH108 i STH6315. Wśród rodów owsa oplewionego najbardziej stabilnymi były: CHD1156, CHD3833, STH12, CHD1193, zaś najmniej STH132 i POB3672. Określono genotyp idealny. Wśród rodów owsa nieoplewionego idealnym genotypem był STH6264, a w przypadku rodów owsa oplewionego STH12.

Słowa kluczowe: biplot, efekty GGE, interakcja genotypowo środowiskowa, owies nieoplewiony, owies oplewiony, stabilność

Wprowadzenie

Analiza plonu w wielu środowiskach przeprowadzana jest w celu wskazania najlepszych genotypów w programie hodowli roślin. Zadanie to nie jest łatwe z powodu występowania interakcji genotypowo-środowiskowej (ang. Genotypic Environmental Interaction - GEI) [1, 4, 7, 9, 25], zmniejszającej efektywność analizowania związku pomiędzy fenotypem (w tym przypadku plonem) a genotypem. Stosowanie średnich środowiskowych dla genotypów ma sens tylko wtedy, gdy wykluczy się istnienie efek-

Dr K. Ukalski, dr J. Ukalska, Katedra Ekonometrii i Statystyki, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego, ul. Nowoursynowska 159, 02-776 Warszawa, dr inż. T. Śmiałowski, Zakład Oceny Jakości i Metod Hodowli Zbóż, Uniwersytet Rolniczy w Krakowie, ul. Zawila 4, 30-423 Kraków

tów GEI. Zwykle jednak efekty GEI występują, a zastosowanie średnich środowiskowych nie pozwala na uwzględnienie informacji o różnym wpływie środowisk na plon genotypów [19]. Można rozróżnić dwa typy efektów GEI: typu niekrzyżowego i krzyżowego. Efekty typu niekrzyżowego występują, gdy genotypy charakteryzują się stałymi efektami środowiskowymi w miejscowościach E, a interakcja spowodowana jest różnicami wielkości reakcji (odpowiedzi na środowisko) średniej plonu genotypu na środowiska w miejscowościach [12, 18, 23]. Natomiast efekty GEI typu krzyżowego występują wówczas, gdy obserwowane są istotne zmiany średnich plonu genotypu, będące efektem zwiększonej zmienności efektów GEI w stosunku do efektów genotypowych G w środowiskach [2, 3]. W selekcji genotypów poprzez wiele środowisk hodowcy poszukują niekrzyżowego typu interakcji lub, najlepiej, braku GEI w przypadku badania ogólnej adaptacji genotypów. Natomiast krzyżowy typ efektów GEI jest pożądany w selekcji genotypów do szczególnych warunków środowiskowych [14, 15].

Do badania głównych efektów genotypowych G i środowiskowych E oraz efektów interakcji GEI stosowane są najczęściej addytywne modele analizy wariancji, które nie dostarczają jednak wystarczających informacji do określenia genotypów lub środowisk przyczyniających się do wzrostu wartości efektu interakcji GEI [16]. W tym celu Yan i wsp. [24] zaproponowali metodę graficzną biplot typu GGE [20, 21, 22, 25, 26], której podstawy stosowania zostały przedstawione przez Gabriela [5] oraz były opisywane wcześniej przez innych autorów np. przez Krzanowskiego [11]. Plon genotypów mierzony w różnych środowiskach jest sumą efektów: genotypowego (G), środowiskowego (E) i genotypowo-środowiskowego (GEI). Ze względu na to, że tylko efekty G i GEI mają znaczenie praktyczne, stosuje się określenie biplot typu GGE. Wykres tego typu jest konstruowany na podstawie analizy składowych głównych (PCA), a dokładniej na podstawie pierwszych dwóch składowych głównych (PCA1 i PCA2) wyznaczonych w tej metodzie [8].

Celem pracy było wyznaczenie wykresów biplot typu GGE, na podstawie których: przeprowadzono analizę stabilności genotypów, wskazano genotypy o największym efekcie GGE w poszczególnych środowiskach, scharakteryzowano genotypy poprzez wszystkie środowiska, znaleziono genotypy najbardziej zbliżone do genotypu idealnego.

Material i metody badań

Material badawczy stanowiły rody owsa oplewionego oraz nieoplewionego. Dane pochodziły z doświadczeń wstępnych przeprowadzonych w 2008 roku. Doświadczenia wstępne, zwane też zespołowymi, są końcowym etapem oceny polowo-laboratoryjnej rodów hodowlanych przed zgłoszeniem ich do państwowych badań rejestrowych dokonywanych przez Centralny Ośrodek Badania Odmian Roślin Uprawnych w Słupi Wielkiej k. Poznania. Polowe doświadczenia wstępne z rodami owsa oplewionego

i nieoplewionego założono na poletkach o powierzchni 10 m² w trzech powtórzeniach metodą bloków niekompletnych w 6 miejscowościach (dla owsa oplewionego) i 5 (dla owsa nieoplewionego). Stosowano siew mechaniczny o gęstości około 350 ziaren/m². Poletka doświadczalne zasilano nawozami stosownie do wymagań glebowych danej miejscowości. Stosowano również ochronę chemiczną (herbicydy i insektycydy) wymaganą w danej placówce.

Przebadano 27 rodów owsa oplewionego (CHD 1112/05, CHD 1156/05, CHD 1193/04, CHD 1263/04, CHD 1277/02, CHD 1329/05, CHD 1382/03, CHD 1534/04, CHD 2753/02, CHD 3757/02, CHD 3833/02, POB 3107/04, POB 3498/04, POB 3645/04, POB 3672/04, POB 5676/04, POB 5677/04, STH 116, STH 12, STH 132, STH 133, STH 149, STH 184, STH 297, STH 51, STH 5244, STH 6038) i 2 wzorce ('Deresz' i 'Krezus') w 6 miejscowościach (CHD – Kopaszewo, MAH – Małaszyn, POB – Polanowice, SOA – Sobiejuchy, STH – Strzelce, SKR – Skrzyszowice) oraz 12 rodów owsa nieoplewionego (CHD 1368/05, CHD 1377/05, CHD 1408/05, CHD 1438/05, CHD 2567/03, STH 108, STH 6264, STH 6294, STH 6296, STH 6315, STH 6345, STH 6351) i dwa wzorce ('Polar' i 'Deresz' forma oplewiona) w 5 podanych wyżej miejscowościach oprócz SKR – Skrzyszowice. Odmiana Deresz (forma oplewiona) została użyta jako wzorzec plenności dla rodów owsa nieoplewionego. Jest ona również punktem odniesienia do porównań plenności w obu seriach doświadczeń. W praktyce nie zakłada się doświadczeń polowych jednocześnie z rodami owsa oplewionego i nieoplewionego ze względu na duże różnice pomiędzy nimi.

Wykonano analizę wariancji (oddzielnie w przypadku owsa oplewionego i nieoplewionego) według modelu mieszanego, w którym efekty genotypowe G potraktowano jako stałe, a efekty środowiskowe E i efekty interakcji genotypowo-środowiskowej GE jako losowe.

Na podstawie średnich plonów genotypów z miejscowości (środowisk) wykonano analizę składowych głównych PCA, której wyniki wykorzystano przy tworzeniu wykresów biplot typu GGE.

Zastosowano metodę AEC (Average Environment Coordination Method) [20, 22], polegającą na wyznaczeniu punktu średniego środowiska E (średnia wartość plonu wszystkich genotypów poprzez środowiska) na podstawie wartości średnich pierwszych dwóch składowych głównych PCA1 i PCA2. Następnie, przez punkt E i środek układu wykresu biplot, przeprowadza się prostą, która służy jako oś odciętych dla AEC. Strzałka w punkcie E wskazuje kierunek osi odciętych AEC. Prowadząc, z pozycji genotypów, linię prostopadłą do osi odciętych AEC, można ustalić średnie wartości plonów genotypów poprzez środowiska.

Zastosowane w pracy analizy statystyczne oraz prezentowane w pracy wykresy wykonano przy użyciu pakietu SAS, za pomocą procedur: PRINCOMP i GPLOT [10, 13, 17].

Wyniki i dyskusja

Na podstawie analizy wariancji plonu badanych rodów owsa oplewionego (tab. 1) stwierdzono istotny wpływ wszystkich efektów przyjętego modelu. 93,9 % całkowitej zmienności plonu (G+E+GEI) zostało wyjaśnione przez efekt środowiska (miejscowości), podczas gdy efekt genotypowy (G) i efekt interakcji genotypowo - środowiskowej (GEI) wyjaśniły pozostałe 6,10 %, z czego 1,80 % (G) oraz 4,30 % (GEI). Wyniki analizy wariancji plonu rodów owsa nieoplewionego (tab. 2) wskazują, że na plon istotnie wpływał efekt miejscowości (p-value < 0,0001), który wyjaśnił 87,41 % całkowitej zmienności, podczas gdy efekt genotypowy (G) i efekt interakcji genotypowo-środowiskowej (GEI), również istotne, wyjaśniły odpowiednio tylko 8,80 % oraz 3,79 % całkowitej zmienności plonu. Najczęściej w tego typu doświadczeniach w wielu środowiskach efekty E, G i GEI wyjaśniają odpowiednio 80, 10 i 10 % całkowitej zmienności plonu [6].

Tabela 1

Zestawienie wyników analizy wariancji plonu 27 rodów owsa oplewionego i 2 wzorców w 6 miejscowościach.

Comparison of the variation analysis results of yield data ref. to 27 covered grain oat genotypes and 2 standards tested across 6 environments.

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square	p-value	[% całkowitej zmienności] (G+E+GEI) [% of total variation]
Miejscowość (środowisko) E Environment	5	32682,43	<0,0001	93,90
Bloki w miejscowości Blocks in one environment	102	109,45	–	–
Genotypy G / G genotype	28	111,63	<0,0001	1,80
Interakcja GEI GEI interaction	140	53,50	<0,0001	4,30
Błąd / Error	246	23,87	–	–

Tabela 2

Zestawienie wyników analizy wariancji plonu 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 wzorców w 5 miejscowościach.

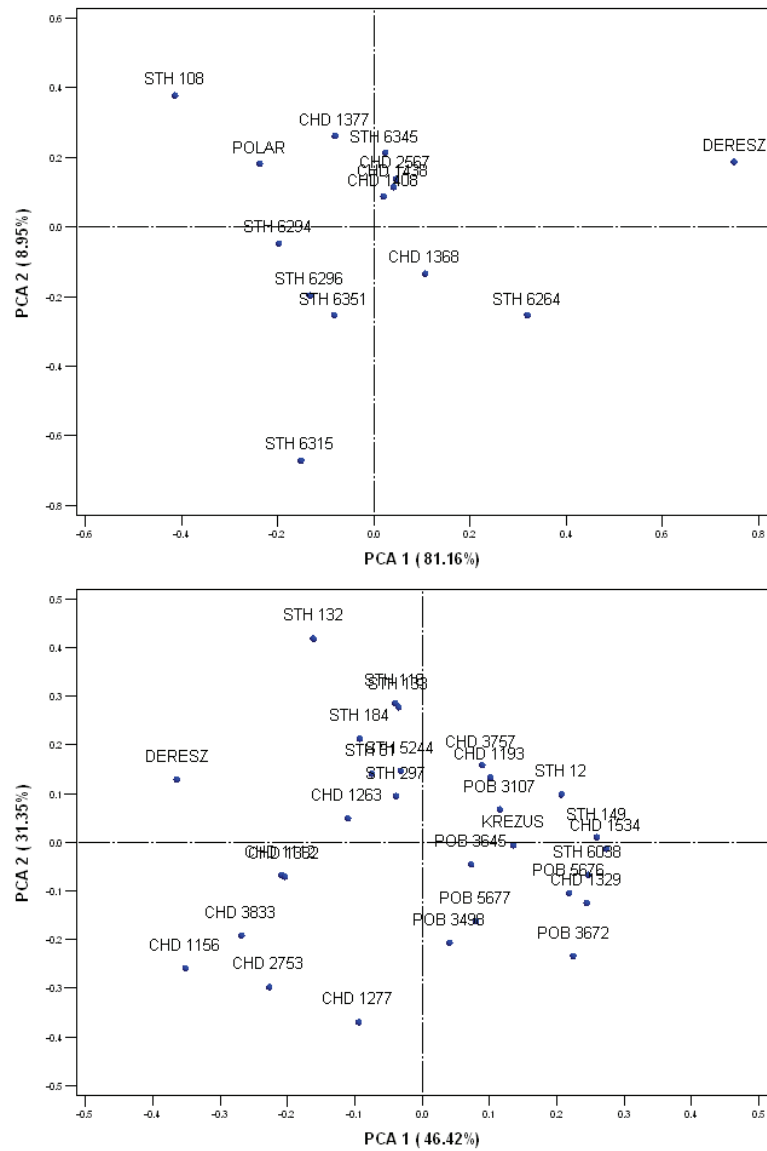
Comparison of the variance analysis results of yield data ref. to 12 naked grain oat genotypes and 2 standards tested across 5 environments.

Źródło zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Średni kwadrat Mean square	p-value	[% całkowitej zmienności] (G+E+GEI) [% of total variation]
Miejscowość (środowisko) E Environment	4	10128,45	<0,0001	87,41
Bloki w miejscowości Blocks in one environment	55	49,52	–	–
Genotypy G / G genotype	13	313,73	<0,0001	8,80
Interakcja GEI GEI interaction	52	33,78	<0,0001	3,79
Błąd / Error	85	8,36	–	–

Analiza dwóch pierwszych składowych głównych wykonana na średnich wartościach plonów genotypów owsa oplewionego z miejscowości pozwoliła na następujący podział efektów GGE przez metodę graficzną biplot typu GGE: pierwsza składowa główna PCA1 wyjaśnia 46,42 % zmienności GGE, a druga PCA2 31,35 %. W przypadku rodów owsa nieoplewionego uzyskano odpowiednio 81,16 % (PCA1) i 8,95 % (PCA2).

Rozmieszczenie genotypów w układzie dwóch pierwszych składowych głównych przedstawiono na rys. 1. Na górnym wykresie (rys. 1) przedstawiono położenie rodów owsa nieoplewionego, a na dolnym rodów owsa oplewionego.

Obiekty o wartościach PCA1>0 są charakteryzowane jako wysoko plonujące, natomiast o wartościach PCA2 bliskich 0 jako dobrze adaptujące się. Spośród 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 odmian (wzorców) wysoko plonującymi i dobrze adaptującymi się w badanych środowiskach były: STH6264, CHD1368 (pominięto położenie odmiany Deresz jako formy oplewionej, która pełniła rolę punktu odniesienia do porównań plenności w obu seriach doświadczeniach), natomiast spośród badanych 27 rodów i 2 odmian (wzorców) owsa oplewionego były: CHD1534, STH149, STH6038, STH12, KREZUS, POB3107.



Rys. 1. Biplot typu GGE wykonany na wartościach składowych głównych dla genotypów. Górny wykres dla 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 wzorców, a dolny dla 27 rodów owsa oplewionego i 2 wzorców.

Fig. 1. GGE bi-plot based on principal components for genotypes. Upper chart: for 12 naked grain oat genotypes and 2 standards; bottom chart: for 27 covered grain oat genotypes and 2 standards.

Kolejnym zagadnieniem związanym z metodą biplot GGE jest poszukiwanie genotypów o największym efekcie GGE w każdym środowisku. Na wykresie tworzący

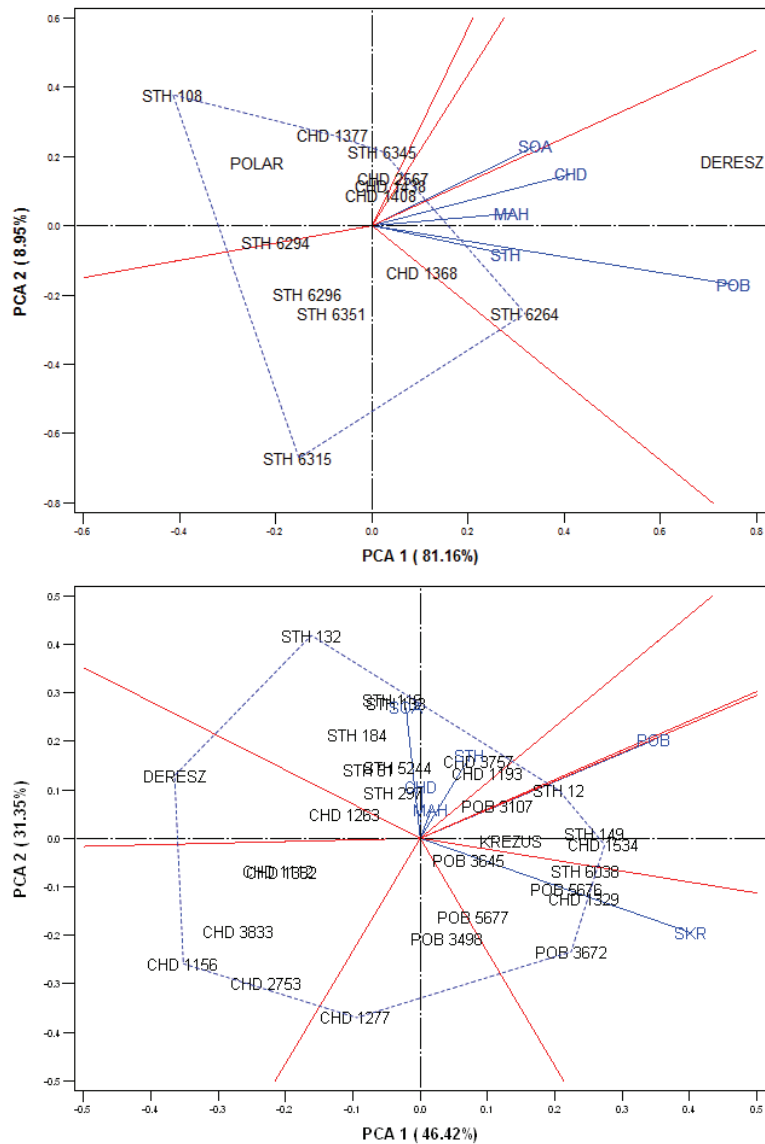
jest wielokąt, który powstaje przez połączenie pozycji obiektów (genotypów), położonych najdalej od środka układu wykresu biplot. Wszystkie pozostałe obiekty zawarte są w utworzonym wielokącie. Linie tworzące obszary są liniami prostopadłymi do boków wielokąta lub ich przedłużeń. W powstałych obszarach można również obserwować położenie miejscowości, co umożliwi badanie tzw. mega-środowisk na danym obszarze [6, 21, 24].

Na rys. 2. (górny wykres), 12 rodów owsa nieoplewionego, 2 odmiany (wzorce) i 5 miejscowości zostało rozlokowanych w 5 obszarach. W tym przypadku nie brano pod uwagę odmiany Deresz jako formy oplewionej. Najciekawszym uzyskanym obszarem jest sektor, w którym znalazły się prawie wszystkie miejscowości (środowiska). Wysokim (najczęściej największym) średnim plonem w 4 miejscowościach (CHD – Kopaszewo, POB – Polanowice, MAH – Małaszyn, STH – Strzelce) charakteryzował się ród STH6264. Wśród rodów owsa nieoplewionego wysoko plonujących i dobrze adaptujących się, pozostał również CHD1368, znajdujący się na granicy omawianego obszaru. W celu uproszczenia wniosków, można go również dołączyć do obszaru poprzedniego obiektu. Piąta miejscowość – Sobiejuchy (SOA) – znalazła się w obszarze, w którym były rody: CHD2567, CHD1438, CHD1408. Są to rody, które plonowały na średnim poziomie w 5 środowiskach, ale w miejscowości Sobiejuchy charakteryzowały się największymi średnimi plonami.

Na rys. 2 (dolny wykres), 27 rodów owsa oplewionego, 2 odmiany (wzorce) i 6 miejscowości zostało rozlokowanych w 7 obszarach. Miejscowości znalazły się w 3 sektorach. W obszarze utworzonym przez ród STH132 znalazły się: Sobiejuchy (SOA), Strzelce (STH), Kopaszewo (CHD), Małaszyn (MAH). Zatem najlepiej plonującym rodem w tych środowiskach był STH132, ale wysoko plonującymi były również rody (w kolejności malejącej): STH116, STH133, STH184, CHD3757, STH5244, STH51, CHD1193, STH297. W obszarze, w którym najwyższe plony osiągnął CHD1534 znalazła się miejscowość Polanowice (POB). W tym środowisku wysokie plony osiągnęły także (w kolejności malejącej): STH149, STH12, KREZUS, POB3107. W trzecim obszarze utworzonym przez ród POB3672 była miejscowość Skrzyszowice (SKR), w której wysokim plonem charakteryzowały się, oprócz POB3672, rody (w kolejności malejącej): STH6038, CHD1329, POB5676, POB5677, POB3645.

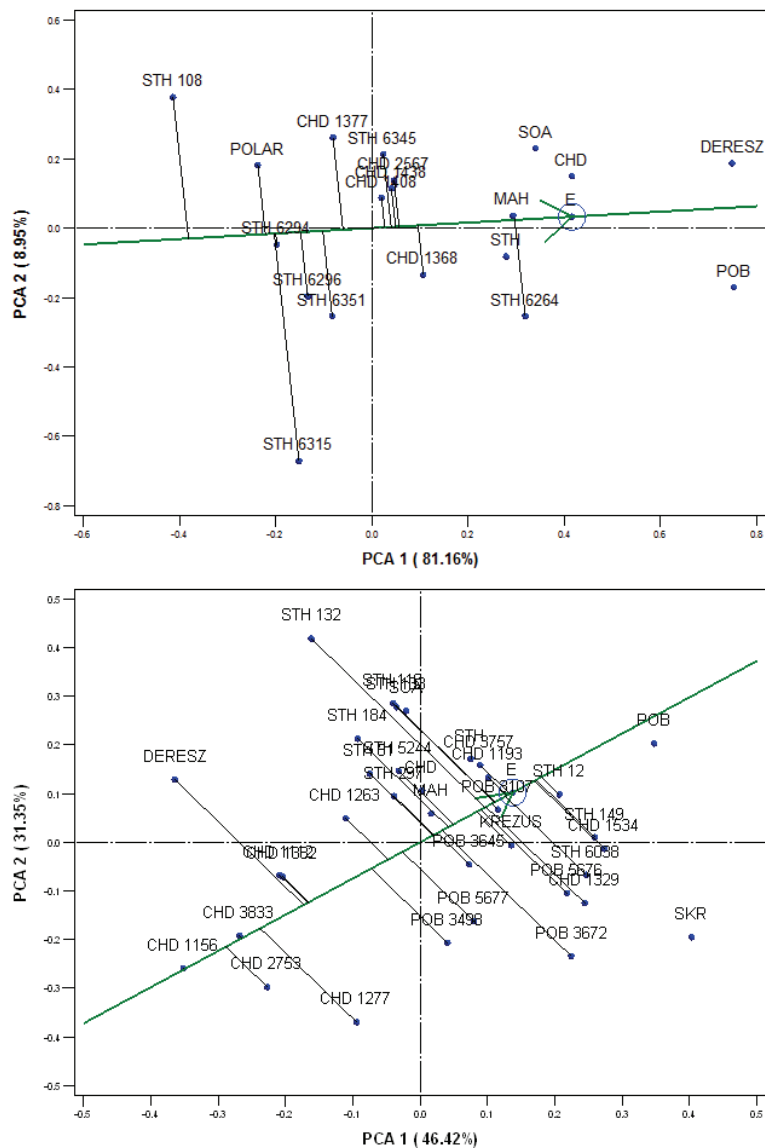
Rys. 3 umożliwia określenie stabilności genotypów i wielkości średnich (poprzez miejscowości) plonów tych genotypów. W tym celu wykorzystano opisaną w metodyce metodę AEC. Spośród 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 odmian (wzorców) (rys. 3, górny wykres) żaden genotyp nie plonował powyżej średniej wartości plonu, oprócz będącej wzorcem odmiany Deresz. Natomiast największe średnie plony osiągnęły (w kolejności malejącej): STH6264, CHD1368, CHD2567. Wśród 27 rodów i 2 wzorców owsa oplewionego (rys. 3, dolny wykres) większe

średnie plony od punktu średniego środowiska E osiągnęły (w kolejności malejącej):
STH12, STH149, CHD1534.



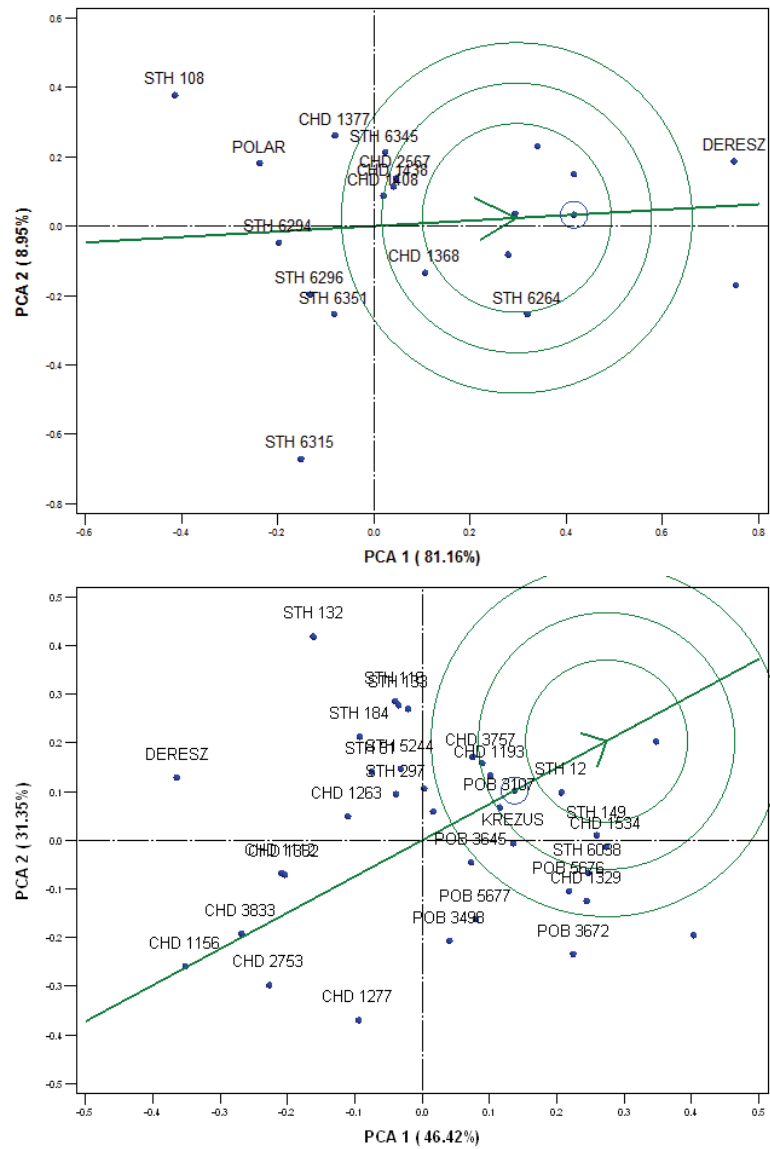
Rys. 2. Wielokąt na biplocie typu GGE wykonany na wartościach składowych głównych dla genotypów i miejscowości (środowisk). Górny wykres dla 12 rodów owsa nieoplewionego, 1 wzorca i 5 miejscowości, a dolny dla 27 rodów owsa oplewionego, 2 wzorców i 6 miejscowości.

Fig. 2. Polygon views of the GGE bi-plot based on principal components for genotypes and environments. Upper chart: for 12 naked grain oat genotypes, 1 standard and 5 environments; bottom chart: for 27 covered grain oat genotypes, 2 standards and 6 environments.



Rys. 3. Widok AEC na biplotie typu GGE wykonany na wartościach składowych głównych dla genotypów i miejscowości (środowisk). Górny wykres dla 12 rodów owsa nieoplewionego, 2 wzorców i 5 miejscowości, a dolny dla 27 rodów owsa oplewionego, 2 wzorców i 6 miejscowości. E jest „średnim środowiskiem”.

Fig. 3. Average Environment Coordination (AEC) views of the GGE bi-plot based on principal components for genotypes and environments. Upper chart: for 12 naked grain oat genotypes, 2 standards and 5 environments; bottom chart: for 27 covered grain oat genotypes, 2 standards and 6 environments. E is the “average environment”.



Rys. 4. Porównanie genotypów z genotypem idealnym. Prawy wykres dla 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 wzorców, a lewy dla 27 rodów owsa oplewionego i 2 wzorców.

Fig. 4. A comparison between genotypes and the ideal genotype. Right chart: for 12 naked grain oat genotypes and 2 standards; left chart: for 27 covered grain oat genotypes and 2 standards.

Długość poprowadzonych linii prostopadłych do osi odciętych AEC pozwala określić stabilność genotypów typu dynamicznego, czyli pokazać, które genotypy nie wykazują interakcji genotypowo-środowiskowej GEI. Najbardziej stabilnymi

dynamicznie rodami owsa nieoplewionego (rys. 3, górny wykres) były: STH6294, CHD1408, CHD1438, CHD2567, CHD1368, natomiast rody STH108 i STH6315 były najmniej stabilne. Wśród 27 rodów i 2 wzorców owsa oplewionego (rys. 3, dolny wykres) najbardziej stabilnymi dynamicznie były: CHD1156, CHD3833, KREZUS, STH12, CHD1193. U rodów STH132, POB3672 oraz genotypu Deresz bardzo duży wpływ na wielkość plonu miała interakcja genotypowo-środowiskowa GEI.

Tzw. genotyp idealny powinien charakteryzować się największymi średnimi wartościami plonu i wykazywać się dobrą stabilnością w badanych środowiskach, gdyż obie te cechy są jednakowo ważne [20]. Na linii AEC (zerowa wartość efektu interakcji genotypowo-środowiskowej GEI) tworzony jest wektor, którego długość jest określona przez obiekty najlepiej plonujące (rys. 4). Koniec wektora wyznaczający położenie genotypu idealnego jest środkiem okręgów o różnych długościach promieni, które mają wskazywać genotypy najbardziej zbliżone do genotypu idealnego. Spośród rodów owsa nieoplewionego (rys. 4, górny wykres) w pierwszym okręgu znalazł się genotyp STH6264, czyli był to idealny genotyp w znaczeniu uzyskiwania wysokich średnich plonów i dobrej stabilności w badanych środowiskach. W drugim okręgu były rody: CHD1368, CHD1408, CHD1438, CHD2567, zatem można je uznać również za rody o pożądanym własnościach plonu i stabilności.

Wśród badanych rodów owsa oplewionego (rys. 4, dolny wykres) idealnym genotypem był ród STH12. W drugim okręgu znalazły się obiekty zbliżone do genotypu idealnego: CHD1193, POB3107, STH149, CHD1534, STH6038.

Wnioski

1. Analiza wariancji obu grup: 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 odmian (wzorców) oraz 27 rodów i 2 odmian (wzorców) owsa oplewionego wskazały istotność wszystkich efektów modeli i odpowiedni ich udział w wyjaśnianiu całkowitej zmienności plonu (G+E+GEI).
2. Pierwsze dwie składowe główne uzyskane na podstawie średnich wartości plonu rodów w badanych środowiskach wyjaśniały 78 % całkowitej zmienności plonu 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 odmian (wzorców) w 6 miejscowościach oraz 90 % 27 rodów i 2 odmian (wzorców) owsa oplewionego w 5 miejscowościach.
3. Spośród 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 odmian (wzorców) we wszystkich badanych miejscowościach najwyżej plonują i są dobrze adaptowalne: Deresz (wzorzec, forma oplewiona), STH6264 i CHD1368. Natomiast do grupy dobrze adaptowalnych, ale plonujących na średnim poziomie, należą: CHD2567, CHD1438, CHD1408. W przypadku 27 rodów i 2 odmian (wzorców) owsa oplewionego wyróżniono 3 grupy miejscowości, dla których znaleziono najwyżej plonujące i dobrze adaptowalne rody. Pierwszą grupę (obszar), utworzoną przez najlepiej plonujący ród STH132 tworzą: Sobiejuchy (SOA), Strzelce (STH),

- Kopaszewo (CHD), Małaszyn (MAH). W tych środowiskach wysoko plonują także rody (w kolejności malejącej): STH116, STH133, STH184, CHD3757, STH5244, STH51, CHD1193, STH297. Drugi obszar, określony przez ród CHD1534 stanowią Polanowice (POB), w których najlepsze, poza CHD1534, plony osiągają (w kolejności malejącej): STH149, STH12, KREZUS, POB3107. Trzeci obszar z miejscowością Skrzyszowice (SKR) został utworzony przez najlepiej plonujący ród POB3672, w którym wysokie plony osiągają także rody (w kolejności malejącej): STH6038, CHD1329, POB5676, POB5677, POB3645.
4. Badanie stabilności genotypów typu dynamicznego (genotypy nie wykazujące interakcji genotypowo-środowiskowej GEI) pozwoliło w grupie 12 rodów owsa nieoplewionego wskazać najbardziej stabilne: STH6294, CHD1408, CHD1438, CHD2567, CHD1368 i najmniej stabilne: STH108 i STH6315. Wśród 27 rodów owsa oplewionego najbardziej stabilnymi są: CHD1156, CHD3833, STH12, CHD1193, zaś najmniej STH132 i POB3672.
 5. W przypadku 12 rodów owsa nieoplewionego i 2 wzorców, idealnym genotypem, w znaczeniu uzyskiwania wysokich średnich plonów i dobrej stabilności w badanych środowiskach, jest STH6264. Natomiast rodami pożądanymi są: CHD1368, CHD1408, CHD1438, CHD2567. Wśród 27 rodów owsa oplewionego i 2 wzorców idealnym genotypem jest STH12, a pożądanymi: CHD1193, POB3107, STH149, CHD1534, STH6038.

Literatura

- [1] Annicchiarico P.: Genotype X Environment Interactions – Challenges and Opportunities for Plant Breeding and Cultivar Recommendations. Plant Production and Protection Paper 174, FAO, Rome 2002.
- [2] Atlin G.N., McRae K.B., Lu X.: Genotype X region interaction for two-row barley yield in Canada. *Crop Sci.*, 2000, **40**, 1-6.
- [3] Atlin G.N., Baker R.J., McRae K.B., Lu X.: Selection response in subdivided target regions. *Crop Sci.*, 2000, **40**, 7-13.
- [4] Baker R.J.: Genotype-environment interactions. (<http://homepage.usask.ca/~rjb609/gxe.html>) 2002.
- [5] Gabriel K.R.: The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 1971, **58**, 453-467.
- [6] Gauch G.H., Zobel R.W.: Interpreting mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci.*, 1997, **37**, 311-326.
- [7] Hill J., Becker H.C., Tigerstedt P.M.A.: Quantitative and ecological aspects of plant breeding. Chapman and Hall, London 1998.
- [8] Jankowski P., Zieliński A., Mądry W.: Analiza interakcji genotyp-środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplot typu GGE. Część I. *Metodyka. Biuletyn IHAR*, 2006, **240/241**, 51-60.
- [9] Kang M. S.: Genotype-environment interactions: Progress and prospects. In: M.S. Kang (Ed), *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*, CAB International Wallingford, UK 2002, pp. 221-243.

- [10] Khattree R., Naik D.N.: Multivariate data reduction and discrimination with SAS software. SAS Institute Inc., Cary, NC 2000.
- [11] Krzanowski W.: Principles of multivariate analysis. A user's perspective. Clarendon Press, Oxford 1988.
- [12] Lin C.S., Binns M.R.: Concepts and methods for analyzing regional trial data for cultivar and location selection. Plant Breeding Reviews, 1994, **12**, 271-297.
- [13] Littell R.C., Milliken G.A., Stroup W.W., Wolfinger R.D.: SAS system for mixed models. SAS Institute Inc., Cary, NC 1996.
- [14] Matus-Cadiz M.A., Hucl P., Perron C.E., Tyler R.T.: Genotype \times environment interaction for grain color in hard white spring wheat. Crop Sci., 2003, **43**, 219-226.
- [15] Mądry W., Talbot M., Ukalski K., Drzazga T., Iwańska M.: Podstawy teoretyczne znaczenia efektów genotypowych i interakcji w hodowli roślin na przykładzie pszenicy ozimej. Biuletyn IHAR, 2006, **240/241**, 13-32.
- [16] Samonte S.O.P. B., Wilson L.T., McClung A.M., Medley J.C.: Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analysis. Crop Sci., 2005, **45**, 2414-2424.
- [17] SAS/STAT User's Guide, Version 9.1. SAS Institute, Cary NC 2004.
- [18] Simmonds N.W., Smartt J.: Principles of Crop Improvement. Blackwell Science, Oxford 1999.
- [19] Voltas J., Eeuwijk F., Igartua E., Garcia del Moral L.F., Molina-Cano J.L., Romagosa I.: Genotype by environment interaction and adaptation in barley breeding: basic concepts and methods of analysis. In: Barley science recent advances from molecular biology to agronomy of yield and quality (Eds.: G.A. Slaver, J.L. Molina-Cano, R. Savin, J.L. Araus and I. Romagosa). The Haworth Press, NY 2002, pp. 205-241.
- [20] Yan W.: Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data. Agron. J., 2002, **94**, 990-996.
- [21] Yan W., Cornelius P.L., Crossa J., Hunt L.A.: Two types of GGE biplots for analyzing multi-environment trial data. Crop Sci., 2001, **41**, 656-663.
- [22] Yan W., Hunt L.A.: Interpretation of genotype \times environment interaction for winter wheat yield in Ontario. Crop Sci., 2001, **41**, 19-25.
- [23] Yan W., Hunt L. A., Johnson P., Stewart G., Lu X.: On-farm strip trials vs. Replicated performance trials for cultivar evaluation. Crop Sci., 2002, **42**, 385-392.
- [24] Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavnic Z.: Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Sci., 2000, **40**, 597-605.
- [25] Yan W., Kang M.S.: GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, genetics and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL 2003.
- [26] Yan W., Rajcan I.: Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. Crop Sci., 2002, **42**, 11-20.

YIELD AND STABILITY ANALYSIS OF OAT GENOTYPES USING GRAPHICAL GGE METHOD

Summary

Under this study, a yield analysis of covered grain and naked grain oat strains was carried out. The data originated from the preliminary trial experiments accomplished in 2008. There were examined: 27 covered grain oat genotypes and 2 standards in 6 environments, and 12 naked grain oat genotypes and 2 standards in 5 environments. A graphical bi-plot method of GGE type was applied to the yield analysis

(the GGE effects comprise a sum of main effects of G genotypes and the effects of GEI genotypic environmental interaction). Based on the GGE bi-plots, the genotypes were characterized and those showing the highest GGE effect in each environment were pointed out. From among the naked grain oat strains in all the environments studied, STH6264 and CHD1368 had the highest yield and were well adaptable, and as for the covered grain oat strains: CHD1534, STH149, STH6038, STH12, KREZUS, POB3107. A dynamic concept of stability was studied, i.e. those oat genotypes were identified, which did not show any genotypic environment interaction. The most stable naked grain oat strains were: STH6294, CHD1408, CHD1438, CHD2567, CHD1368 and the most unstable: STH108 and STH6315. The most stable covered grain oat strains were: CHD1156, CHD3833, STH12, CHD1193 and the most unstable STH132 and POB3672. An ideal genotype was determined. Among the naked grain oat strains, STH6264 was the most ideal genotype, whereas among the covered grain genotypes: STH12.

Key words: bi-plot, covered grain oats, genotypic environmental interaction, GGE effects, naked grain oats, stability ☒