

BOGNA ZAWIEJA
EWA BAKINOWSKA
WIESŁAW PILARCZYK

Katedra Metod Matematycznych i Statystycznych
Uniwersytet Przyrodniczy w Poznaniu

Porównanie zgodności trzech metod wyboru najlepszych genotypów w hodowlanych doświadczeniach jednopowtórzeniowych

The comparison of three methods of selection of best genotypes in unreplicated plant breeding trials

Na jednym z etapów hodowli zbóż zakładane są doświadczenia jednopowtórzeniowe, w których liczba badanych linii jest bardzo duża. Ponieważ koszt zbioru i pomiaru plonu jest wysoki, hodowcy dążą do tego, aby wybór najlepszych genotypów oprzeć wyłącznie na ocenie wizualnej, wykonując tzw. ocenę bonitacyjną. W pracy porównano trzy metody wyboru najlepszych linii: metodę średniej ruchomej, metodę wykorzystującą wielocechową ocenę bonitacyjną poletek wykonywaną przed zbiorem oraz metodę łączącą ocenę bonitacyjną z pomiarem plonu.

Słowa kluczowe: pszenżyto ozime, metoda bonitacyjna, metoda średniej ruchomej, „odds ratio”, współczynnik skojarzenia Q

At early stage of cereal plant breeding when the number of tested lines is high, so-called unreplicated trials are often used for their comparison. As the cost of harvesting and yield weighing is high, some breeders tend to replace weighing by visual assessment. In the paper three methods of selection of best lines are compared: the method of moving average (R), the method of visual assessment (B) and the combined method which is based on both yield measurement and visual assessment (BP).

Key words: coefficient of association Q , odds ratio, moving average, triticale, visual assessment

WSTĘP

Hodowla nowych odmian zbóż jest procesem kosztownym i długotrwałym (wieloletnim). Początkowo pracuje się nad uzyskaniem nowego materiału genetycznego i jego rozmnożeniem w celu uzyskania większej liczby nasion do siewu. Następnie wykonuje się badania porównawcze nowych genotypów w celu wykrycia linii dających nadzieję uzyskania nowych odmian zbóż. Badania porównawcze polegają na zakładaniu doświadczeń jednopowtórzeniowych z dużą liczbą genotypów. Zazwyczaj w doświad-

zeniach tych, oprócz badanych genotypów, wysiewa się także od jednej do kilku odmian wzorcowych. Na etapie doświadczeń jednopowtórzeniowych dokonuje się ostrej selekcji i do dalszych badań doświadczalnych wybieranych jest około 20–40% genotypów. Na tym etapie łatwo jest utracić cenne genotypy, dlatego należy być bardzo ostrożnym przy dokonywaniu wyboru tych najlepszych do dalszych badań. Kolejne doświadczenia, z mniejszą liczbą genotypów, wykonywane są już w układach doświadczalnych z powtórzeniami.

Często stosowaną metodą wyboru badanych linii jest ocena wizualna na polu doświadczalnym, zwana popularnie „nosem hodowcy”. Zdarza się jednak, że na polu obserwuje się obok siebie genotypy plonujące słabo. Może to świadczyć zarówno o tym, że dane rody są słabe, (jeśli genotypy były wysiewane rodami) jak i o tym, że wysiane były na mniej urodzajnym kawałku pola. Najlepszą sytuacją dla hodowcy, pozwalającą na wybór linii w oparciu jedynie o zaobserwowany plon, byłoby, gdyby pole doświadczalne było idealnie wyrównane. Jednakże w praktyce taka sytuacja jest niezwykle rzadka. Zazwyczaj na polu obserwuje się różnego rodzaju zmienność glebową np. zmienność plackowatą lub ukierunkowaną związaną z trendami żyzności (Bakinowska i in., 2009). Stąd pożądanym jest, aby stosować takie metody analizy wyników i wyboru najlepszych genotypów, aby wpływ zmienności glebowej w maksymalnym stopniu ograniczyć.

Istnieje wiele różnych metod statystycznych wyboru linii do dalszych badań (Dobek, Mikulski, 2003; Ambroży i in., 2008 a). W pracach Ambroży i wsp. (2008 a, b) zajmowano się między innymi problemem wyboru metody najskuteczniej eliminującej zmienność glebową. Według zastosowanego kryterium równomierności wyboru linii z całego pola doświadczalnego, metodą optymalną okazała się metoda wykorzystująca tzw. średnią ruchomą (moving average method Utz, 1997). Warto zauważyć, że metoda ta jest zalecana m.in. przez Kemptona (1997) jako metoda, której zastosowanie gwarantuje największą wartość tzw. „zysku genetycznego” (genetic gain). Jej stosowanie wymaga od hodowcy zbierania i mierzenia plonu dla wszystkich wysiewanych linii. Metoda ta pozwala w dużym stopniu wyeliminować zarówno ukierunkowaną, plackowatą, jak i każdą inną zmienność glebową.

Ponieważ w doświadczeniach jednopowtórzeniowych liczba badanych linii często przekracza 1000, stąd koszt zbioru i pomiaru plonu jest bardzo wysoki. Hodowcy dążą, więc do tego, aby wybór najlepszych linii oprzeć wyłącznie na ocenie wizualnej, wykonując tzw. ocenę bonitacyjną.

Celem niniejszej pracy jest porównanie trzech metod wyboru najlepszych linii, czyli

- metody wykorzystującej jedynie wielo cechową ocenę bonitacyjną poletek — B (w skali od 1–9 z pominięciem ocen parzystych) wykonywaną przed zbiorem,
- metody łączącej ocenę bonitacyjną z pomiarem plonu (PB),
- metody średniej ruchomej (R).

OPIS DANYCH

W pracy wykorzystano wyniki doświadczenia jednopowtórzeniowego wykonanego w Stacji Hodowli Roślin w Szelejewie w roku 2006. Badanym gatunkiem było pszenżyto ozime. W doświadczeniu wysiano 1397 nowych linii oraz zastosowano dwa wzorce Kazo i Hortensjo wysiewane naprzemiennie, co piąte poletko. Łącznie wzorce występowały na 292 poletkach. Doświadczenie założono w dwunastu pasach, w jednym pasie występowało 145 poletek oraz po jednym poletku obsiewu na krańcach. Każde z poletek było o powierzchni 5m².

METODY

W Stacji Hodowli Roślin w Szelejewie, do wyboru najlepszych linii, zastosowano dwie metody. Pierwszą nich była metoda bonitacyjna (wielocechowa ocena wizualna). Połowa bonitacja fenotypowa polegała na nadaniu każdemu genotypowi określonej oceny na podstawie obserwacji wyglądu roślin. Cechy, które brano pod uwagę to m.in. wysokość i pokrój rośliny, a ponadto cechy związane z oceną kłosa, czyli kształt, zbitość i ustawienie. Przy nadawaniu oceny bonitacyjnej duże znaczenie miało także występowanie lub brak podstawowych chorób zbóż m.in. takich jak mączniak, rdza brunatna i septorioza liści. Po wizualnej inspekcji każdemu genotypowi nadawano ocenę w skali od 1 do 9, gdzie 1 oznacza najgorszy genotyp, natomiast 9 genotyp najlepszy. Należy tutaj zwrócić uwagę, iż nadawane były tylko oceny nieparzyste. Ocenę pozytywną (wartości od 5 do 9) nadano 735. genotypom. W dalszej części tej pracy metoda bonitacyjna oznaczana będzie, jako metoda B.

W drugiej metodzie wykorzystuje się zarówno ocenę wizualną, jak i uzyskany plon z poletka. O tym, czy większe znaczenie ma ocena wizualna, czy uzyskany plon, decyduje hodowca. Stosując tę metodę, do dalszych badań wybrano 504 linie, co stanowiło 36% wszystkich badanych genotypów. W dalszej części prowadzonych tu rozważań, metoda łącząca uzyskane wartości plonu z oceną z połowej bonitacji fenotypowej oznaczana będzie, jako metoda BP.

Metoda średniej ruchomej (moving average method) opisana została między innymi przez Utza (1997). Jej zastosowanie do analizy hodowlanych doświadczeń jednopowtórzeniowych zostało pokazane w opracowaniu Ambroży i wsp. (2008 a, b). W metodzie tej porównuje się wartość plonu badanego genotypu ze średnią wartością plonu z pewnej ustalonej liczby ($2k$) genotypów występujących na k poletkach poprzedzających poletko z badanym genotypem i k występujących za tym poletkiem w danym pasie. Przykładowo, dla sytuacji $k = 3$, czyli dla sytuacji

$$\dots x_{i-4} x_{i-3} x_{i-2} x_{i-1} x_i x_{i+1} x_{i+2} x_{i+3} x_{i+4} \dots ,$$

„poprawiony” efekt genotypu występującego na poletku x_i oblicza się, jako

$$\tau_i = x_i - (x_{i-3} + x_{i-2} + x_{i-1} + x_{i+1} + x_{i+2} + x_{i+3})/6,$$

a dla genotypu x_{i+1} , według wzoru

$$\tau_{i+1} = x_{i+1} - (x_{i-2} + x_{i-1} + x_i + x_{i+2} + x_{i+3} + x_{i+4})/6 \text{ itd.}$$

Efekty dla obiektów występujących na początku (i na końcu) rozważanego szeregu wartości oblicza się biorąc średnią z $2k$ genotypów, jak poprzednio, jednakże liczba poletek poprzedzających i występujących za poletkiem z danym genotypem jest różna, np. 2 poprzedzające i 4 występujące za, wtedy „poprawiony” efekt genotypu x_3 oblicza się następująco $\tau_3 = x_3 - (x_1 + x_2 + x_4 + x_5 + x_6 + x_7)/6$.

Do dalszych badań przyjmowana jest określona frakcja obiektów o największych wartościach efektów obiektowych. W dalszych rozważaniach metoda średniej ruchomej oznaczana będzie, jako metoda R. Wśród różnych metod statystycznych stosowanych do analizy wyników doświadczeń jednopowtórzeniowych przedstawionych w pracach Ambroży i wsp. (2008 a), metoda ta okazała się najlepszą pod względem eliminacji zmienności glebowej i pozwoliła na obiektywną ocenę badanych linii. Także w opracowaniu Kemptona (1984) wskazuje się na tę metodę, jako gwarantującą największą wartość tzw. „zysku genetycznego”. Dlatego obie opisane wcześniej prostsze metody (B i BP) zostaną porównane z metodą średniej ruchomej pod względem zgodności wyboru najlepszych linii. W tym celu dla każdej pary metod, oznaczanych symbolicznie, jako metoda X i metoda Y, utworzono dwuwymiarową tablicę kontyngencji 2×2 postaci (tab. 1)

Tabela 1

		Metoda Y – Method Y		
		TAK Yes	NIE No	Suma Sum
Metoda X Method X	TAK	n_{11}	n_{12}	$n_{1\bullet}$
	NIE	n_{21}	n_{22}	$n_{2\bullet}$
	Suma Total	$n_{\bullet 1}$	$n_{\bullet 2}$	n

gdzie n_{11} oznacza liczebność genotypów wybranych do dalszych badań zarówno metodą X jak i Y; n_{12} oznacza liczebność genotypów wybranych do dalszych badań metodą X a odrzuconych metodą Y; n_{21} oznacza liczebność genotypów wybranych do dalszych badań metodą Y a odrzuconych metodą X; n_{22} oznacza liczebność genotypów odrzuconych zarówno metodą X jak i Y. Dalej $n_{\bullet j}$ i $n_{i\bullet}$ oznaczają sumy brzegowe elementów w poszczególnych kolumnach i wierszach, a n oznacza ogólną liczbę wszystkich badanych genotypów.

Porównania zastosowanych metod dokonano przy użyciu współczynnika zgodności „odds ratio” (Rudas, 1998; Uebersax, 2006), obliczanego według wzoru:

$$OR = \frac{n_{11}n_{22}}{n_{12}n_{21}}$$

Współczynnik ten jest miarą zgodności pomiędzy dwoma metodami. Duża wartość współczynnika OR oznacza istnienie zależności pomiędzy metodami. W literaturze często do oceny zgodności stosuje się przekształcenie logarytmiczne współczynnika OR , czyli $\ln(OR)$. Przekształcony współczynnik ma asymptotyczny rozkład normalny, można więc

testować hipotezę zerową o braku zgodności między metodami obliczając statystykę Z_0 postaci:

$$Z_0 = \frac{\ln(OR)}{\sigma_{\ln(OR)}},$$

gdzie przybliżoną wartość odchylenia standardowego $\sigma_{\ln(OR)}$ oblicza się z wzoru:

$$\sigma_{\ln(OR)} = \sqrt{\frac{1}{n_{11}} + \frac{1}{n_{12}} + \frac{1}{n_{21}} + \frac{1}{n_{22}}}$$

Wartość statystyki Z_0 porównuje się z wartością tablicową, która na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ wynosi 1,96.

Współczynnik OR często transformuje się do skali (-1,1) stosując przekształcenie Yule's Q (Yule, G. U., 1912) postaci:

$$Q = \frac{OR - 1}{OR + 1}.$$

Współczynnik Q bywa nazywany współczynnikiem skojarzenia (Yule, Kendall, 1966) i jest interpretowany w podobny sposób jak współczynnik korelacji. Wartość $Q = 0$ oznacza brak relacji, czyli brak zgodności pomiędzy metodami. Im wartość Q jest bliższa jedności tym większa jest zgodność pomiędzy metodami.

Ponadto zostało obliczone prawdopodobieństwo zgodności będące stosunkiem liczby wybranych i odrzuconych przez obie metody genotypów, do liczby wszystkich badanych genotypów n

$$p_1 = \frac{n_{11} + n_{22}}{n}.$$

WYNIKI I DYSKUSJA

Po zastosowaniu metody bonitacyjnej B ocenę pozytywną nadano 735 genotypom (co stanowi 53% badanych linii) zaś stosując metodę BP uwzględniającą zarówno bonitację jak i plon, w Stacji Hodowli Roślin wybrano do dalszych badań 504 genotypy (co stanowiło 36% badanych linii). Istnieje duża różnica pomiędzy metodami PB i B pod względem liczby odmian wybieranych do dalszych badań. Ten problem nie występuje, gdy porównujemy metody BP i B z metodą R — średnich ruchomych, ponieważ w metodzie R do dalszych badań wybiera się ustaloną liczbę najlepszych genotypów. Chcąc zapewnić porównywalną liczbę wybieranych genotypów oraz wybierać odmiany kierując się tylko oceną bonitacyjną należałoby ograniczyć liczbę wybieranych przez nią genotypów. Dlatego obliczenia zostały wykonane, gdy stosowanie metody B pozwalało na wybór genotypów z pozytywną oceną (5, 7, 9), a następnie wybrano tylko te linie, które otrzymały najwyższe oceny 7 lub 9 (635 linii, co stanowi 45% ich ogólnej liczby).

W tabeli 2 i 3 podano wyniki uzyskane z porównań wszystkich metod parami. W każdym przypadku wartości obliczonych statystyk Z_0 przekraczają wartość tablicową —

1,96, dlatego hipotezy o braku zgodności między metodami porównywanymi parami na poziomie istotności 0,05 należy odrzucić.

Tabela 2

Porównanie metod wyboru B z R, BP z R i BP z B odpowiednio– w metodzie B uwzględniono wszystkie odmiany z pozytywną oceną (5,7,9)

Paired comparison of three methods of selection– in the B method included lines with 5, 7 and 9 scores

Metoda Method	Metoda R R method			Wyniki Results			
Metoda B	Wybrane genotypy Chosen genotypes	TAK yes	NIE no	<i>OR</i>	<i>Q</i>	Statystka Z_0 Z_0 statistic	p_1
	TAK	437	298	1,79	0,28	5,38	0,57
	NIE	298	364				
Metoda R			Wyniki — Results				
Metoda BP	Wybrane genotypy Chosen genotypes	TAK	NIE	<i>OR</i>	<i>Q</i>	Statystka Z_0	p_1
	TAK	339	165	9,06	0,80	17.19	0,76
	NIE	165	728				
Metoda B			Wyniki — Results				
Metoda BP	Wybrane genotypy Chosen genotypes	TAK	NIE	<i>OR</i>	<i>Q</i>	Statystka Z_0	p_1
	TAK	320	184	2,00	0,33	6.08	0,57
	NIE	415	478				

Tabela 3

Porównanie metod wyboru B z R, BP z R i BP z B odpowiednio– w metodzie B uwzględniono wszystkie odmiany z pozytywną oceną (7,9)

Paired comparison of three methods of selection– in the B method included lines with 7 and 9 scores

	Metoda R R method			Wyniki Results			
Metoda B	Wybrane genotypy Chosen genotypes	TAK yes	NIE no	<i>OR</i>	<i>Q</i>	Statystka Z_0 Z_0 statistic	p_1
	TAK — yes	331	304	1,64	0,24	4,56	0,56
	NIE — no	304	458				
Metoda R			Wyniki — results				
Metoda BP	Wybrane genotypy Chosen genotypes	TAK	NIE	<i>OR</i>	<i>Q</i>	Statystka Z_0	p_1
	TAK — yes	339	165	9,06	0,80	17.19	0,76
	NIE — no	165	728				
Metoda B			Wyniki — results				
Metoda BP	Wybrane genotypy Chosen genotypes	TAK	NIE	<i>OR</i>	<i>Q</i>	Statystka Z_0	p_1
	TAK — yes	284	220	1,99	0,33	6,11	0,59
	NIE — no	351	542				

Jednakże istotność statystyczna, występująca przy dużych liczebnościach prób nawet przy stosunkowo słabych związkach między badanymi metodami, niekoniecznie musi oznaczać istotny praktycznie związek. Porównując wartości statystyki *OR* można jednak zauważyć, że zarówno zgodność między metodami B i R jak i BP i B jest słabsza niż między metodami BP i R ($OR = 9,06$). Także wartości współczynnika *Q* pozwalają na stwierdzenie, że metody BP i R są dość zgodne zaś przy porównaniu metod BP i B oraz B i R współczynniki

ten jest $<0,5$ co oznacza dość słabą zgodność. Wyniki te są zgodne z oszacowanymi prawdopodobieństwami zgodności p_1 . Metoda BP jest w 76% zgodna z metodą statystyczną średnich ruchomych R, czyli w tylu procentach wybiera te same obiekty. Ponadto zgodność metody B („czysta” bonitacja) osiąga zaledwie poziom 57%, zarówno w porównaniu z metodą R jak i BP. Jeśli uwzględni się fakt, że po przeprowadzeniu doświadczeń jednopowtórzeniowych odrzuca się ponad połowę genotypów, to obliczone wartości p_1 pokazują, że tylko nieco ponad połowa, z tych wybranych do dalszych badań genotypów jest taka sama dla obu par porównywanych metod. Zatem postępując zbyt pochopnie łatwo utracić cenne genotypy. Wyniki zamieszczone w tych tabelach wskazują na to, że ewentualna rezygnacja z pomiaru wysokości plonu obarczona jest dużym ryzykiem.

W tabelach 4 i 5, przedstawiono wyniki podobnych obliczeń w sytuacji, gdy wszystkie badane genotypy zostały podzielone kolejno na trzy grupy pod względem uzyskanego plonu.

Tabela 4

Porównanie metod wyboru przy podziale na trzy grupy (ocena bonitacyjna 5,7,9)
The comparison of selection methods for three groups of lines (with scores 5,7,9)

	I grupa I group				II grupa II group				III grupa III group			
	OR	Q	Z ₀	p ₁	OR	Q	Z ₀	p ₁	OR	Q	Z ₀	p ₁
B-R	0,96	-0,05	-0,11	0,63	0,90	-0,05	-0,58	0,49	1,19	0,08	0,54	0,60
BP-R	4,56	0,64	6,53	0,71	3,22	0,53	5,37	0,67	6,40	0,73	3,54	0,91
BP-B	1,39	0,16	1,62	0,58	1,25	0,11	1,15	0,52	1,86	0,3	1,69	0,62

Podziału dokonano w taki sposób, aby w pierwszej grupie znajdowały się genotypy o najwyższym plonie, w drugiej o średnim zaś w trzeciej o najniższym plonie. Najbardziej interesujące są wyniki uzyskane w pierwszej grupie. Pierwsza grupa zawierała 468 genotypów o najwyższym plonie, druga odpowiednio 466, a trzecia 463. Obliczenia wykonano uwzględniając wszystkie genotypy, które uzyskały pozytywną oceną bonitacyjną przy zastosowaniu metody B (tab. 4) oraz te, które uzyskały ocenę 7 lub 9 (tab. 5).

Tabela 5

Porównanie metod wyboru przy podziale na trzy grupy (ocena bonitacyjna 7 i 9)
The comparison of selection methods for three groups of lines (with scores 7 and 9)

	I grupa I group				II grupa II group				III grupa III group			
	OR	Q	Z ₀	p ₁	OR	Q	Z ₀	p ₁	OR	Q	Z ₀	p ₁
B-R	1,08	-0,1	0,29	0,57	0,76	-0,14	-1,47	0,47	0,52	-0,32	-1,42	0,66
BP-R	4,56	0,64	6,53	0,71	3,22	0,53	5,37	0,67	6,40	0,73	3,54	0,91
BP-B	1,25	0,11	1,13	0,55	1,28	0,12	1,29	0,54	1,66	0,25	1,34	0,69

W każdym porównaniu metody B z BP i B z R wartość obliczonej statystyki Z₀ nie przekracza wartości tablicowej, co oznacza brak zgodności metod (potwierdzają to również małe wartości współczynnika Q). Jedynie przy porównaniu metody BP z metodą średniej

ruchowej R wartości statystyki Z_0 , wskazują na statystyczną zgodność tych metod, potwierdzają to wartości współczynnika Q . Największą wartość prawdopodobieństwa zgodności p_1 otrzymano dla trzeciej grupy genotypów (najsłabiej plonujących) przy porównaniu metody BP z R . Taki wynik nie jest zaskoczeniem, gdyż najsłabsze genotypy są zgodnie odrzucane przez każdą z metod.

WNIOSKI

1. Na podstawie uzyskanych wartości dla współczynników OR i Q oraz statystyki Z_0 można wnioskować, że ma miejsce zgodność między metodą łączącą ocenę bonitacyjną z pomiarem plonu (BP) i metodą średniej ruchomej (R), patrz tabela 2, 3.
2. Wystąpiła pewna zgodność pomiędzy metodami: wielocechową oceną bonitacyjną poletek (B) i metodą średniej ruchomej (R) oraz wielocechową oceną bonitacyjną poletek (B) i metodą łączącą ocenę bonitacyjną z pomiarem plonu (BP). Wartości współczynników OR oraz Q wskazują na stosunkowo słabą zgodność tych metod mimo, że statystycznie związek ten jest istotny.
3. Przy podziale genotypów na trzy grupy widać wyraźnie zgodność metody łączącej ocenę bonitacyjną z pomiarem plonu (BP) i metodą średniej ruchomej (R) oraz niezgodność metod wielocechowej oceny bonitacyjnej poletek (B) i metody średniej ruchomej (R) oraz metodę wielocechowej oceny bonitacyjnej poletek (B) i metodę łączącą ocenę bonitacyjną z pomiarem plonu (BP) we wszystkich grupach genotypów.
4. Wprawdzie wartości prawdopodobieństw zgodności p_1 zawsze przekraczają 0,5, tym niemniej pokazują, że tylko nieco ponad połowa wybranych do dalszych badań genotypów jest taka sama dla obu par porównywanych metod. Zatem postępując zbyt pochopnie łatwo można utracić cenne genotypy. Wyniki wskazują na to, że ewentualna rezygnacja z pomiaru wysokości plonu obarczona jest dużym ryzykiem. Stąd nasuwa się wniosek, że ewentualna rezygnacja z pomiaru plonu powinna być poprzedzona pogłębioną analizą wyników np. z wykorzystaniem wcześniejszych wyników doświadczeń.

LITERATURA

- Ambroży K., Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B. 2008 a. Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż. I. Metody oceny efektów obiektowych, Biul. IHR 250: 21 — 28.
- Ambroży K., Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B. 2008 b. Statystyczne wspomaganie decyzji selekcyjnych na wczesnych etapach hodowli zbóż. II. Empiryczne porównanie metod oceny efektów obiektowych, Biuletyn IHR 250: 29 — 40.
- Bakinowska E., Bocianowski J., Budka A., Pilarczyk W., Zawieja B., Ambroży K. 2009. Estymacja wariancji błędu w hodowlanych doświadczeniach jednopowtórzeniowych z replikowanymi obiektami wzorcowymi, Biul. IHR 251: 5 — 14.
- Dobek A., Mikulski W. 2003. Zmienność materiałów hodowlanych pszenicy ozimej w perspektywie sukcesu odmianowego. Biul. IHAR 230: 23 — 28.
- Kempton R. A. 1984. The design and analysis of unreplicated trials. Vortrage für Pflanzenzüchtung 7: 219 — 242.
- Kempton R. A., Fox P. N. 1997. Statistical methods for plant variety evaluation. Chapman & Hall, London.

- Rudas T. 1998. Odds Ratios in the Analysis of Contingency Tables. Thousand Oaks, CA: Sage Publ.
- Uebersax J. 2006. Odds Ratio and Yule's Q. <http://www.john-uebersax.com/stat/odds.htm>.
- Utz H. F. 1997. PLABSTAT. A computer program for statistical analysis of plant breeding experiments. Version 2N. Institute of Plant Breeding, Seed Science and Population Genetics, University of Hohenheim, Germany.
- Yule G. U. 1912. On the methods of measuring association between two attributes. *Journal of the Royal Statistical Society* 75: 579 — 652.
- Yule G. U., Kendall M. G. 1966. *Wstęp do teorii statystyki*. PWN, Warszawa.