

ZASTOSOWANIE WIELOWYMIAROWYCH TECHNIK EKSPLOKACYJNYCH W BADANIACH MORFOLOGICZNYCH RYB NA PRZYKŁADZIE KARPIA (*CYPRINUS CARPIO* L.)

Anna Małgorzata Wiśniewska

Katedra Ichtiologii, Uniwersytet Warmińsko-Mazurski w Olsztynie

1 WPROWADZENIE

Odmiany karpia *Cyprinus carpio* L. rozwijały się pod wpływem warunków geograficznych oraz naturalnej i hodowlanej selekcji. Genetyczna poprawa cech ilościowych karpia została osiągnięta przez kojarzenie ryb pochodzących z różnych linii hodowlanych, często wywodzących się z odmiennych stref klimatycznych [5]. W obrębie każdej linii karpia istnieje osobnicze zróżnicowanie cech morfologicznych, które jest w pewnym stopniu odziedziczalne. Można założyć, że w każdej linii pojawiają się wyodrębnione grupy osobników o zbliżonych do siebie wartościach cech morfologicznych. Opisanie i wyjaśnianiem problemów z zakresu doskonalenia cech ilościowych, warunkowanych przez wiele genów i modyfikowanych przez czynniki środowiskowe, zajmuje się między innymi genetyka ilościowa.

W pracy zastosowano techniki wielowymiarowe do analizy pomiarów morfologicznych ryb pochodzących z różnych linii hodowlanych. Celem badań było ustalenie, które cechy morfologiczne pozwalają wyodrębnić istotnie zróżnicowane grupy ryb.

Szczegółowe cele niniejszej pracy to:

- 1 Opracowanie metodycznego schematu badania zmienności morfologicznej linii hodowlanych karpia.
- 2 Sprawdzenie, które cechy morfologiczne należy brać pod uwagę, opisując odrębne linie hodowlane karpia.
- 3 Przyżyciowe prognozowanie wielkości uzyskiwanej tuszy na podstawie wartości wybranych cech morfologicznych karpia.

2 MATERIAŁ I METODYKA BADAŃ

Dane zostały zebrane w gospodarstwach Polskiej Akademii Nauk (Zakład Ichtiobiologii i Gospodarki Rybackiej w Gołyszach (ZliGR Gołysz)) oraz Instytutu Rybactwa Śródlądowego w Olsztynie (Rybacki Zakład Doświadczalny w Zatorze (RZD Zator)) oraz Gospodarstwa Rybackiego w Olsztynie (GR) (tabela 1, 2). Ogółem zmierzono 2268 ryb. Część próby z Gołysza stanowiły ryby ze stawów doświadczalnych, które były hodowane w różnych wariantach obsadowych. Umożliwiło to zbadanie zmienności cech mierzalnych wewnątrz poszczególnych linii w zależności od gęstości obsady początkowej.

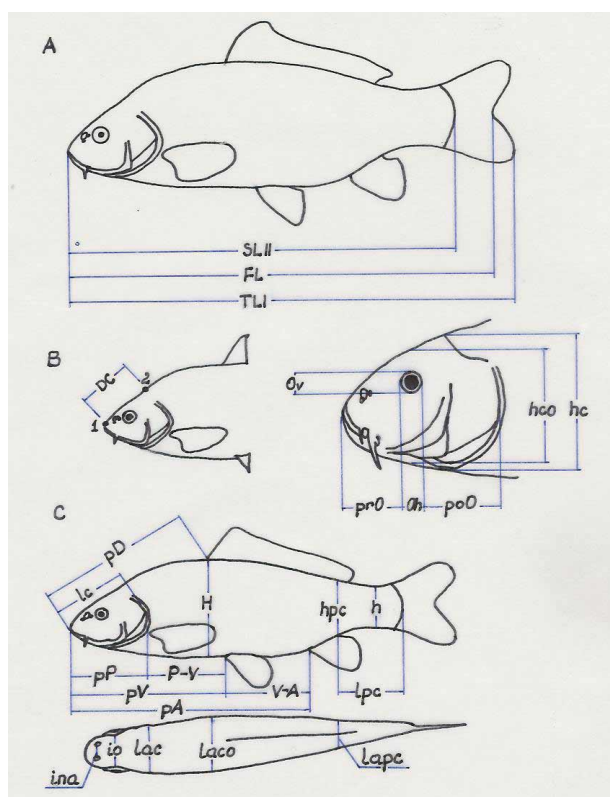
Tabela 1. Charakterystyka, oznaczenia prób i wielkość próby karpia pochodzących z ZliGR Gołysz, RZD Zator i GR Olsztyn. Rodzaj materiału: K_{1-w}-narybek wiosenny, K_t-tarlaki, K₂-kroczek, K_s-selekt (zgodnie z Polską Normą 1983 [7]).

Linia	Oznaczenie grupy	Rodzaj materiału (wielkość próby)
W (węgierska linia W)	NWG	K _{1-w} (100)
K (polska linia K)	K7	K _t (100)
P3-G (polska linia 3)	L3GO-K	K ₂ (100)
P3-G (polska linia 3)	L3GG	K ₂ (100)
Z (polska linia zatorska Z)	ZZ	K _s (100)
Z (polska linia zatorska Z)	ZZ3L	K _s (68)
WZ (węgierska linia zatorska W)	W	K _s (100)
WZ (węgierska linia zatorska W)	WZ3L	K _s (43)
KOM ryba komercyjna GR	KOM	K ₂ (100)

Tabela 2. Charakterystyka i oznaczenia prób karpia pochodzących ze stawów doświadczalnych ZLiGR Gołysz (wielkość próby wynosiła 100 ryb z każdego stawu; rodzaj materiału K_{1,j} – narybek jesienny – zgodnie z Polską Normą 1983 [7]).

Linia	Oznaczenie podgrupy	Wielkość obsady wyjściowej stawu [szt]
W0 (węgierska linia 0)	DG5	3000
	DG21	1500
	DG29	4500
K (polska linia K)	DG3	3000
	DG11	3000
	DG19	1500
P2-G (polska linia 2)	DG27	4500
	DG6	3000
	DG14	3000
W7 (węgierska linia 7)	DG22	1500
	DG30	4500
	DG8	3000
	DG16	3000
	DG24	1500
	DG32	4500

Przed wykonaniem pomiarów ryby usypiano w roztworze anestetyku (2-phenoxy-ethanol) a następnie przyżyciowo dokonywano pomiarów przy użyciu suwmiarki (o dokładności do 0,01 mm). Masę ryb określano z dokładnością do 1 g.



Rys. 1. Schematy pomiarów morfologicznych karpia *Cyprinus carpio* L. (oznaczenia jak w tabeli 3; Holcik 1998, zmodyfikowane przez autorkę); A) Schemat pomiarów długości ciała. B) Schemat pomiaru DC (długość czola (według schematu *truss system*) i pomiarów morfologicznych części głowowej. C) Schemat pomiarów morfologicznych pokroju ciała.

Analiza biometryczna objęła 26 cech mierzalnych. Jako długości ciała mierzono odległości wzdłuż osi ciała: długość standardową ciała – od początku pyska do nasady płetwy ogonowej (SLII), długość ogonową ciała – od początku pyska do rozwidlenia ogona (FL) oraz długość całkowitą ciała – od początku pyska do końca promieni twardych płetwy ogonowej (TLI). Pomiarów pozostałych cech mierzalnych dokonywano według schematu Pravdina [9] w modyfikacji Holcika [3] (rys. 1).

W tabeli 3 zamieszczono symbole przyjęte dla oznaczenia poszczególnych cech.

Tabela 3. Symbole przyjęte dla mierzonych cech morfologicznych karpia (skrót według Holcika 1998).

Cechy		
Symbol	Skrót	Nazwa cechy
X ₁	lc	długość głowy
X ₂	lpc	długość zagrzbietowa
X ₃	laco	największa grubość ciała
X ₄	lapc	grubość ciała zagrzbietowa
X ₅	lac	szerokość głowy
X ₆	pD	długość przedgrzbietowa
X ₇	pP	długość przedpiersiowa
X ₈	pV	długość przedbrzuszną
X ₉	pA	długość przedanalną
X ₁₀	H	największa wysokość ciała
X ₁₁	hpc	wysokość zagrzbietowa
X ₁₂	h	najmniejsza wysokość ciała
X ₁₃	P-V	odległość między płetwami piersiową i brzusznią
X ₁₄	V-A	odległość między płetwami brzusznią i odbytową
X ₁₅	io	odległość międzyocznna
X ₁₆	ina	odległość między wąsikami
X ₁₇	prO	długość przedocznna
X ₁₈	Ov	szerokość oka
X ₁₉	Oh	wysokość oka
X ₂₀	PoO	długość zaocznna
X ₂₁	hco	długość szczęki dolnej
X ₂₂	hc	wysokość głowy
X ₂₃	TLI	długość całkowita ciała
X ₂₄	SLII	długość ciała
X ₂₅	FL	długość ogonowa
*X ₂₆	DC	długość czola
*X ₂₇	W	masa
*X ₂₈	Wg	masa części głowowej
*X ₂₉	Wt	masa tuszy

* – cechy wprowadzone przez autorkę

Badane cechy morfologiczne podzielono na dwa zbiory: 1) cechy mierzalne uzyskane z pomiarów oraz 2) indeksy hodowlane. Indeksy hodowlane obliczono według wzorów podanych przez Czubak [2]. Ponieważ ryby różnych linii hodowlanych oraz ryby w obrębie poszczegól-

nych linii różniły się wielkością, wszystkie miary morfologiczne zostały wyrażone w wartościach bezwzględnych oraz w postaci wskaźników procentowych, odzwierciedlających związki poszczególnych cech z długością ciała (SLII) i długością głowy (lc). Przy obliczaniu wskaźników procentowych nie użyto wartości długości całkowitej (TLI) ze względu na często występujące uszkodzenia płetwy ogonowej.

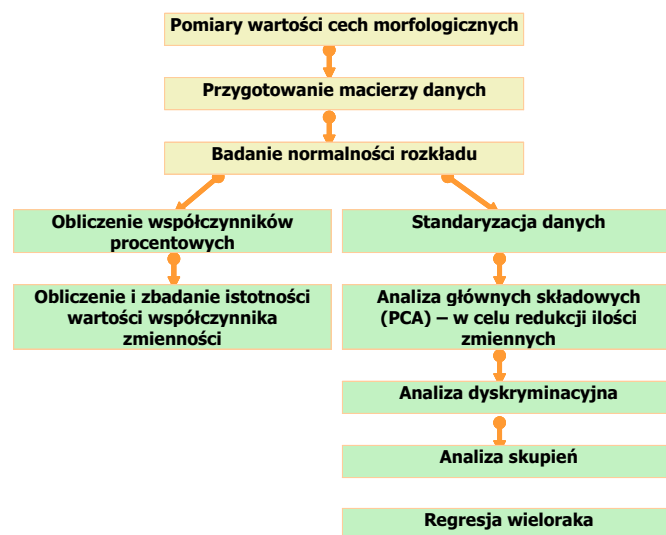
Po zmierzeniu wszystkich badanych parametrów ryby przenoszono do czystej wody w celu wybudzenia, a następnie do stawu. Część ryb została zamrożona i przewieziona do Uniwersytetu Warmińsko-Mazurskiego w Olsztynie do badań związków cech mierzalnych z wydajnością rzeźną karpia. Pomiarów dokonywano po całkowitym rozmrożeniu ryb. Mierzono masę całej ryby, masę tuszy oraz masę części głowowej. Zbadano 798 ryb o masie od 0,2 do 2,2 kg. Każda ryba była ważona w całości, następnie zabijana, patroszona i ponownie ważona, aby określić masę tuszy. Tusze były ważone ze skórą. Następnie rybę dekapitowano i określano masę części głowowej. Wydajność rzeźna ryby była definiowana jako stosunek masy tuszy do całkowitej masy ryby.

2.1 Przyjęty schemat postępowania podczas opracowywania wartości cech morfologicznych

- 1 Sprawdzono rozkłady wartości poszczególnych zmiennych. Dla wszystkich cech obliczono: wartość średnią (\bar{x}), wariancję (s^2) i odchylenie standardowe (SD) oraz określono wartość minimalną (MIN) i maksymalną (MAX). Badanie rozkładu wartości zmiennych przeprowadzono dla wszystkich ryb łącznie oraz z podziałem na linie hodowlane. Do zbadania normalności rozkładu wartości badanych cech przeprowadzono test normalności Shapiro-Wilka [16].
- 2 Sformułowano i zbadano hipotezę zerową o braku różnic pomiędzy średnimi wartościami cech mierzalnych poszczególnych linii karpia. Do testowania tej hipotezy posłużono się analizą wariancji, którą przeprowadzono na poziomie istotności $\alpha=0,05$.
- 3 Obliczono współczynnik zmienności zbadanych cech mierzalnych w obrębie każdej badanej linii hodowlanej oraz dla ryb wszystkich linii łącznie. Cechy, dla których wartość

współczynnika zmienności była niższa niż 10%, uznano za mało plastyczne [12].

- 4 Dla każdej ryby obliczono indeksy hodowlane według wzorów podanych przez Czubak [2] oraz współczynniki charakteryzujące ryby jako surowiec dla przemysłu spożywczego (Polska Norma 1999 [8]).
- 5 Zmienne podzielono na zmienne charakteryzujące pokrój ciała oraz wielkość i kształt głowy. Wartości pomiarów zamieniono na współczynniki procentowe odpowiednio długości ciała (SLII) ryby i długości głowy (lc).
- 6 Wszystkie wartości mierzonych cech poddano standaryzacji (średnia cechy standaryzowanej jest równa 0, a jej odchylenie standardowe jest równe 1), co pozwala na porównywanie średnich różnych cech. Dane standaryzowane zostały użyte w analizie skupień.
- 7 Przeprowadzono analizę głównych składowych (PCA) w celu sprawdzenia możliwości uproszczenia opisu powiązanych ze sobą zmiennych.
- 8 Przeprowadzono analizę skupień w celu zbadania związków pomiędzy liniami oraz określenia, które cechy mierzalne umożliwiają różnicowanie osobników należących do poszczególnych badanych linii hodowlanych.
- 9 Metoda regresji wielorakiej posłużyła do ustalenia zależności pomiędzy masą tuszy a cechami morfologicznymi.



Rys. 2. Proponowany schemat analizy wyników badań morfologicznych ryb.

2.2 Analiza statystyczna danych morfologicznych

2.2.1 Analiza głównych składowych (PCA)

Analizę głównych składowych wykonano dla wszystkich ryb łącznie i dla ryb każdej linii hodowlanej oddzielnie. Zastosowanie tej metody miało na celu stwierdzenie związków wewnątrzliniowych karpia i redukcję dużej liczby zmiennych (cech). Na podstawie analizy głównych składowych wybrano cechy, których wartości były wysoce skorelowane z pierwszymi trzema głównymi składowymi. Zastosowano znormalizowaną rotację czynników varimax, aby otrzymać najprostszą i czytelną strukturę czynników.

Wyniki analizy głównych składowych pozwoliły pogrupować karpie pochodzące z różnych linii hodowlanych, nie przyjmując żadnych wstępnych założeń. Za pomocą analizy wariancji testowano hipotezę o tym, że dla cech wybranych w analizie głównych składowych różnice pomiędzy ich średnimi wartościami są statystycznie istotne. Poziom istotności badano, stosując test Tukeya.

Te cechy morfologiczne, których wartości średnie istotnie różnicowały linie karpia, zostały wykorzystane do przeprowadzenia kanonicznej analizy dyskryminacyjnej.

2.2.2 Kanoniczna analiza dyskryminacyjna (CDA)

Analiza dyskryminacyjna została zastosowana do zbadania różnic morfologicznych pomiędzy badanymi liniami ryb oraz w celu sprawdzenia mocy dyskryminacyjnej zbioru cech wybranych w analizie PCA.

Analiza dyskryminacyjna posłużyła również jako metoda klasyfikująca, do oceny poprawnych przyporządkowań poszczególnych osobników do odpowiednich linii hodowlanych.

2.2.3 Analiza skupień

Analizę skupień zastosowano do zbadania podobieństwa pomiędzy badanymi liniami karpia. Posłużyła ona do podziału zbioru danych na podzbiory, w których znajdowały się najbardziej zbliżone do siebie linie. Zgromadzone dane grupowano, stosując metodę wiązania UPGMA. Wyniki analizy przedstawiono w postaci dendrogramów. Jako miarę podobieństwa stosowano odległość euklidesową.

2.2.4 Regresja wieloraka

Badano związki pomiędzy wartościami cech morfologicznych a masą tuszy. Podczas ustalania modelu zmiennej zależnej (masy tuszy) kolejno eliminowano zmienne niezależne, których wartości okazały się nieistotne statystycznie. Po ustaleniu ostatecznej liczby cech morfologicznych wchodzących do modelu masy tuszy przeprowadzono analizę reszt. Obliczono współczynniki regresji cząstkowej, których wartość informuje, o ile zmieni się wartość masy tuszy, jeżeli wartość cechy przy której stoi współczynnik regresji wzrośnie o jednostkę, a wartości pozostałych cech morfologicznych nie ulegną zmianie.

3 WYNIKI

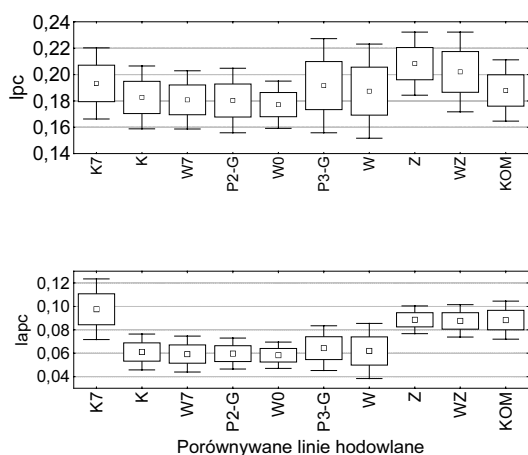
3.1 Badanie normalności rozkładu wartości cech morfologicznych

Wyniki testu Shapiro-Wilka dla wszystkich badanych ryb, nie podzielonych na poszczególne linie hodowlane nie pozwalają na przyjęcie założenia o normalności rozkładu wartości cech badanej próby ryb. Z tego powodu wykonano badanie rozkładu zmiennych z podziałem na poszczególne linie i grupy wiekowe. Analiza ta pozwoliła na stwierdzenie, iż rozkład wartości zmiennych staje się normalny wraz z wiekiem ryb. W tabeli 4 znajdują się podstawowe parametry opisowe zmiennych dla całej badanej próby ryb.

W celu zbadania różnic pomiędzy średnimi wartościami cech morfologicznych poszczególnych linii i pomiędzy liniami zmienne analizowano za pomocą nieparametrycznej alternatywy analizy wariancji – testu Kruskala-Wallisa. Wyniki tego testu dla wszystkich linii wskazywały, że wartości cech morfologicznych ryb pochodzących z różnych linii różniły się istotnie, a liczba cech różnicujących badane linie wzrastała wraz z wiekiem ryb. Wykazane zróżnicowanie wartości cech morfologicznych pozwoliło podjąć decyzję o stosowaniu w dalszej części pracy analizy dyskryminacyjnej. Przykładowe zróżnicowanie wartości współczynników procentowych cech l_{pc} i l_{apc} obliczonych w stosunku do długości ciała SLII przedstawiono na rys. 3.

Tabela 4. Parametry opisowe badanych cech morfologicznych dla wszystkich ryb: N–liczba ryb, u których mierzono cechę; \bar{x} – średnia; MIN–wartość minimalna; MAX–wartość maksymalna; S^2 –wariancja, SD–odchylenie standardowe, S_d –błąd standardowy średniej. Oznaczenia cech morfologicznych – zob. tabela 3.

Cecha	N	\bar{x}	Min	Max	S2	SD	Sd
SLII	2189	210,77	60,00	604,00	12181,759	110,371	2,359
FL	2081	227,39	75,00	657,00	13881,694	117,821	2,583
TLI	2012	253,08	0,00	714,00	15968,656	126,367	2,817
pV	2189	111,69	28,70	497,10	3222,678	56,769	1,227
pP	2189	62,89	3,30	153,80	743,118	27,260	0,589
P-V	2189	48,79	11,40	432,00	922,730	30,376	0,657
V-A	2189	62,36	14,50	190,00	1238,021	35,186	0,761
pA	2189	174,05	50,50	556,90	8379,631	91,540	1,979
lpc	2189	39,92	6,50	122,60	527,170	22,960	0,491
hpc	2187	37,38	6,60	117,70	497,949	22,315	0,477
h	2189	30,54	2,50	89,60	300,318	17,330	0,370
H	2189	85,37	19,60	227,00	1889,749	43,471	0,929
lc	2189	63,13	18,20	159,80	768,281	27,718	0,592
pD	2189	106,97	8,10	298,00	2875,132	53,620	1,146
ina	2189	11,95	3,00	36,50	46,774	6,839	0,148
io	2189	24,87	0,90	93,30	157,265	12,541	0,271
lac	2189	41,37	11,90	103,40	329,689	18,157	0,393
laco	2189	43,38	8,70	146,30	610,628	24,711	0,528
lapc	2189	15,35	2,50	92,60	139,768	11,822	0,256
Oh	2189	9,53	1,60	101,00	16,139	4,017	0,087
Ov	2189	9,49	4,10	21,70	11,596	3,405	0,074
prO	2189	29,16	6,00	65,30	119,197	10,918	0,233
poO	2189	26,50	1,80	83,90	246,164	15,690	0,335
hco	2189	46,76	10,90	98,40	237,685	15,417	0,330
hc	2189	41,17	11,40	326,00	697,390	26,408	0,564
DC	1393	38,98	3,80	78,70	75,738	8,703	0,233



Rys. 3. Średnie i odchylenia standardowe wartości współczynników procentowych cech morfologicznych (symbole linii jak w tabelach 1 i 2; symbole cech jak w tabeli 3).

3.2 Analiza współczynnika zmienności

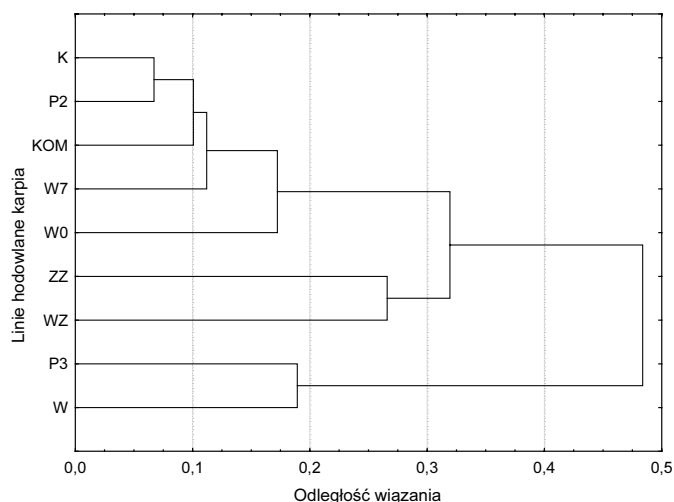
Wartość współczynnika zmienności obliczono dla wartości bezwzględnych cech mierzalnych i stosunków procentowych, obliczonych w odniesieniu do długości ciała i głowy. Za Rusczy-cem [12] przyjęto jako granicę istotności wartość 10%. Wszystkie badane cechy wykazują dużą zmienność. Bezwzględne wartości cech w dużej mierze odzwierciedlają liniowe przyrosty ciała w kolejnych latach życia.

3.3 Korelacje

W celu zilustrowania powiązań między badanymi cechami obliczono macierz korelacji. Wszystkie współczynniki korelacji okazały się istotne statystycznie na poziomie istotności 0,05.

3.4 Analiza skupień

Wyniki analizy skupień pozwoliły na wyodrębnienie trzech skupień. Przy formowaniu skupień posłużono się metodą średnich połączeń UPGMA. Otrzymany dendrogram przedstawia rys. 4.



Rys. 4. Dendrogram zróżnicowania linii karpia na podstawie analizy cech morfologicznych, otrzymany metodą średnich połączeń UPGMA (oznaczenia jak w tabeli 1, 2).

Pierwsze z nich utworzyły karpie linii K, P2, KOM, W7 i W0. Odległość połączenia między osobnikami należącymi do linii K i P2 wynosi 0,067. Oznacza to, iż karpie tych linii są do siebie najbardziej podobne. W odległości 0,10 w skupieniu tym plasują się karpie zakupione jako handlowka do badań wydajności KOM, a dalej do skupienia dołączają karpie z linii W7

(odległość 0,11) oraz w odległości 0,17 karpie linii W0. Drugie skupienie tworzą linie pochodzące z gospodarstwa w Zatorze (linie ZZ i WZ, odległość 0,27). Odległość pomiędzy pierwszym skupieniem a drugim wynosi 0,32. Trzecie skupienie tworzą linie W i w odległości 0,19 linia P3. Odległość tego skupienia od dwu pozostałych wynosi 0,48.

Przeprowadzono analizę wariancji w celu zbadania istotności różnic między średnimi wartościami cech mierzalnych pomiędzy skupieniami.

Spośród wszystkich mierzonych cech tylko osiem miało wartości istotnie różne statystycznie na poziomie istotności 0,05. Były to następujące cechy: długość całkowita (TLI), długość ciała (SLII), (lpc), (h), (prO), (hco), (hc), (DC). Wyniki analizy wariancji wartości cech pozwalających na klasyfikowanie ryb zawiera tabela 5.

Tabela 5. Wyniki jednoczynnikowej analizy wariancji dla cech morfologicznych różnicujących w analizie skupień (F – wartość statystyki testowej analizy wariancji; p – oszacowanie prawdopodobieństwa istotności statystycznej wartości F).

Cecha	TII	SLII	lpc	h	prO	hco	hc	DC
F	25,35	71,27	23,51	5,66	15,48	26,82	6,96	179,02
p	0,000	0,000	0,000	0,040	0,000	0,000	0,030	0,000

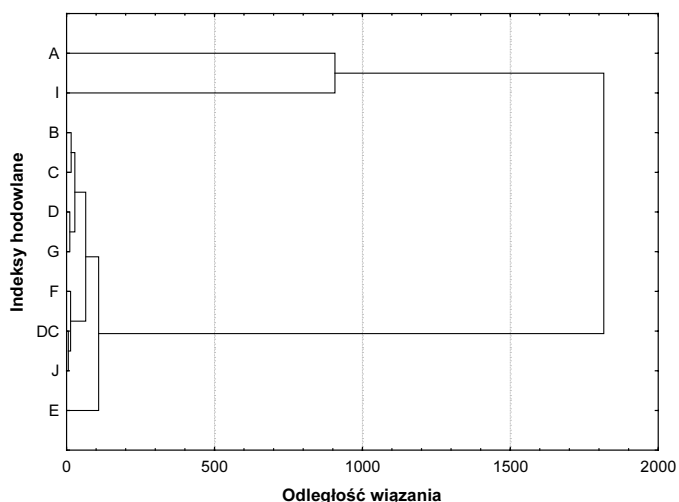
W tabeli 6 zawarto wartości średnie cech różnicujących w poszczególnych skupieniach. Drukiem wytłuszczonym zaznaczono średnie największe, zaś kursywą najmniejsze. Skupienie pierwsze stanowią ryby charakteryzujące się najwyższymi współczynnikami procentowymi cech TII, SLII, prO, hco, hc i długości czoła oraz najniższych hc i lpc. Skupienie drugie tworzą ryby o najwyższych wartościach współczynników procentowych cech lpc, h i hc oraz najniższych długości czoła, hco i prO. Skupienie trzecie tworzą ryby o najniższych wartościach współczynników procentowych cech TII, SLII, h, oraz przeciętnych wartościach pozostałych cech.

Tabela 6. Wartości średnie cech różnicujących wyłonionych skupień.

Skupienie	TII	SLII	Lpc	h	prO	hco	hc	DC
1	1,09	1,17	0,18	0,15	0,15	0,26	0,18	0,20
2	1,04	1,14	0,21	0,16	0,12	0,17	0,23	0,00
3	0,83	0,82	0,19	0,13	0,14	0,22	0,22	0,02

3.5 Analiza skupień indeksów hodowlanych

Przy formowaniu skupień posłużono się metodą średnich połączeń UPGMA. Otrzymany dendrogram przedstawiał dwa skupienia (rys. 5). Wyraźnie wydzielone jest skupienie, które utworzyły wartości indeksów A (długość ciała w % długości całkowitej) oraz I (współczynnik owalności). Indeksy te zależą od cech TLI, SLII, H, laco, czyli miar długości, szerokości i wysokości ciała. Drugie skupienie tworzą pozostałe indeksy. W drugim skupieniu interesujące jest skupienie wartości indeksów D (wskaźnik długości głowy) i G (współczynnik Fultona) oraz wartości cechy DC (długość czoła) i indeksu J (wydajność tuszy). Wyniki sugerują zależności pomiędzy wartościami cech opisujących wymiary części głowowej a wartościami indeksów rzeźnych ryby. Odległości połączeń zostały zawarte w tabeli 7.



Rys. 5. Dendrogram różnicowania indeksów hodowlanych linii karpia na podstawie analizy cech morfologicznych, otrzymany metodą analizy skupień.

Tabela 7. Odległości skupień indeksów hodowlanych.

Odległości	Skupienia									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
6,212	DC	J								
11,204	D	G								
13,845	F	DC	J							
15,423	B	C								
28,377	B	C	D	G						
64,540	B	C	D	G	F	DC	J			
108,332	B	C	D	G	F	DC	J	E		
907,365	A	I								
1816,492	A	I	B	C	D	G	F	DC	J	E

3.6 Analiza głównych składowych

Wyniki pozwoliły na wyodrębnienie 24 cech morfologicznych umożliwiających wyróżnienie pięciu morfotypów badanych linii hodowlanych karpia. Wyróżnione cechy były skorelowane z trzema czynnikami (składowymi głównymi), z których pierwsza składowa główna PC1 wyjaśniła 89,4% obserwowanej zmienności. Kolejne składowe wyjaśniły odpowiednio: druga 3,6%, trzecia 2,2% obserwowanej zmienności. Współczynniki zestawione w tabeli 8 wskazują wkład wartości każdej cechy do wartości składowych głównych.

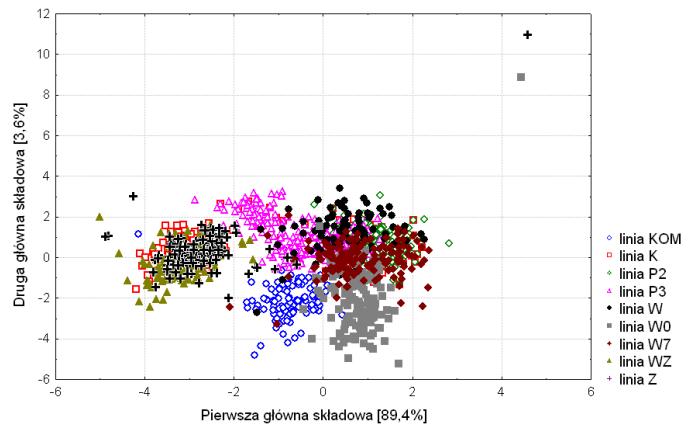
Tabela 8. Wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla badanych cech i trzech czynników. Wartości korelacji cech z czynnikami o $r \geq 0,60$ wytłuszczono (symbole cech jak w tabeli 3).

	Czynniki główne		
	1	2	3
Wyjaśniana wariancja (%)	89,4	3,6	2,2
Cecha	Ładunki czynnikowe		
SLII	0,22	-0,00	-0,06
TLI	0,25	-0,00	0,01
FL	0,19	0,00	-0,03
pV	0,49	0,09	0,53
pP	0,28	0,19	0,69
P-V	0,53	-0,00	0,29
V-A	0,52	-0,19	-0,25
lpc	-0,27	-0,02	0,44
hpc	0,73	-0,09	-0,24
h	0,67	-0,12	-0,07
H	0,61	-0,05	0,37
lc	0,03	0,03	0,26
pD	0,17	0,12	0,35
ina	0,24	0,83	-0,23
io	0,06	0,88	-0,02
lac	-0,08	0,89	0,21
laco	0,65	-0,02	0,02
lapc	-0,40	-0,49	0,60
OH	-0,31	0,81	0,24
OV	-0,33	0,80	0,25
prO	-0,46	0,74	-0,03
poO	0,57	0,05	-0,15
hco	-0,43	0,75	-0,06
hc	0,15	0,29	-0,20
DC	-0,03	0,06	0,21

Rozdział linii oparto na składowej drugiej, traktowanej jako składowa informacji o kształcie. Druga składowa przedstawiała kontrast pomiędzy większością pomiarów głowy i szerokości ciała a pozostałymi pomiarami ciała. Wyniki PCA wskazują, iż ryby z badanych

linii hodowlanych należą do różnych form morfologicznych.

Na diagramie rozrzutu ryb badanych linii hodowlanych (rys. 6), nakładają się punkty, dotyczące ryb z linii zatorskich (WZ i Z) i polskiej linii K (K) z Gołysza. Wśród punktów obrazujących ryby pochodzące z Gołysza obserwowano nakładanie się na siebie węgierskiej linii 7 (W7) i polskiej linii 2 (P2-G) oraz węgierskiej linii W (W), węgierskiej linii 7 (W7) i polskiej linii K (K). Pierwsza składowa oddzieliła wyraźnie karpie polskiej linii 3 (P3-G), linii węgierskiej 0 (W0) i ryb oznaczonych KOM.



Rys. 6. Diagram rozrzutu punktów, symbolizujących poszczególne osobniki badanych linii hodowlanych karpia, względem pierwszej i drugiej głównej składowej (oznaczenia linii jak w tabeli 1 i 2).

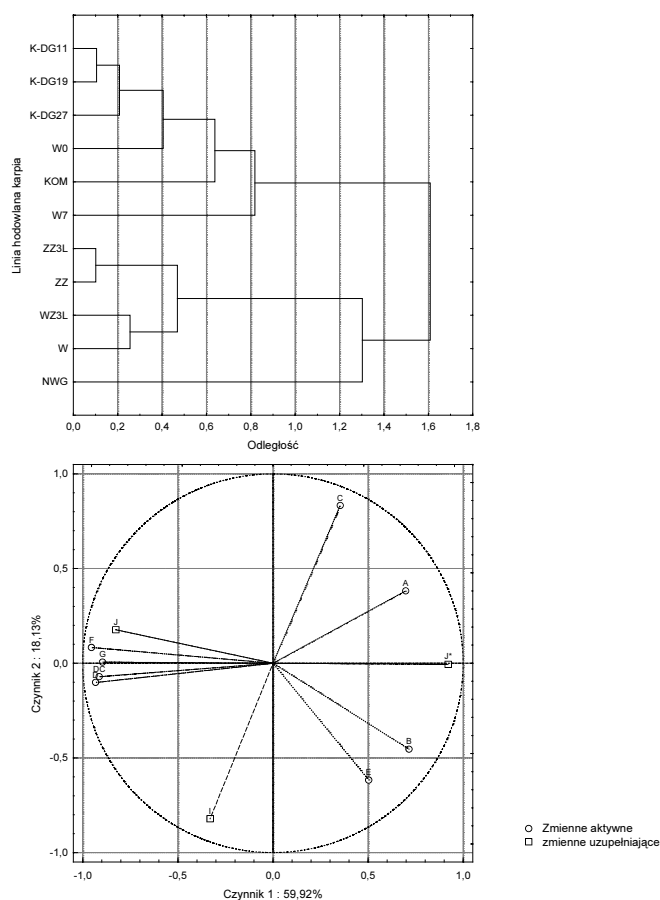
Tabela 9. Wyniki analizy głównych składowych dla indeksów hodowlanych; wyjaśniana wariancja oraz ładunki czynnikowe dla badanych indeksów i trzech czynników. Wartości korelacji indeksów z czynnikami o $r \geq 0,6$ wytłuszczono.

	Czynniki główne		
	1	2	3
Wyjaśniana wariancja (%)	59,92	18,13	4,3
Indeks	Ładunki czynnikowe		
A	0,698	0,382	0,280
B	0,715	-0,455	0,345
C	0,353	0,833	-0,399
D	-0,932	-0,101	-0,131
E	0,504	-0,617	-0,559
F	-0,954	0,083	0,073
G	-0,596	0,006	0,816
I	-0,331	-0,821	0,448
J	-0,826	0,177	0,482

Wyniki analizy głównych składowych (PCA) wartości obliczonych indeksów hodowlanych oraz procenty wyjaśnianej zmienności przedstawiono w tabeli 9. Pierwsza główna składowa

wyjaśniła 59,9% obserwowanej zmienności, druga i trzecia składowa wyjaśniły odpowiednio 18,1% i 4,3% pozostałej zmienności.

Z czynnikiem pierwszym związane są indeksy A (długości ciała w procentach długości całkowitej), B (indeks wygrzbiecienia), D (wskaźnik długości głowy), F (indeks jednostki masy na jednostkę długości ciała) i J (wydajność tuszy). Z czynnikiem drugim indeksy I (owalności ciała), E (długości trzona ogonowego) i C (szerokości ciała). Z czynnikiem trzecim skorelowany jest indeks G, czyli współczynnik Fultona.



Rys. 7. Odległości euklidesowe linii hodowlanych oraz układ współrzędnych głównych składowych (pierwszej i drugiej), otrzymane w wyniku analizy indeksów hodowlanych. A–skupienia linii, B–zgrupowania indeksów (oznaczenia jak w tabelach 1, 2).

Dla indeksów selekcyjnych przeprowadzono również analizę skupień. Pozwoliła ona na wyraźne wyróżnienie linii hodowlanych pochodzących z Zatora i linii węgierskiej z Gołysza, karpki oznaczonej jako KOM oraz karpki pochodzących ze stawów doświadczalnych w Gołyszu (z wyraźnym wydzieleniem linii K) (rys. 7a). Pierwsze skupienie utworzyły karpki linii K, W0, KOM i W7. Odległość między nimi

wynosiła 0,1 dla prób oznaczanych DG19 i DG11. W odległości 0,2 znalazła się grupa oznaczona jako DG27. W ten sposób otrzymano skupienie linii K. Odległość pomiędzy osobnikami należącymi do linii K i W0 wynosi 0,4. W odległości 0,65 w skupieniu tym plasują się karpki (KOM), a dalej w skupieniu dołączają karpki z linii W7 (odległość 0,83). Drugie skupienie tworzą linie hodowlane pochodzące z gospodarstwa w Zatorze (próby ZZ3L i ZZ, odległość 0,11 i próby WZ3L i W – odległość 0,27). W odległości 1,3 znajduje się w tym skupieniu linia W (próba oznaczona jako NWG). Odległość między pierwszym i drugim skupieniem wynosi 1,6. Na rys. 7b przedstawiono wykres współrzędnych głównych składowych indeksów hodowlanych. Przedstawia on korelację pomiędzy czynnikiem (główną składową) a obliczonym indeksem hodowlanym. Umożliwia on stwierdzenie, że wszystkie indeksy są dobrze reprezentowane przez główne składowe.

3.7 Analiza dyskryminacyjna

Przeprowadzona analiza dyskryminacyjna potwierdziła wybór ośmiu cech morfologicznych (z grupy cech wyłonionej w analizie PCA), które umożliwiają rozróżnianie osobników linii hodowlanych karpia (tabela 10).

Tabela 10. Wartości mocy dyskryminacyjnej dla ośmiu cech morfologicznych (symbole cech jak w tabeli 3).

Cecha	Lambda Wilksa	Cząstkowa lambda Wilksa	F	Poziom p
SLII	0,17	0,96	10,47	0,00
lc	0,17	0,93	21,35	0,00
lpc	0,27	0,60	183,97	0,00
h	0,18	0,90	31,76	0,00
DC	0,17	0,98	6,02	0,00
hc	0,19	0,85	48,26	0,00
prO	0,19	0,87	42,01	0,00
hco	0,19	0,87	41,34	0,00

Wartości cząstkowej *lambda* Wilksa wskazują na wkład danej cechy do ogólnego modelu funkcji dyskryminacyjnej. Wyniki zawarte w tabeli 10 wskazują, że cechą najbardziej wpływającą na moc różnicującą funkcji dyskryminacyjnej jest lpc (długość zagrzbietowa).

Wartość własna, świadcząca o mocy dyskryminacyjnej dla pierwszej funkcji dyskryminu-

jącej wynosi 2,62, natomiast wartość λ Wilksa dla tej funkcji wynosi 0,404. (tabela 11).

Tabela 11. Funkcje dyskryminacyjne uzyskane w wyniku analizy cech morfologicznych karpia.

Funkcja dyskryminacyjna	Wartość własna	R	λ Wilksa	Chi ²	Poziom p
0	3,499	0,894	0,16	3972,240	0,000
1	2,620	0,886	0,40	1976,356	0,000
2	0,283	0,793	0,70	756,795	0,000
3	0,109	0,313	0,83	390,457	0,000
4	0,067	0,250	0,92	165,679	0,000
5	0,006	0,080	0,98	24,715	0,003
6	0,004	0,061	0,99	10,702	0,030
7	0,001	0,035	0,99	2,626	0,105

Oznacza to, że pierwsza funkcja dyskryminacyjna ma największą moc dyskryminującą i że średnie arytmetyczne wartości funkcji dyskryminacyjnych badanych linii hodowlanych nie są równe (tabela 12). Świadczy to o zmienności międzyliniowej. Współczynnik korelacji kanonicznej jest wysoki i wynosi 0,886, co oznacza, iż większa część całkowitej zmienności jest wyjaśniana przez różnice w wartościach cech morfologicznych badanych linii karpia.

Tabela 12. Średnie arytmetyczne wartości funkcji dyskryminacyjnych (CV1, CV2, CV3, CV4, CV5), oznaczenia linii hodowlanych karpia jak w tabelach 1, 2.

Linia	CV1	CV2	CV3	CV4	CV5
DG14	0,77	1,22	-0,15	-1,04	0,27
L3GG	0,01	0,44	-0,01	-0,17	0,06
DG27	1,07	0,62	0,07	-0,03	0,23
WZ3L	-0,59	-0,96	0,02	0,16	0,32
ZZ3L	-0,51	-1,53	-1,58	-0,26	-0,56
L3GO-K	-0,44	0,63	-0,41	0,63	0,07
WZ	-0,84	-0,35	0,53	-0,00	-0,36
NWG	-1,14	-0,25	0,15	0,06	-0,30
ZZ	-1,40	-1,35	0,04	0,29	0,05
DG11	1,76	1,60	-0,04	0,09	0,12
DG19	1,32	0,98	-0,17	0,23	-0,06

Pierwsza funkcja kanoniczna wyjaśnia 57% obserwowanej wariancji (tabela 13).

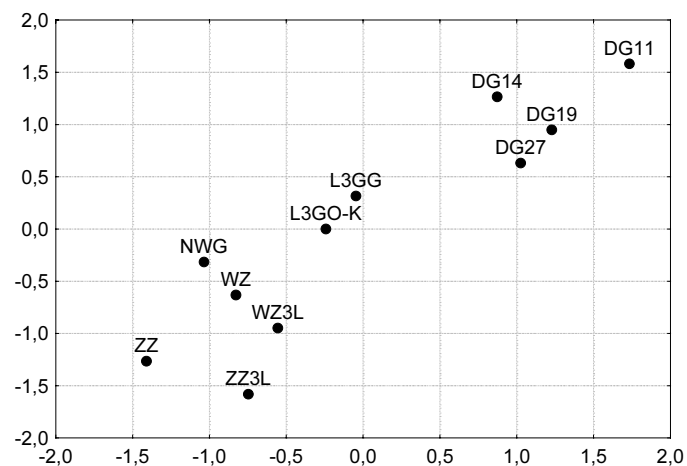
Wartości współczynników struktury czynnikowej wskazują, że pierwsza funkcja dyskryminacyjna związana jest z następującymi wartościami cech morfologicznych – długością za- grzbietową (lpc), długością przedoczną (prO) i długością szczęki dolnej (hco). Dzięki tej

funkcji można wyróżnić karpie linii zatorskiej (ZZ i ZZ3L), polskiej K (knyszyńskiej) (DG11, DG19, DG27) i polskiej 2 (DG14). Pozostałe linie nie są jednoznacznie wyróżnialne. Druga funkcja kanoniczna wyjaśnia 29%, natomiast trzecia 7% obserwowanej wariancji.

Tabela 13. Standaryzowane współczynniki funkcji dyskryminacyjnych (CV1, CV2, CV3, CV4, CV5), (oznaczenia cech jak w tabeli 3).

Cechy	CV1	CV2	CV3	CV4	CV5
SLII	-0,17	-0,14	0,35	-0,57	0,88
lc	0,13	0,21	-0,48	0,89	-1,46
lpc	-0,37	-0,90	0,23	-0,00	-0,24
h	-0,66	0,62	0,59	0,41	-0,06
DC	-0,27	0,23	0,25	0,35	0,46
hc	0,85	-0,48	-0,56	-1,59	-0,63
prO	0,02	0,27	1,77	0,39	-0,17
hco	0,51	-0,59	-1,06	-0,04	0,44
Procent wyjaśnianej łącznej wariancji	57	86	93	97	100

Z drugą funkcją dyskryminacyjną wysoko ujemnie skorelowana jest wartość cechy lpc (długość za- grzbietowa). Dzięki tej funkcji można wyraźnie wyróżnić linie: polską 3 (L3GG i L3GO-K), węgierską zatorską (WZ i WZ3L) i węgierską (NWG) (rys. 8).



Rys. 8. Wykres rozrzutu funkcji dyskryminacyjnej badanych linii karpia (oznaczenia linii hodowlanych jak w tabeli 1 i 2).

Wyniki analizy dyskryminacyjnej wskazują, że najbardziej wyraźne rozróżnienie linii karpia można uzyskać dzięki pierwszej funkcji dyskryminacyjnej.

3.8 Analiza wydajności tuszy

Aby zbadać udział poszczególnych cech mierzalnych w modelu masy tuszy, przeprowadzono analizę regresji wielorakiej. Wynik analizy dla cech istotnych dla modelu zamieszczono w tabeli 14.

Tabela 14. Wyniki analizy regresji wielorakiej wartości cech morfologicznych (Cechy) oraz masy ryby, masy części głowowej i masy tuszy (oznaczenia cech jak w tabeli 3).

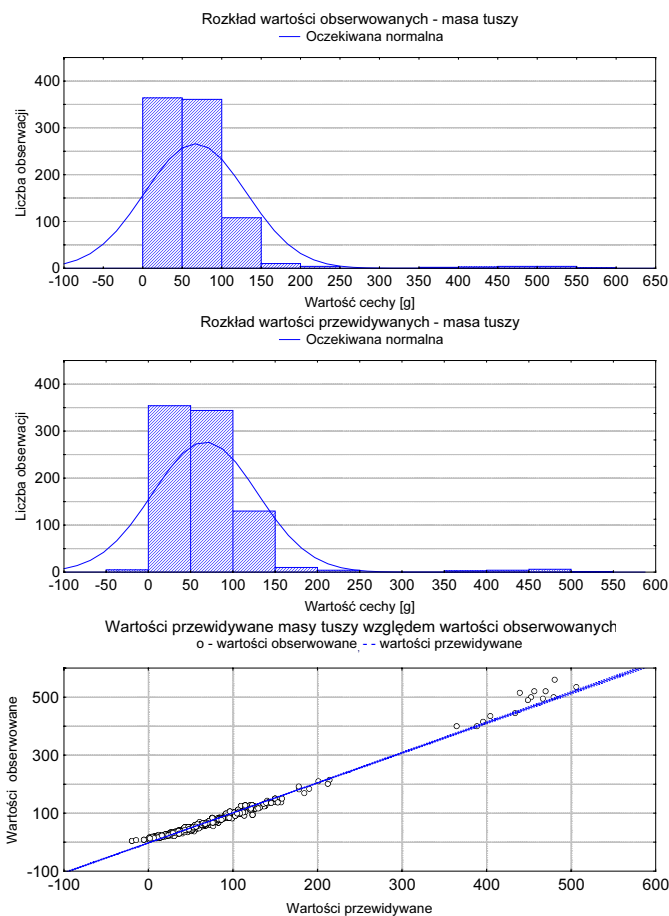
Cechy	β	Błąd standardowy	t(773)	p
Wyraz wolny	-70,894	7,147	-9,918	0,000
W	0,269	0,012	20,948	0,000
P-V	0,589	0,168	3,499	0,000
lpc	0,578	0,207	2,784	0,005
hpc	1,725	0,218	7,882	0,000
h	0,606	0,207	2,925	0,003
io	-0,737	0,308	-2,391	0,017
lapc	2,796	0,365	7,643	0,000
Oh	4,578	1,113	4,112	0,000
Ov	3,616	1,060	3,408	0,000
prO	-1,043	0,299	-3,479	0,000
hco	-0,505	0,176	-2,853	0,004
hc	-0,857	0,255	-3,359	0,000
DC	-0,426	0,179	-2,373	0,017
W _g	0,589	0,060	9,807	0,000

Wyniki analizy regresji wielorakiej cech morfologicznych pozwalają na przewidywanie wartości masy tuszy na podstawie wartości zespołu następujących cech: W, P-V, lpc, hpc, h, io, lapc, Oh, Ov, prO, hco, hc, DC, W_g. Wysoka wartość współczynnika korelacji wielorakiej ($R=0,997$) potwierdza zależność wartości wymienionych cech z wartością masy tuszy. Wymienione cechy występowały w równaniach regresji dla wszystkich badanych linii. Obserwowane i przewidywane rozkłady wartości masy tuszy badanych ryb zostały przedstawione na rys. 9 (A i B). Na rys. 9C przedstawiono zależność pomiędzy masą tuszy przewidywaną na podstawie wyróżnionych cech i zmierzoną masą tuszy u badanych ryb.

4 Dyskusja

Przeprowadzone badania miały na celu powiązanie systemu pomiarów morfologicznych ryb z badaniami cech użytkowych przy wykorzystaniu wielowymiarowych metod eksploracyjnych.

Problematyka badań ma swe źródło w genetyce ilościowej, natomiast używane metody sięgają do takich dziedzin jak analiza wielowymiarowa i taksonomia numeryczna, które zaliczane są raczej do szeroko rozumianej informatyki.



Rys. 9. Rozkłady wartości masy tuszy badanych ryb obserwowane i przewidywane na podstawie wyników analizy regresji wielorakiej.

Ryby wykazują większy stopień zmienności cech morfologicznych aniżeli inne kręgowce [17]. Zróżnicowanie może wynikać z właściwości genetycznych organizmów, warunków środowiskowych, w których ryby się rozwijają, oraz z interakcji między genotypem osobnika a warunkami środowiskowymi. Swoją rolę w zróżnicowaniu morfologicznym mają też hodowcy prowadzący prace selekcyjne. Genetyczne różnice oraz reprodukcyjna izolacja między populacjami mogą prowadzić do miejscowych adaptacji, wskutek czego populacje różnią się morfologią, zachowaniem i fizjologią. Warunki środowiskowe mogą generować zmienność morfologiczną, wywołując różne fenotypy [13].

Zmienność fenotypowa jako źródło odmian morfologicznych została zbadana u rozmaitych

gatunków ryb. Wśród jednowymiarowych metod analizowania danych mierzalnych największą popularnością cieszą się porównania testem t-Studenta, analiza wariancji ANOVA oraz analiza regresji prostoliniowej [14, 15].

W pracy stwierdzono, że wszystkie badane bezwzględne wartości cech morfologicznych wykazują zmienność. Zmienność ta jest częściowo związana ze zmiennością kształtu tułowia. W przypadku analizy danych pochodzących od wszystkich badanych ryb, bez podziału na linie, wyniki analiz w dużej mierze odzwierciedlają wzrost poszczególnych odcinków ciała w miarę zwiększania się rozmiarów ciała ryby z wiekiem. Wykresy przedstawione na rys. 3 wskazują na dużą zmienność cech SLII, TLI i FL, oraz lc, H i pD (opisy cech w tabeli 3). Najmniejszą zmienność wartości cech mierzalnych można zaobserwować w próbie ryb siedmioletnich z linii hodowlanej oznaczonej symbolem K7, natomiast największą w próbach ryb w wieku 1+, z linii hodowlanych oznaczonych symbolami K, W0, W7 i P2-G. Próby tych linii hodowlanych pochodziły ze stawów doświadczalnych w Gołyszcu. W obrębie każdej próby można było wyodrębnić podgrupy ze względu na gęstość obsady początkowej stawu doświadczalnego. Ponieważ średnie wartości cech w podgrupach różniły się istotnie statystycznie, przyjęto, że zmienność cech mierzalnych wynikała właśnie z różnych warunków hodowlanych panujących w stawach, z których pochodziły próby ryb.

Zbadano rozkłady wartości poszczególnych zmiennych mierzalnych i stwierdzono, że choć w większości odbiegają one nieco od rozkładu normalnego, to zazwyczaj są jednomodalne, zatem nie sugerują wewnętrznego podziału populacji. Zaobserwowano, że rozkład wartości cech mierzalnych normalizuje się wraz z wiekiem badanych ryb. U ryb najstarszych (linia knyszyńska K tarlaki 7+ (K7)) większość wartości cech mierzalnych (24 spośród 26 badanych) miała rozkład normalny, u selektów w wieku 3+ (linia WZ i Z) część wartości cech (odpowiednio 16 i 12) również miała rozkład normalny, natomiast u ryb w wieku 1+ tylko nieliczne cechy (3 u linii W0) miały taki rozkład. Wyjątek wśród linii w wieku 1+ stanowi linia P2-G, u której wartości 10 cech miały rozkład normalny. Może to świadczyć o tym, iż linia polska 2, będąca kontynuacją wysoko ocenianej przedwojennej linii określanej jako „kar-

pie galicyjskie”, jest linią najbardziej ustabilizowaną pod względem wartości cech mierzalnych.

Analiza głównych składowych jest najczęściej stosowaną metodą wielowymiarową w morfometrii. Najbardziej typowe zastosowania PCA w ichtiologii obejmują porównania populacji (Reist i inni 1995). Analiza głównych składowych cech morfometrycznych jest często wykorzystywana do wykrywania mieszańców. Stosowana była z powodzeniem w wielu badaniach hybrydyzacji [11]. W pracy Neffa i Smitha [5] porównywano zbiory danych morfologicznych uzyskanych od osobników rodzicielskich i wyhodowanych w laboratorium hybrydów z rodzaju *Notropis* i *Lepomis*. Przeprowadzone analizy pozwoliły na stwierdzenie, że hybrydy charakteryzują się taką samą zmiennością jak organizmy gatunków rodzicielskich. W pracy Pakkasmaa i Piironen [6] analiza głównych składowych została użyta do rozróżniania populacji i form *Salmo trutta* z różnych środowisk. Wyniki pozwoliły na stwierdzenie, iż występujące różnice morfologiczne wynikają z różnic między populacjami oraz że ich podłoże jest zapewne genetyczne.

W tej pracy wyniki PCA pozwoliły na wyodrębnienie cech morfologicznych, przyporządkowujących poszczególne ryby do odpowiedniej linii hodowlanej. Jakość klasyfikacji była wysoka: na 2190 badanych ryb tylko 114 (5,2%) zostało błędnie sklasyfikowanych. Wyróżnione cechy klasyfikujące zostały następnie użyte w analizie dyskryminacyjnej (CDA).

Corti i współpracownicy [1] stosowali analizę dyskryminacyjną do rozróżnienia 6 ras karpia z naturalnych i sztucznych zbiorników Włoch. Większość zmienności (83%) wyjaśniły pierwsze trzy osie kanoniczne. W niniejszej pracy wyniki analizy potwierdziły wybór ośmiu cech mierzalnych: SLII, lc, lpc, h, prO, hco, hc, DC z grupy wyłonionej we wcześniejszej analizie PCA. Można stwierdzić, że pięć morfotypów karpia wyróżnionych w analizie PCA (rys. 6) odpowiada morfotypom badanych linii. Interesujący jest fakt „nakładania” się morfotypu linii polskiej (K) z morfotypami linii polskiej zatorskiej (Z) i linii zatorskiej węgierskiej (WZ) oraz z morfotypami linii polskiej 2. Może to sugerować wcześniejsze krzyżowanie tych linii podczas prowadzonych prac selekcyjnych. Rezultaty analizy skupień przedstawione są w postaci dendrogramu skupień (rys. 5 i 7a). W niniejszej pracy przy formowaniu skupień

posłużono się odległością euklidesową. Analiza skupień wartości cech mierzalnych wybranych we wcześniejszych analizach (PCA i CDA) pozwoliła na wyraźne wydzielenie linii pochodzących z gospodarstwa Zator od badanych linii pochodzących z Gołysza. Analiza skupień wartości indeksów hodowlanych również pozwoliła na wyróżnienie skupienia linii Z i WZ pochodzących z Zatora oraz skupienia linii K z Gołysza. Badania cech mierzalnych zaproponowanymi metodami mogą szczególnie dobrze zdefiniować związki pomiędzy poszczególnymi cechami a ogólnym morfotypem ryby należącej do badanej linii czy też populacji. Trzeba jednak zgodzić się, iż na podstawie samych cech morfologicznych pełna identyfikacja linii nie jest możliwa. Być może połączone badania morfometryczno-genetyczne pozwoliłyby w sposób pewny zidentyfikować morfotypy linii hodowlanych karpia, a następnie identyfikować osobniki z użyciem samych tylko cech biomierzalnych [15].

Otrzymane podczas badań wyniki pozwalają na prawidłowe przyporządkowanie do linii hodowlanej prawie 95% badanych ryb oraz opis poszczególnych linii hodowlanych na podstawie cech mierzalnych. Przeprowadzona analiza regresji wielorakiej pozwoliła na wyłonienie cech pozwalających przyżyciowo przewidywać wartość rzeźną ryby. Predykcji wartości rzeźnej dokonywano przy użyciu następujących cech: masa ryby (W), długość przedbrzusza (P-V), długość zagrzbietowa (lpc), wysokość zagrzbietowa (hpc), najmniejsza wysokość ciała (h), odległość międzyocna (io), grubość ciała zagrzbietowa (lapc), wysokość i szerokość oka (Oh i Ov), długość przedocna (prO), długość szczęki dolnej (hco) i długość czoła (DC) (tabela 14).

Wyniki pracy wskazują, iż eksploracyjna analiza cech mierzalnych może być źródłem nowych informacji koniecznych do uporządkowania problemów związanych z pracami selekcyjnymi karpia. Jednocześnie należy podkreślić, iż jest to metoda znacznie tańsza od badań przy użyciu markerów genetycznych. Ocena wartości hodowlanej poszczególnych osobników na podstawie zespołu cech morfologicznych we wcześniejszych latach życia może wpłynąć na redukcję kosztów programów selekcyjnych poprzez uproszczenie i skrócenie czasu trwania prac selekcyjnych. Ocena wartości rzeźnej już na wstępnym etapie selekcji może wpłynąć na

decyzję, jak dalej postępować z rybami badanej linii. Może się okazać, iż przewidywane wartości rzeźne ryb w kolejnych latach życia nie są na tyle duże, by usprawiedliwiać koszty trzyletniego cyklu hodowlanego.

4.1 Podsumowanie i wnioski

- ◆ Analiza średnich wartości cech mierzalnych wykazała statystycznie istotne zróżnicowanie morfologiczne między liniami i wewnątrz linii hodowlanych karpia.
- ◆ Analiza współczynników korelacji masy ciała i masy tuszy oraz poszczególnych cech mierzalnych wskazuje, iż najcięższe ryby charakteryzują się największymi wartościami wyróżnionych cech: SLII, lc, lpc, h, prO, hco, hc, DC (opisy cech jak w tabeli 3), ze szczególnym wskazaniem na cechę: długość zagrzbietową (lpc). Obecnie stosowane procedury selekcji karpia pomijają tę wartość podczas oceny osobników.
- ◆ Podobieństwo wyników uzyskanych przy pomocy analizy głównych składowych (PCA) i analizy dyskryminacyjnej (CDA) potwierdza trafność wyboru ośmiu cech mierzalnych (SLII, lc, lpc, h, prO, hco, hc, DC). Cechy te powinny być brane pod uwagę przy analizach biometrycznych linii hodowlanych karpia. Wysoki (94,8%) procent poprawnych klasyfikacji przy użyciu wartości tych cech sugeruje, że poszczególne linie są odróżnialne na podstawie wybranych cech morfologicznych.
- ◆ Potwierdzono użyteczność metod eksploracyjnej analizy danych do morfologicznego rozróżniania populacji ryb i wskazywania morfologicznych cech różnicujących linie hodowlane karpia.
- ◆ Regresja wieloraka zastosowana do znalezienia związków pomiędzy wydajnością rzeźną a przyżyciowo zmierzonymi parametrami pozwoliła na wyznaczenie równań regresji, których parametry były istotne statystycznie. Wybrane cechy (masa ryby, P-V, lpc, hpc, h, io, lapc, Oh, Ov, prO, hco, hc, DC) powtarzały się w równaniach regresji wszystkich linii z których pochodziły badane ryby. Świadczy to o tym, iż na podstawie wartości tych cech można w kolejnych latach hodowli przyżyciowo przewidywać wartość rzeźną ryby.

- ◆ Uzyskane wyniki świadczą o zmienności linii hodowlanych karpia. Trzeba uznać, że uzyskana w pracy blisko 95% identyfikacja osobników rozmaitych linii hodowlanych świadczy o dużych możliwościach identyfikacji ryb hodowlanych na podstawie analizy wartości cech morfologicznych.

- rolniczym. Poznań, Wydawnictwo Akademii Rolniczej: 3-91.
- 17) Winberger, P.H. 1992. Plasticity of fish body shape. The effects of diet, development, family and age in two species of *Geophagus* (Pisces: Cichlidae). *Biological Journal of Linnean Society* 45: 197-218.

BIBLIOGRAFIA

- 1) Corti, M., Thorpe, R.S., Sola L., Sbordoni, V., Cataudella, S. 1988. Multivariate morphometrics in aquaculture: a case study of six stocks of the common carp (*Cyprinus carpio* L.) from Italy. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 45: 1548-1554.
- 2) Czubak 1966, Wskaźniki hodowlane dla chowu karpia. *Acta hydrobiologica* 8/3/4:161-216.
- 3) Holcik, J. 1995. The freshwater fishes of Europe. Wiesbaden Aula-Verlag: 35-58.
- 4) Hulata, G. 1995. A review of genetic improvement of the common carp (*Cyprinus carpio* L.) and other cyprinids by crossbreeding, hybridization and selection. *Aquaculture* 129: 143-155.
- 5) Neff, N. A. Smith, G. R. 1978 Multivariate analysis of hybrid fishes. *Syst. Zool.*, 28: 176-196.
- 6) Pakkasmaa, S., Piironen, J. 2001. Morphological differentiation among local trout (*Salmo trutta*) populations. *Biological Journal of the Linnean Society* 72: 231-239.
- 7) Polska Norma, 1983. Ryby hodowlane. Materiał zarybieniowy karpia. Polski Komitet Normalizacyjny. Wydawnictwo normalizacyjne Alfa.
- 8) Polska Norma, 1999. Terminologia. Surowce i przetwory z ryb. PN-A-86792. Polski Komitet Normalizacyjny. Wydawnictwo normalizacyjne Alfa.
- 9) Pravdin, I.F. 1966. Rukovodstvo po Izucheniyu Ryb. [Instruction for Fish Investigation]. Moskva: Pishchevaya promyshlennost (in Russian).
- 10) Reist, J.D., Gyselman, E.J., Babaluk, A., Johnson J.D., Wissink, R. 1995. Evidence for two morphotypes of arctic cahe (*Salvelinus alpinus* L.) from Lake Hazen, Ellesmere Island, Northwest Territories, Canada. *Nordic J. Freshw. Res.* 71: 396-410.
- 11) Rosenfield, J.A. 1998. Detection of natural hybridization between pink salmon (*groboscha*) and chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in the Laurentian Great Lakes using meristic, morphological and color evidence. *Copeia* 3: 706-714.
- 12) Ruszczyc, Z. 1981. Metodyka doświadczeń zootechnicznych. Warszawa, Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne: 3-425.
- 13) Scheiner, S.M. 1993. Genetics and evolution of phenotypic plasticity. *Annual Review of Ecology and Systematics* 24: 35-68.
- 14) Szlachciak, J. 2000. Ocena przydatności wybranych metod statystycznych w określeniu zmienności populacji leszcza *Abramis brama* L. Praca doktorska, Olsztyn UWM: 1-78.
- 15) Turan, C. 2004. Stock identification of Mediterranean horse mackerel (*Trachurus mediterraneus*) using morphometric and meristic characters. *Journal of Marine Science* 61: 774-781.
- 16) Wagner, W. 1990. Test normalności wielowymiarowej Shapiro-Wilka i jego zastosowania w doświadczalnictwie