Изследвания върху полските култури, 2006, Том III - 1
Field Crops Studies, 2006, Vol. III - 1

ИЗПОЛЗВАНЕ НА МУЛТИВАРИАНСНИ МЕТОДИ ЗА ОЦЕНКА НА ОТДАЛЕЧЕНИ ВИДОВЕ ОТ СЕМ. *Gramineae*

Виолета Божанова, Дечко Дечев, Спасимира Недялкова
Институт по памука и твърдата пшеница, Чирпан

Резюме

Божанова, В., Д. Дечев, С. Недялкова, 2006. Използване на мултивариансни методи за оценка на отдалечени видове от сем. Gramineae.

Образци от видовете *Tr. spherococcum, Tr. macha, Tr. spelta, Tr. turgidum, Tr. polonicum, Tr. timopheevi, Tr. dicoccum, Tr. monococcum*, *Ae. triaristata* и *Ae. cylindrica* и три сорта твърда пшеница се оценяват по агрономически важни признаци. Използвани са мултивариансни методи за определяне на отдалечеността на генотиповете. Кластерният анализ разделя генотиповете на четири големи групи, което напълно съвпада и с разделянето направено чрез компонентния анализ. PC анализа дава и допълнителна информация за признаците, въз основа на които генотиповете попадат в една група. Сумата от двата PC определя 61.2 % от общото вариране на генотиповете по изследваните признаци, което илюстрира значителното разнообразие на образците от отдалечените видове и ги прави подходящи за подобряване на генетичното разнообразие при твърдата пшеница.

Ключови думи: Генетична отдалеченост - Вариабилност - Мултивариансни методи

Abstract

Bozhanova V., D. Dechev, S. Nedjalkova, Utilization of multivariate methods for assessment of distant Gramineae species, 2006

Patterns of the species *Tr. spherococcum, Tr. macha, Tr. spelta, Tr. turgidum, Tr. polonicum, Tr. timopheevi, Tr. dicoccum, Tr. monococcum, Ae. triaristata, Ae. cylindrica* and three durum wheat cultivars were estimated for agronomical important traits. Multivariate methods for determining distance between genotypes were used. The cluster analysis divided the genotypes into four big groups, which completely agreed with PC distribution. PC analyses gave additional information for the traits on the basis of which the genotypes were grouped. The sum of both PC accounted for 61.2 % of the total genotype variability, which exemplified the considerable diversity between the patterns.

Key words: Genetic distance – Variability - Multivariate methods

УВОД

За оценка на генетичното разнообразие и сходството на генотиповете се използват различни методи, базиращи се на оценка на морфологични и агрономически важни признаци и данни за молекулярната структура на организмите. Независимо от нивата на изследване - организмово (фенотипно) или генотипно (ДНК-маркери) се прилагат

мултивариансни методи за визуално представяне на генетичното сходство и отдалеченост на генотиповете – най-често кластерен анализ (Autrique, 1996; Lage et al. 2003), а по-рядко компонентен анализ (Liu et al., 2002).

Инициирането на целенасочена експериментална работа по включване на отдалечената хибридизация в селекционната програма по твърда пшеница на ИПТП – Чирпан наложи създаване на колекция от отдалечени видове от сем. *Gramineae* и изучаване на образците по морфологични и агрономически важни признаци. Целта на настоящето изследване е оценка на разнообразието в тази колекция чрез мултивариансни методи.

МАТЕРИАЛ И МЕТОД

В изследването са включени образци от генбанката на ИРГР – Садово от видовете: *Tr. spherococcum, Tr. macha, Tr. spelta, Tr. turgidum, Tr. polonicum, Tr. timopheevi, Tr. dicoccum, Tr. monococcum*, принадлежащи към род *Triticum*, два образеца от видовете *Ae. triaristata u Ae. cylindrica*, принадлежащи към род *Aegilops* и три сорта твърда пшеница – **"Загорка"**, **"Прогрес"** и **"Белослава"**. Включените в изследването генотипове са отглеждани при полски условия през 2004/2005 г. Генотиповете са оценявани по агрономически признаци – височина на растенията в cm (H), полягане (L-g) и дата на изкласяване (DH); чувствителност към биотични стресове – кафява ръжда (BR) и брашнеста мана (PM) и устойчивост към абиотични стресови въздействия – осмотичен стрес (OS) и ниски температури (FR). Чувствителността към кафява ръжда (коефициент на инфекция) и брашнеста мана (бал от 0 до 5) е определяна по методика, описана подробно в Божанова и др. (2004). Устойчивостта на абиотичен стрес е определяна чрез косвени методи (Божанова, 1997; Божанова и Петрова, 2000).

За статистическа обработка на данните е използван пакет с програми Statistica 6.0. (StatSoft, Inc. 2002). Приложени са вариационен и кластерен анализ, основаващ се на разликите, измерени чрез евклидовото разстояние и групираща стратегия по Word (1963). Извършен е PC за установяване на главните компоненти PC_1 и PC_2 по признаци и генотипове. Използвани са стандартизирани данни за уеднаквяване на скалите.

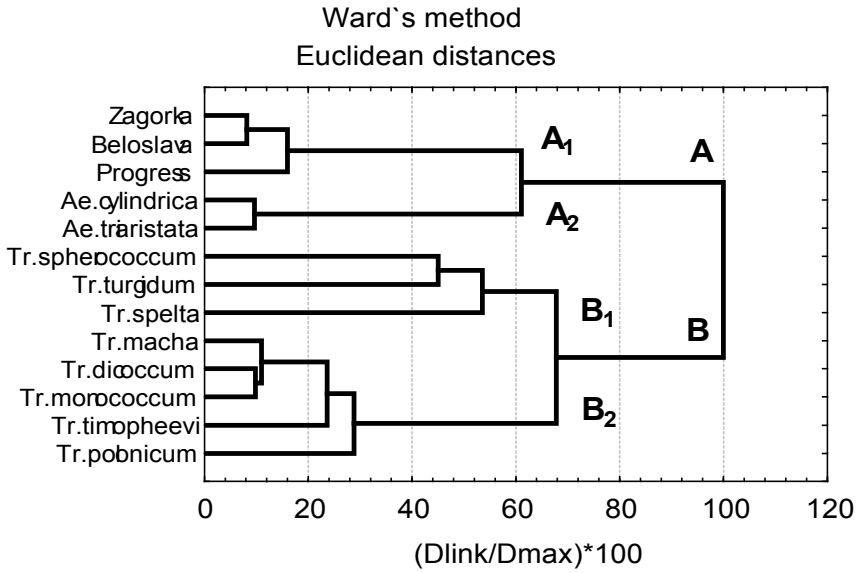
РЕЗУЛТАТИ

Изследваните генотипове се различават по между си по всички изследвани признаци в различна степен (табл. 1). По признака височина на растенията (H) се оформят три групи от генотипове. В първата група на нискостъблените попадат образците от род. *Aegilops*, в групата на средновисоките - образеца от *Tr. spherococcum* и трите сорта твърда пшеница, а в групата на високите – всички останали образци от род *Triticum*. По дата на изкласяване (DH) генотиповете се разпределят в три групи – ранни (*Tr. spherococcum*, твърдите пшеници, *Tr. turgidum*), средни (*Tr. macha, Tr. spelta, Tr. polonicum, Tr. timopheevi, Tr. dicoccum* и *Tr. monococcum*) и късни (образците от род. *Aegilops*). По отношение на полягането на растенията (L-g) се наблюдават две групи – не полягащи (всички твърди пшеници, двата егилопса, *Tr. spelta, Tr. turgidum* и *Tr.polonicum*) и силно полягащи, в която влизат всички останали образци. Варирането между изследваните видове по чувствителност към кафява ръжда (коефициент на инфекция) (BR) е най-голямо от всички наблюдавани признаци (CV = 194.7). Селекционен интерес представляват дивите видове. По отношение на чувствителност към брашнеста мана (PM) напълно имунни към атакуващите раси са били дивите видове *Tr. dicoccum, Tr. monococcum, Ae. triaristata* и *Ae. cylindrica.* Голяма чувствителност е проявил образецът *Tr. turgidum*. Като цяло варирането по този

признак е високо (CV = 129.2). С най-добра устойчивост на осмотичен стрес (OS) се отличават двата егилопса, следвани от сортовете твърда пшеница. Най-чувствителни са хексаплоидните образци *Tr. spelta* и *Tr. spherococcum* и тетраплоидния *Tr. timopheevi*. Като цяло сортовете твърда пшеница показват най-слаба студоустойчивост (FR). Най-студоустойчиви всред изследваните видове са *Tr. spherococcum* и двата тетраплоидни вида *Tr.polonicum* и *Tr. timopheevi*.

Таблица 1. Средни стойности на образците от сем. *Gramineae* по признаци
Table 1. Means of traits in patterns of family *Gramineae*

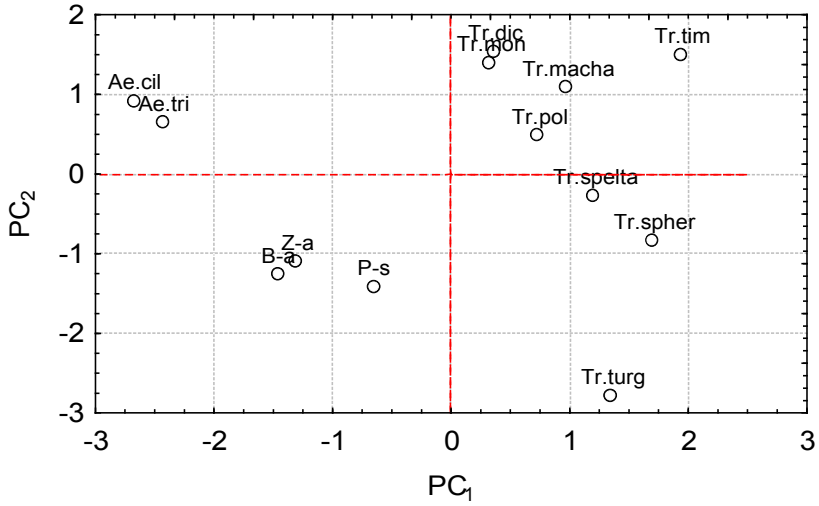
Генотип Genotype	Признаци/Traits						
	H	DH	L-g	BR	PM	OSR	FR
Загорка Zagorka	91	19	0	5	1	44.1	48.2
Прогрес, Progres	88	16	0	12.5	2	38.1	62
Белослава, Beloslavs	86	17	0	12.5	1	34.2	51.3
Tr.shperococcum	78	10	0	2.5	2	82.1	86.1
Tr.macha	110	25	4	12.5	1	60.6	71.6
Tr.spelta	123	25	0	80	1	63.2	68.7
Tr.turgidum	135	17	0	0.6	6	47.9	67.3
Tr.polonicum	110	26	0.5	0.6	1	58.9	82.6
Tr.timopheevi	105	25	4	17.5	1	82	79.9
Tr.dicoccum	100	26	4	0.6	0	61.3	68.6
Tr.monococcum	115	26	4	0	0	48.5	70.5
Ae.cylindrica	60	35	0	0	0	25.8	64.2
Ae.triaristata	50	30	0	0	0	33.1	64.6
X ± m	96.2 ±6.7	22.8 ±1.9	1.3 ±0.5	11.1 ±6.0	1.2 ±0.4	52.3 ±4.9	68.1 ±3.0
VC %	25.1	29.3	149.6	194.7	129.2	34.0	16.1



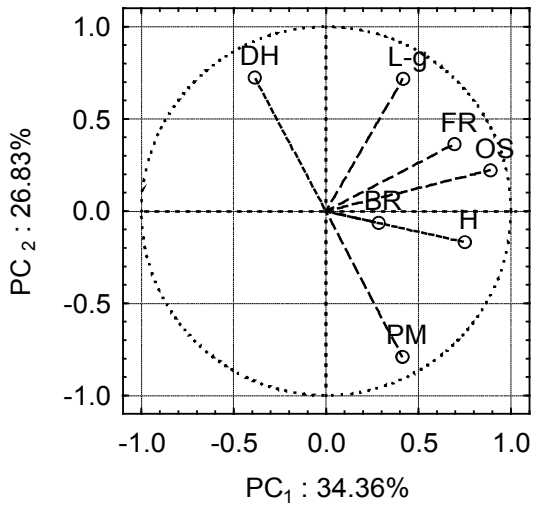
Фигура 1. Дендрограма на генотипове от сем. *Gramineae*
Figure 1. Dendrogram of fam. *Gramineae* genotypes

Дендрограмата от кластерния анализ на тринадесетте генотипове е представена на фигура 1. На първо ниво на разделяне се образуват две основни групи генотипове А и В. На ниво около 60 % от първото разделяне се наблюдават четири големи групи

генотипове. В група А се включват сортовете твърда пшеница - кластер A_1 и двата вида от род *Aegilops* - A_2. В група В се попадат генотипове с най-различна плоидност и геномен състав. В кластер B_1 се отделят два хексаплоидни образеца - *Tr. spelta* и *Tr. spherococcum* и тетраплоидния *Tr. turgidum.* В най-отдалечения от твърдата пшеница кластер B_2 влизат три тетраплоидни образци с различен геномен състав - *Tr.polonicum* и *Tr. dicoccum* с геном AB и *Tr. timopheevi* с геном AbG, един хексаплоиден образец - *Tr. macha* и диплоидния - *Tr. monococcum*.



Фиг. 2. Проекция на генотиповете върху факторната равнина
Fig. 1. Projection of the genotypes on the factor-plane (1x2)



Фиг. 3. Проекция на признаците във факторната равнина
Fig. 3. Projection of the traits on the factor-plane (1x2)

Графичното изражение на факторния PC–анализ е представено на фигури 2 и 3. На фигура 2 са изобразени точките на генотиповете според техните стойности за PC_1 и PC_2. Налице е пълно съответствие на групирането според тези стойности с

това на кластерния анализ. Първото разделяне при кластерния анализ се дължи на знака на стойностите на генотиповете по PC_1. Тези с отрицателен знак попадат в А, а тези с положителни стойности – в В. Повторното разделяне на кластери се дължи на знака на стойностите на генотиповете по PC_2, като в отрицателната зона са A_1 и B_1, а в положителната A_2 и B_2. Отношението на изследваните признаци към PC_1 и PC_2 е дадено графично на фигура 3. Разположението на точките на признаците и векторите от нулевата точка към тях показват в голяма степен корелационните отношения между тях. Тези връзки се движат от пълна положителна корелация до пълна отрицателна. Сумата от двата PC определя 61.2 % от общото вариране на генотиповете по изследваните признаци. Тази стойност не е много висока, което говори за значително разнообразие на генотиповете по признаци.

ОБСЪЖДАНЕ

Чрез приложения кластерен анализ се демонстрира генетичната отдалеченост между изследваните видове. В три от обособените четири кластери се включват генотипове с различна плоидност и геномен състав, което може да се обясни с използваните в изследването фенотипни изражения на признаците, от една страна и с ограничения брой признаци, от друга. От селекционна гледна точка обаче този подход е по-прагматичен, защото селекцията се интересува от фенотипните прояви на генотипа и цени най-вече фенотипа на различни комбинации на гените в генотипа.

За визуално представяне на генетичното сходство и отдалеченост на генотиповете е обичайно прилагането на мултивариансни статистически методи. Кластерният анализ се използва обаче много по-често (Autrique 1996, Lage et al., 2003) в сравнение с компонентния анализ (Liu et al., 2002), което е необосновано поради факта, че PC анализа носи повече информация. Това добре се илюстрира и чрез настоящето изследване, в което паралелно се използват двата метода. Освен съвпадението в групирането на генотиповете по двата метода, при успоредното разглеждане на фигри 2 и 3 от кординатната система PC_1/PC_2 за генотипове и признаци се получава информация и за признаците, въз основа на които генотиповете попадат в една група. Колкото точките на генотиповете от фигура 2 са разположени по-близо до точките на признаците от фигура 3, толкова този признак е бил по-определящ в групирането. Този факт най-ясно се илюстрира чрез положението на егилопсите в сектор, определян от признака дни до изкласяване, поради това че са най-късни. Генотиповете твърда пшеница се намират в сектор, не доминиран от определени признаци. Това разположение може да се обясни с това, че са плод на продължителна селекционна дейност, която е довела до оптимизиране на стойностите им по изследваните признаци.

В заключение трябва да се подчертае, че мултивариансните методи могат да се използват както за графично представяне на отдалечеността между генотиповете, така и за характеризиране на варирането по признаци и връзките между тях, като компонентния анализ е значително по-информативен и въз основа на него могат да се правят по-прагматични изводи за водене на селекционния процес в посока създаване на генетично разнообразие.

БЛАГОДАРНОСТИ

Изследването е финансирано от НФНИ към МОН на Република България по договор СС/1207 от 2002 г.

ЛИТЕРАТУРА

Божанова, В., 1997. *Изследване на сухоустойчивостта на твърда пшеница чрез депресия на растежа при осмотичен стрес. В: Сборник с материали от II научна конференция "Проблеми на влакнодайните и зърнено-житните култури", Чирпан, 78-83*

Божанова, В. и Т. Петрова, 2000. Оценка на генотипове твърда пшеница по студоустойчивост. Растениевъдни науки, 37:705-707

Божанова, В., Дечев, Д., Денева М., Лалев Ц. и П. Иванов, 2004. Проучване на видове от сем. *Graminea* с цел включване в селекционната програма по твърда пшеница. Растениевъдни науки, 41, 489-494.

Autrique E, Nachit M., Monneveux P, Tanksley S. and M. Sorrells, 1996, Genetic diversity in Durum Wheat based on RFLPs, morphophysiological traits, and coefficient of parentage. Crop Sci. 36:735-742.

Liu F., Sun G., Salomon B. and R. von Bothmer, 2002. Characterization of genetic diversity in core collection accessions of wild barley, *H. vulgare ssp. spontaneum.* Hereditas, 136: 67-73

Lage J., Warburton M., Crossa J., Skovmand B. and S. Andersen, 2003*. Assessment of genetic diversity in synthetic hexaploid wheats and their* Triticum dicoccum *and* Aegilops *tauschii parents using AFLPs and agronomic traits. Euphytica, V.134, 3, 305-317*

StatSoft, Inc. 2002. STATISTICA (data analysis software system), version 6. www.statsoft.com.

Ward, J., 1963. Hierarchcal grouping to optimize an objective function. J. Am. Stat. Assoc. 58:236-244