

for combining ability in sweetclover *Melilotus officinalis*. Amer. Soc. Agron. 44, 476–481 (1952). — 9. JOHNSON, I. J.: Further progress in recurrent selection for general combining ability in sweetclover. Amer. Soc. Agron. 48, 242–243 (1956). — 10. JOHNSON, I. J., and A. S. EL BANNA: Effectiveness of successive cycles of phenotypic recurrent selection in sweetclover. Amer. Soc. Agron. 49, 120–125 (1957). — 11. LASCOLS, X.: Sélection réciproque et maïs hybrides précoces francoaméricains. Annales de l'Amélioration des Plantes 9, 377–401 (1959). — 12. LONNGUIST, J. H.: Recurrent selection as a means of modifying combining ability in corn. Amer. Soc. Agron. 43, 311–315 (1951). — 13. MCGILL, D. P., and J. H. LONNGUIST: Effects of two cycles of recurrent selection for combining ability in an open-pollinated variety of corn. Amer. Soc. Agron. 47, 319–323 (1955). — 14. SCHNELL, F. W.: On some aspects of reciprocal

recurrent selection. Euphytica 10, 24–30 (1961). — 15. SPRAGUE, G. F., and B. BRIMHALL: Relative effectiveness of two systems of selection for oil content of the corn kernel. Amer. Soc. Agron. 42, 83–88 (1950). — 16. SPRAGUE, G. F., P. A. MILLER, and B. BRIMHALL: Additional studies of the relative effectiveness of two systems of selection for oil content of the corn kernel. Amer. Soc. Agron. 44, 329–331 (1952). — 17. SPRAGUE, G. F.: Early testing and recurrent selection. Kapitel 26 in: J. W. Gowen, Heterosis. Iowa State College Press 1952. — 18. SPRAGUE, G. F.: Recurrent Selection. Kapitel V/9 in: Corn and Corn Improvement. Academic Press Inc. N. Y. 1955. — 19. SPRAGUE, G. F., W. A. RUSSELL, and L. H. PENNY: Recurrent selection for specific combining ability and type of gene action involved in yield heterosis in corn. Amer. Soc. Agron. 51, 392–395 (1959).

Aus dem Institut für Pflanzenzüchtung Krakow

Die Bedeutung einfacher taxonomischer Methoden für die Pflanzenselektion*

Von TADEUSZ RUEBENBAUER und STANISLAW WĘGRZYN

A. Einleitung

Die Selektion wertvoller Formen erfolgt in der praktischen Pflanzenzüchtung im allgemeinen nicht nur nach einem Merkmal, sondern man berücksichtigt meist eine größere Anzahl Eigenschaften. Sofern man die Merkmale messen kann, besteht die Möglichkeit, taxonomische Methoden anzuwenden. Die Methode der Diskriminationsfunktionen (discriminant function) ist mathematisch am besten fundiert. Sie besteht in der Ausrechnung der Größe eines gemeinsamen Vektors für die Messung einzelner Merkmale. Diese Methode verlangt jedoch zeitraubende und beschwerliche Rechengänge und erfordert eine umfassende mathematische Vorbereitung.

Anhand von Versuchen mit Maishybriden soll geprüft werden, ob es möglich ist, die Methode der Diskriminationsfunktionen durch eine einfachere und daher leichter anwendbare zu ersetzen. Zu diesem Zweck werden bei der Auswahl von Hybriden und Inzuchtlinien verschiedene taxonomische Methoden miteinander verglichen.

B. Material und Methoden

Die Messungen erfolgten an Maiskolben, die von 64 Hybriden verschiedener Abstammung geerntet worden waren. Es handelte sich dabei in der Mehrzahl um Einfachhybriden. Folgende Merkmale wurden verglichen:

Kornertrag pro Kolben	(X 1)
Tausendkornmasse	(X 2)
Kornreihenanzahl = vertikale Reihen	(X 3)
Kornzahl pro Reihe	(X 4).

Die Einzelwerte wurden mittels folgender taxonomischer Methoden geordnet und bearbeitet:

1. Diskriminationsfunktionen (M 1)
2. Bonitierungsverfahren (M 2)
3. Quotientenmethode (M 3)

Die einfachste taxonomische Methode, die bei der Pflanzenselektion verwendet wird, ist zweifellos die Bonitierungsverfahren, sie beruht auf der Abschätzung des Materials in einer bestimmten Reihenfolge. Das Merkmal der Gesamtwerte des Zuchtmaterials ergibt sich aus der Summierung der Einzelwerte. Diese Methode läßt sich durch folgende Formel definieren:

$$M_i = \sum_{j=1}^k [m_{i1} + m_{i2} + \dots + m_{ik}]$$

m = entsprechende Zahl der Zahlenreihenfolge (sequenze) für das Objekt (i) und Merkmal (j),

wobei $i = 1, 2, 3, \dots, n$

$j = 1, 2, 3, \dots, k$.

Dem niedrigsten Zahlenwert gibt man den Wert 1, der höchste Zahlenwert entspricht der jeweilig festgesetzten Größenzahl der Zahlenreihenfolge.

Der Vorteil der genannten Methode besteht in ihrer Einfachheit, sie erfordert einen verhältnismäßig kleinen Arbeitsaufwand. Nachteilig ist, daß jedem Wert der Intervalle zwischen zwei aufeinander folgenden Objekten eines Merkmals gleiche Zahlenwerte zugeschrieben werden, die sich aus den Zahlen der normalen Reihenfolge ergeben. Das kann zur Fehleinschätzung einzelner Objekte beitragen.

Ferner wendet man die Quotientenmethode an, die also nicht auf der Summierung einander folgender Zahlen im Bereich eines Merkmals beruht, sondern die eine Summierung von Quotienten der beobachteten Zahlen, dividiert durch das arithmetische Mittel, darstellt. Die Quotientenmethode wird durch folgende Formel definiert:

$$M_i = \sum_{j=1}^k \left[\frac{X_{ij}}{X_j} + \frac{X_{i2}}{X_2} + \dots + \frac{X_{ik}}{X_k} \right],$$

X_{ij} = der beobachtete Wert für das Objekt (i) und das Merkmal (j), wobei $i = 1, 2, 3, \dots, n$

$j = 1, 2, 3, \dots, k$.

Bei der Quotientenmethode nimmt man als allgemeinen taxonomischen Wert nicht die Zahlensummen einer Zahlenreihenfolge für ein Merkmal an, sondern man addiert die Quotienten einer Anzahl (k) von Merkmalen eines Objektes (i).

* Herrn Prof. Dr. OBERDORF zum 65. Geburtstag gewidmet.

C. Ergebnisse

Beim Vergleich der einzelnen Methoden werden die Versuchsobjekte gemäß der Bewertung nach der Methode der Diskriminationsfunktionen (M 1) verglichen. Es ergeben sich folgende Korrelationskoeffizienten:

$$\begin{aligned} \text{für } M_1 \text{ und } M_2 \quad r &= +0,905 \\ \text{für } M_1 \text{ und } M_3 \quad r &= +0,968. \end{aligned}$$

Das Ergebnis läßt die Schlußfolgerung zu, daß man durch die Bonitierungsmethode größere Abweichungen als durch die Quotientenmethode erhält. Die enge Korrelation zwischen der Quotientenmethode und dem Ergebnis der Diskriminationsfunktions-Analyse läßt erwarten, daß man mit einfachen und leicht auswertbaren Methoden das gleiche Ergebnis wie mit den mathematisch komplizierten erreicht.

Da bei den Hybriden sich dieselben Inzuchtlinien mit verschiedenen Kombinationen wiederholten, wurden alle Hybriden nach Gruppen eingeteilt, denen eine Linie gemeinsam war. Auf diese Weise kann indirekt der allgemeine Kombinationswert einer Inzuchtlinie geschätzt werden. Ein ähnliches Merkmal stellt die Variabilität des Kombinationswertes dar.

Um die Aussagekraft der einzelnen Methoden zu überprüfen, wurde sowohl die allgemeine Kombinationseignung als auch die spezifische anhand der Ertragsfähigkeit der Hybriden analysiert. Jede Linie bildet eine Kombinationsgruppe, die so oft wiederholt wurde, wie die Linie in den Kombinationen auftrat. Es wurde die Variabilität innerhalb der Gruppen und zwischen den Gruppen berücksichtigt. Das Ergebnis ist in Tab. 1 dargestellt.

Tabelle 1. Die Variabilität (in %) im Bereiche des geprüften Materials unter Berücksichtigung von drei taxonomischen Methoden.

Methode	Variabilität in den Gruppen	Variabilität unter den Gruppen
1. Diskriminationsfunktion	48,57	51,43
2. Bonitierungsmethode	44,41	55,59
3. Quotientenmethode	46,69	53,31

Wie aus dieser Zusammenstellung ersichtlich ist, sind bemerkenswerte Differenzen bezüglich der Variabilität nicht festzustellen. Man könnte daraus den Schluß ziehen, daß alle besprochenen taxonomischen Methoden das Material in ähnlicher Weise gruppieren.

Vergleicht man aber die Methoden unter Errechnung der spezifischen Abweichungen von den Werten der Diskriminationsfunktionen, so verändert sich das Bild. Die Berechnung erfolgte nach folgender Formel:

$$\frac{N \cdot X_i}{n_i \cdot \bar{X}}$$

N = die Anzahl der Beobachtungen für alle Gruppen,

n_i = die Anzahl der Beobachtungen für die Gruppe (i),

X_i = die allgemeine Summe der Beobachtungen für die Gruppe (i),

\bar{X} = die allgemeine Summe der Beobachtungen aller Gruppen.

Die auf diese Weise mit Hilfe der 3 Methoden für die einzelnen Gruppen errechneten Werte sind in Tab. 2 zusammengefaßt.

Tabelle 2. Durchschnittswerte taxonomischer Koeffizienten verschiedener Methoden, die die allgemeine Kombinationseignung der Inzuchtlinien charakterisieren.

Laufende Nummer der Linie	Taxonomische Methoden		
	M_1	M_2	M_3
1	1,15	1,54	1,20
2	1,11	1,29	1,11
3	1,09	1,39	1,12
4	1,06	1,10	1,05
5	1,06	1,26	1,12
6	1,06	1,22	1,06
7	1,04	0,91	1,00
8	1,03	1,14	1,06
9	1,03	1,12	1,05
10	1,01	1,06	1,02
11	1,01	0,98	0,99
12	1,00	1,00	0,99
13	0,99	0,93	0,99
14	0,95	0,71	0,91
15	0,95	0,86	0,97
16	0,90	0,61	0,87
17	0,82	0,47	0,81
18	0,81	0,51	0,76
19	0,79	0,71	0,78

Nach Berechnung der durchschnittlichen quadratischen Abweichung ergibt sich:

$$M_1 \times M_2 / 2 = 0,8005$$

$$M_1 \times M_3 / 2 = 0,0162.$$

Es stellte sich heraus, daß die niedrigste Variabilität beim Vergleich der Quotientenmethode mit der Diskriminationsfunktionsmethode zu erlangen ist. Die Bonitierungsmethode weist erhebliche Abweichungen auf.

Daraus ist zu schließen, daß die Quotientenmethode für die Bewertung von Zuchtmaterial der Bonitierungsmethode vorzuziehen ist, solange man auf die Anwendung der Diskriminationsfunktionsmethode verzichten muß.

Schlußfolgerung

Auf Grund des Vergleiches zweier vorgeschlagener taxonomischer Methoden in der Pflanzenselektion, wobei die Diskriminationsfunktion als Test diente, kann man folgende Schlüsse ziehen:

1. Wahrscheinlich führen beide von uns vorgeschlagenen taxonomischen Methoden im Vergleich mit der Diskriminationsfunktionsmethode zu ähnlichen Ergebnissen. Größere Näherungswerte ermittelt man mit der Quotientenmethode ($r = 0,968$), während die Bonitierungsmethode mit nur $r = +0,905$ korreliert.

2. Eine verhältnismäßig kleine Variabilität bei Anwendung einfacher taxonomischer Methoden im Vergleich zur Diskriminationsfunktionsmethode kann man mit der Methode der Quotienten im Gegensatz zur Bonitierungsmethode erwarten.

3. Man kann feststellen, daß wahrscheinlich beide einfachen taxonomischen Methoden mit Erfolg kompliziertere Methoden ersetzen können. Da die Quotientenmethode der Diskriminationsfunktion am nächsten steht, sollte man sie zur Beurteilung des Wertes einer Sorte, der sich aus zahlreichen Merkmalen zusammensetzt, empfehlen.