

PAWEŁ JANKOWSKI**ANDRZEJ ZIELIŃSKI****WIESŁAW MĄDRY**

Katedra Biometrii, Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Analiza interakcji genotyp-środowisko dla pszenicy ozimej z wykorzystaniem metody graficznej biplot typu GGE Część I. Metodyka

Analysis of genotype-environment interaction for winter wheat using graphical GGE biplot method Part I. The method

Biplot typu GGE jest graficzną metodą analizy tzw. efektów GGE, tzn. efektów głównych genotypów połączonych z efektami interakcji genotypowo-środowiskowych. Odpowiednio skonstruowany rysunek składa się z punktów (wektorów) na płaszczyźnie, z których część reprezentuje genotypy, a część środowiska. Efekty typu GGE są funkcjami długości wektorów i kątów między nimi. Zatem analiza interakcji genotypowo-środowiskowych polega na interpretacji własności geometrycznych i trygonometrycznych obiektów płaszczyzny. W pracy przedstawiony został proces konstrukcji biplotu typu GGE oraz podstawowe możliwości interpretacyjne tego biplotu (porządkowanie efektów GGE, szukanie genotypu o największym efekcie GGE w danym środowisku, wyznaczanie genotypów stabilnych oraz tzw. genotypu idealnego). Metoda została przedstawiona na przykładzie analizy danych dla plonu czterech rodów pszenicy ozimej w jednorocznej serii doświadczeń w siedmiu miejscowościach.

Słowa kluczowe: biplot, interakcja genotypowo-środowiskowa, pszenica ozima

GGE biplot is a graphical method of analysis of the so-called GGE effects, i.e. main genotype effects combined with genotype-environment interaction effects. A suitably constructed graph consists of points (vectors) on a plane, some of them representing genotypes, the other environments. GGE effects are functions of vector lengths and angles between the vectors. Therefore, analysis of genotype-environment interactions is based on interpretation of geometrical and trigonometric properties of plane objects. In the paper the process of constructing GGE biplot was presented together with some examples of interpretation of the biplot (sorting GGE effects, searching for the genotype with maximum GGE effect in a fixed location, determining stable genotypes and the so called ideal genotype). The method has been illustrated by data concerning yield of four genotypes of winter wheat in one-year multi-environmental trials (7 locations).

Key words: biplot, genotype-environment interaction, winter wheat

WSTĘP

Interakcja genotypowo-środowiskowa, uwzględniająca ewentualną różną reakcję genotypów na zmienne warunki środowiska, jest jednym z najważniejszych elementów oceny genotypów w procesie hodowli roślin. Istnieje wiele metod analizy interakcji genotypowo-środowiskowej, wśród których ważną rolę odgrywają metody graficzne. Względnie nową metodą graficzną jest tzw. biplot typu GGE. Metoda ta została zaproponowana i szczegółowo zaprezentowana przez Yana i Kanga (2003; zob. też Yan i in., 2000; Yan, 2001; Yan i Hunt, 2001), chociaż sama idea tej metody była znana wcześniej (np. Krzanowski, 1988).

Biplot typu GGE jest wykresem z naniesionymi na płaszczyznę punktami reprezentującymi genotypy i środowiska. Rysunek wykonany jest w taki sposób, by przez odpowiednią jego interpretację można było badać różnorakie relacje pomiędzy efektami GGE, tzn. połączonymi efektami głównymi genotypów i efektami interakcji genotypowo-środowiskowej. Taka analiza może służyć z jednej strony do wyboru najlepszych genotypów do rejonu docelowego, z drugiej strony może umożliwiać wydzielanie grup środowisk jednorodnych względem efektów GGE. Biplot typu GGE pozwala także wskazać zarówno genotypy stabilne, czyli niewykazujące interakcji genotypowo-środowiskowej, jak i genotypy niestabilne, o silnie zróżnicowanych efektach tej interakcji. Istnieje również możliwość zidentyfikowania genotypu o najwyższym (lub najniższym) średnim plonie poprzez wszystkie środowiska. Połączenie powyższych analiz prowadzi do wskazania położenia tak zwanego idealnego genotypu, będącego hipotetycznym genotypem, stabilnym i o największym średnim plonie spośród wszystkich badanych genotypów.

Celem pracy jest zaprezentowanie procesu tworzenia biplotu typu GGE oraz pokazanie wybranych możliwości jego interpretacji. Metoda została przedstawiona na przykładzie analizy danych dla plonu czterech rodów pszenicy ozimej w jednorocznej serii doświadczeń w siedmiu miejscowościach. Rody zostały wybrane w sposób arbitralny spośród kilkudziesięciu badanych. Ich niewielka liczba umożliwia przejrzystą prezentację metody. Pełna analiza uwzględniająca wszystkie rody zostanie przedstawiona w części II.

PRZYGOTOWANIE DANYCH DO BIPLOTU TYPU GGE

Podstawy teoretyczne konstrukcji biplotu typu GGE zawarte są w twierdzeniu o rozkładzie macierzy według wartości osobliwych (np. Rao 1982, str. 60). Teoria ta ma wiele wspólnego z analizą składowych głównych (Zieliński i in., 2005). W niniejszej pracy sposób konstrukcji, a następnie interpretacji biplotu typu GGE przedstawimy na przykładzie danych rzeczywistych dotyczących plonów pszenicy ozimej 4 rodów wybranych spośród kilkudziesięciu rodów badanych w 7 miejscowościach (w dalszym ciągu będziemy zamiennie używać terminów miejscowość i środowisko). Ze względu na małą liczbę rodów, wybranych w dodatku dość arbitralnie, nie należy przykładać zbytnej wagi do uzyskanych wyników. Przykład ma charakter wyłącznie ilustracyjny, a mała liczba

rodów daje możliwość w miarę czytelnej prezentacji omawianej teorii. Pełną analizę wraz z wnioskowaniem zawiera druga część pracy.

Plony pszenicy przedstawia tabela 1. Przyjmując model stały, ocenę efektu GGE, czyli łącznego efektu genotypu oraz interakcji genotypowo-środowiskowej, otrzymamy odejmując od odpowiedniej obserwacji średnią ze wszystkich obserwacji dla danej miejscowości. Oceny efektów GGE przedstawia tabela 2.

Tabela 1

Plony pszenicy ozimej 4 rodów w 7 miejscowościach
Yield of 4 genotypes of winter wheat in 7 locations

Rody Genotypes	Miejscowości Locations						
	DED	KOC	NAD	POB	SMH	STH	SZD
MOB_3926/99	10,764	12,366	9,412	10,769	10,804	10,866	9,566
SZD_597	9,494	11,289	9,569	11,296	10,651	10,072	8,828
NAD_038/98	9,121	11,365	10,023	10,275	8,96	8,602	7,571
AND_418/99	10,993	12,077	10,732	10,42	11,014	10,106	9,271

Tabela 2

Oceny efektów GGE 4 rodów w 7 miejscowościach
Estimates of the GGE effects of 4 genotypes in 7 locations

Rody Genotypes	Miejscowości Locations						
	DED	KOC	NAD	POB	SMH	STH	SZD
MOB_3926/99	0,671	0,592	-0,522	0,079	0,447	0,954	0,757
SZD_597	-0,599	-0,485	-0,365	0,606	0,294	0,160	0,019
NAD_038/98	-0,972	-0,409	0,089	-0,415	-1,397	-1,310	-1,238
AND_418/99	0,900	0,303	0,798	-0,270	0,657	0,195	0,462

Oznaczmy przez ψ_{ij} , $i = 1, \dots, 4$, $j = 1, \dots, 7$, oceny efektów GGE (dalej będziemy mówić po prostu - efekty GGE) z tabeli 2 i niech $\mathbf{Y} = (\psi_{ij})$ będzie macierzą tych efektów o wymiarach 4×7 . Przez λ_i , gdzie, $i = 1, \dots, 4$, oznaczmy uporządkowane w ciąg nierosnący tzw. wartości osobliwe, czyli pierwiastki kwadratowe wartości własnych macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ ($\mathbf{Y}'$ oznacza transpozycję macierzy $\mathbf{Y}$). Mamy $\lambda_1 = 3,144$, $\lambda_2 = 1,451$, $\lambda_3 = 0,875$, $\lambda_4 = 0$. W ogólnym przypadku podajemy tyle wartości osobliwych, ile wynosi mniejszy z wymiarów macierzy $\mathbf{Y}$ (pozostałe wartości osobliwe, o ile istnieją, są równe zero).

Wektory własne $\mathbf{u}_i$ macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ odpowiadające wartościom własnym λ_i nazywamy genotypowymi składowymi głównymi. Macierz $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$ ma te same co macierz $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ niezerowe wartości własne. Odpowiadające wartościom własnym macierzy $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$ wektory własne $\mathbf{v}_j$ (formalnie jest ich 7, ale bierzemy pierwsze cztery według zasady sformułowanej wyżej) nazywamy środowiskowymi składowymi głównymi. Mamy

$$\mathbf{U} = [\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2, \mathbf{u}_3, \mathbf{u}_4] = \begin{bmatrix} 0,484 & 0,195 & 0,691 & 0,500 \\ -0,031 & 0,683 & -0,532 & 0,500 \\ -0,802 & -0,203 & 0,257 & 0,500 \\ 0,349 & -0,675 & -0,416 & 0,500 \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{V} = [\mathbf{v}_1, \mathbf{v}_2, \mathbf{v}_3, \mathbf{v}_4] = \begin{bmatrix} 0,457 & -0,474 & 0,181 & -0,382 \\ 0,234 & -0,233 & 0,498 & 0,801 \\ -0,011 & -0,625 & -0,544 & 0,155 \\ 0,082 & 0,479 & -0,300 & 0,289 \\ 0,495 & 0,088 & -0,549 & 0,238 \\ 0,501 & 0,296 & 0,179 & -0,160 \\ 0,483 & 0,069 & 0,003 & -0,150 \end{bmatrix}.$$

Biorąc dwa pierwsze wektory własne macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$ i mnożąc je przez odpowiednie wartości osobliwe, tworzymy macierz $\mathbf{G}$, natomiast z dwóch pierwszych wektorów własnych macierzy $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$ tworzymy macierz $\mathbf{E}$, czyli

$$\mathbf{G} = [\lambda_1 \mathbf{u}_1; \lambda_2 \mathbf{u}_2] = \begin{bmatrix} 1,52 & 0,28 \\ -0,10 & 0,99 \\ -2,52 & -0,29 \\ 1,10 & -0,98 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{E} = [\mathbf{v}_1; \mathbf{v}_2] = \begin{bmatrix} 0,46 & -0,47 \\ 0,23 & -0,23 \\ -0,01 & -0,63 \\ 0,08 & 0,48 \\ 0,50 & 0,09 \\ 0,50 & 0,30 \\ 0,48 & 0,07 \end{bmatrix}.$$

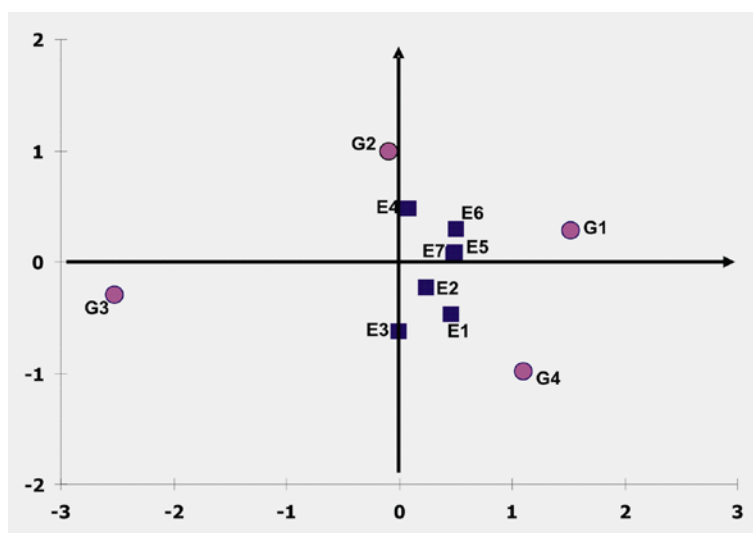
Macierze $\mathbf{G}$ i $\mathbf{E}$ tworzą rozkład (według wartości osobliwych) macierzy $\mathbf{Y}$ w tym sensie, że zachodzi przybliżona równość $\mathbf{Y} \approx \mathbf{G}\mathbf{E}'$ (dokładną równość otrzymalibyśmy biorąc pełny zestaw wektorów własnych zarówno macierzy $\mathbf{Y}\mathbf{Y}'$, jak i macierzy $\mathbf{Y}'\mathbf{Y}$). Jak dokładne jest to przybliżenie, możemy sprawdzić bezpośrednio, wyznaczając macierz $\mathbf{G}\mathbf{E}'$ i porównując ją z macierzą $\mathbf{Y}$. Można też obliczyć wartość wskaźnika

$$d_2 = (\lambda_1^2 + \lambda_2^2) / (\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2 + \lambda_4^2),$$

określającego, jaką część zmienności wszystkich danych wyjaśniają dwie pierwsze składowe główne (patrz np. Krzyśko, 2000; Sieczko i in., 2004). W naszym przypadku $d_2 = 0,94$, co oznacza, że wzięcie tylko dwóch pierwszych składowych zamiast wszystkich czterech przyniesie utratę 6% informacji.

Ponieważ zarówno każdy wiersz macierzy $\mathbf{G}$ jak i każdy wiersz macierzy $\mathbf{E}$ składa się z dwóch współrzędnych, możemy wszystkie wiersze obu macierzy potraktować jako punkty płaszczyzny. Mamy wobec tego 4 wiersze macierzy $\mathbf{G}$, czyli punkty $\mathbf{G1}, \dots, \mathbf{G4}$ reprezentujące genotypy i 7 wierszy macierzy $\mathbf{E}$, czyli punkty $\mathbf{E1}, \dots, \mathbf{E7}$ reprezentujące środowiska (w tym przypadku miejscowości).

Rysunek z zaznaczonymi wszystkimi punktami G_i i E_j nazywa się biplotem typu GGE (rys. 1).



Rys. 1. Biplot typu GGE reprezentujący 4 genotypy w 7 środowiskach
Fig. 1. GGE biplot representing 4 genotypes in 7 locations

INTERPRETACJA BIPLITU TYPU GGE

Współrzędne każdego punktu na płaszczyźnie są takie same jak współrzędne wektora, którego końcem jest ten punkt, a zaczepionego w początku układu współrzędnych. Wobec tego na punkty G_i i E_j możemy patrzeć również jako na wektory zaczepione w początku układu współrzędnych.

Z przybliżonej równości $\mathbf{Y} \approx \mathbf{G}\mathbf{E}'$ wynika, że każdy element ψ_{ij} macierzy $\mathbf{Y}$ (czyli efekt GGE) jest iloczynem skalarnym wektorów G_i i E_j , tzn. możemy go zapisać w postaci $\psi_{ij} \approx |G_i| \cdot \cos \alpha_{ij} \cdot |E_j|$, gdzie $|G_i|$, $|E_j|$ oznaczają długości wektorów G_i i E_j , a α_{ij} jest kątem (niezorientowanym) między tymi wektorami. (W dalszym ciągu będziemy pisać zwykłą równość zamiast przybliżonej). Oznacza to, że mając dany biplot typu GGE, możemy na jego podstawie odtworzyć efekty GGE poprzez zmierzenie długości wektorów i kątów między tymi wektorami.

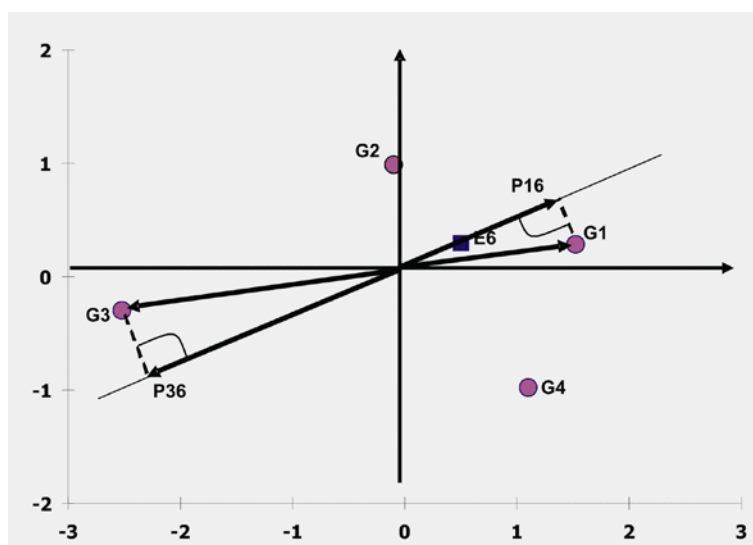
W rzeczywistości większe znaczenie, zamiast rachunkowego odtwarzania efektów GGE, miałoby wskazanie na rysunku takich obiektów, które by te efekty reprezentowały. Załóżmy, że chcemy porównać wszystkie efekty GGE w środowisku E_6 (STH). Oznaczając $p_{ij} = |G_i| \cdot \cos \alpha_{ij}$ mamy $\psi_{16} = p_{16} \cdot |E_6|$, ..., $\psi_{46} = p_{46} \cdot |E_6|$.

Widać więc, że porównanie efektów ψ_{ij} (w ustalonej miejscowości E_j) sprowadza się do porównania odpowiednich wielkości p_{ij} . Z elementarnej trygonometrii wynika, że wartość bezwzględna p_{ij} jest długością wektora będącego rzutem prostopadłym wektora G_i

na prostą równoległą do wektora E_j . Oznaczmy ten rzut przez P_{ij} . Wielkość p_{ij} jest dodatnia, jeśli wektory E_j i P_{ij} mają ten sam zwrot, ujemna, gdy E_j i P_{ij} mają przeciwne zwroty.

Wobec tego wektory P_{ij} , będące rzutami prostymi wektorów G_i na prostą równoległą do E_j , mogą być uznane za obiekty reprezentujące efekty GGE w ustalonej miejscowości E_j .

Na rysunku 2 zaznaczona jest prosta przechodząca przez początek układu i punkt E_6 (a więc równoległa do wektora E_6). Rzuty prostopadłe na tę prostą wektorów $G_1, \dots, G_4$ są wektorami $P_{16}, \dots, P_{46}$. Trzy z nich mają zwrot zgodny z E_6 . Są to P_{16}, P_{26}, P_{46} , wobec czego p_{16}, p_{26} i p_{46} są dodatnie, przy czym największą długość ma wektor P_{16} . Zatem w miejscowości E_6 największy efekt GGE daje genotyp G_1 .



Rys. 2. Porównanie efektów GGE w miejscowości E_6
Fig. 2. Comparison of the GGE effects in the location E_6

Wektor P_{36} ma zwrot przeciwny do wektora E_6 , wobec tego $p_{36} < 0$, czyli jedyny ujemny efekt GGE w miejscowości E_6 daje genotyp G_3 . Na rysunku 2 zaznaczone są wektory P_{16} i P_{36} , reprezentujące skrajne efekty GGE w miejscowości E_6 .

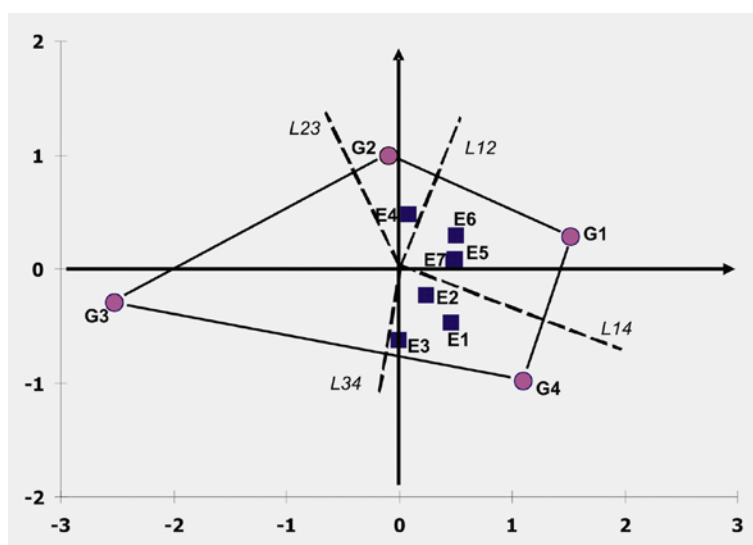
Dokładniejsza analiza rysunku 2 prowadzi do następującego uszeregowania wielkości p_{i6} : $p_{36} < 0 < p_{46} < p_{26} < p_{16}$, a co za tym idzie do następującego uszeregowania efektów GGE w miejscowości E_6 : $\psi_{36} < 0 < \psi_{46} < \psi_{26} < \psi_{16}$.

Dane w tabeli 2 potwierdzają ten wniosek wynikający z analizy biplotu typu GGE. Należy jednak pamiętać, że biplot pozwala na odtworzenie efektów GGE w sposób przybliżony, a więc — zwłaszcza przy niewielkiej różnicy pomiędzy tymi efektami (np. $\psi_{26} = 0,160$, $\psi_{46} = 0,195$) — biplot może wskazać inną kolejność niż w rzeczywistości.

W podobny sposób można porównywać efekty GGE dla ustalonego genotypu w różnych miejscowościach. Trzeba tylko brać rzuty prostopadłe wektorów E_j na prostą równoległą do ustalonego wektora G_i .

Z powyższych rozważań wynika, że w miejscowości E6 największy efekt GGE daje genotyp G1. W celu znalezienia dla każdej miejscowości genotypu o największym w niej efekcie GGE nie jest konieczne specyfikowanie wielkości wszystkich efektów GGE w każdej miejscowości.

Połączmy prostą punkty G1 i G4 (linia ciągła na rys. 3), a następnie narysujmy półprostą do niej prostopadłą, zaczepioną w początku układu współrzędnych (linia przerywana L14 na rysunku 3). Punkty G1 i G4 znalazły się po przeciwnych stronach prostej L14, przy czym punkt E1 znalazł się po tej samej stronie prostej L14 co punkt G4. Wynika z tego, że genotyp G4 ma większy efekt GGE w miejscowości E1 niż genotyp G1 w tej miejscowości. (Gdyby punkt E1 leżał na prostej L14, to oba efekty byłyby takie same).



Rys. 3. Szukanie genotypu o największym efekcie GGE w każdej miejscowości
Fig. 3. Searching for the genotype with maximum GGE effect in each location

Podobne rozumowanie można przeprowadzić dla pozostałych miejscowości i powtórzyć je również w przypadku półprostych L12, L23 i L34 (rys. 3). Liczba rozpatrywanych przypadków jest dość duża, okazuje się jednak, że całość rozważań można zreasumować w dość zwięzły i przejrzysty sposób.

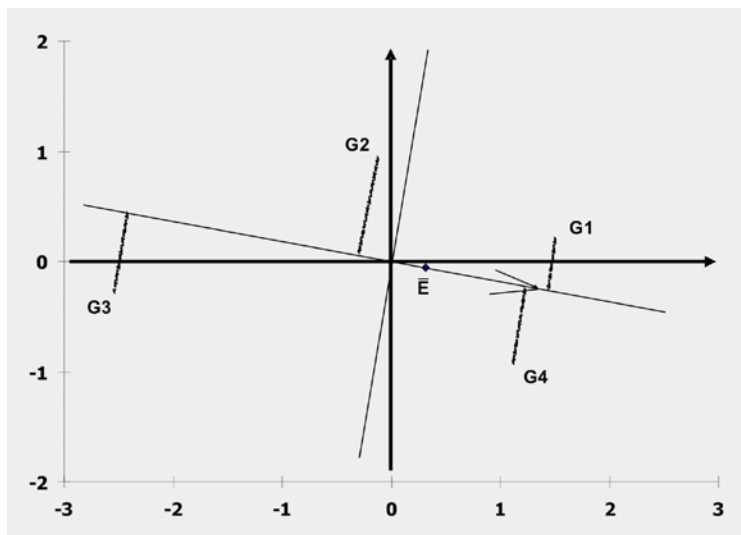
Zauważmy, że półproste L14, L12, L23 i L34 dzielą płaszczyznę na cztery obszary, przy czym każdy obszar zawiera dokładnie jeden genotyp. W obszarze zawierającym genotyp G1 znajdują się miejscowości E5, E6 i E7. Oznacza to, że genotyp G1 daje największy efekt GGE w każdej z tych miejscowości. Podobnie genotyp G4 daje największy efekt GGE w każdej z miejscowości E1, E2, E3. Genotyp G2 daje największy efekt GGE tylko

w miejscowości E4, nie ma natomiast miejscowości, w której genotyp G3 dawałby największy efekt GGE.

Z powyższego wynika więc, że szukanie dla każdej miejscowości genotypu o największym w niej efekcie GGE umożliwia przy okazji dokonanie podziału wszystkich miejscowości na podgrupy.

Kolejnym zagadnieniem, w którego analizie pomocne mogą być wykresy typu biplot, jest badanie stabilności genotypów. Rozważamy najczęściej dwa rodzaje stabilności: statyczną oraz dynamiczną (Annicchiarico, 2002; Yan, Kang, 2003). Genotyp stabilny statycznie zachowuje stałą wysokość plonu we wszystkich środowiskach. Genotyp stabilny dynamicznie w każdym ze środowisk daje plon różniący się od średniego plonu wszystkich genotypów w danym środowisku o stałą wielkość. Inaczej mówiąc, genotyp ten nie wykazuje żadnej interakcji genotypowo-środowiskowej.

Biplot typu GGE pozwala w łatwy sposób ocenić stabilność typu dynamicznego rozważanych genotypów. W tym celu definiuje się tak zwane średnie środowisko, o średnich wartościach plonów badanych genotypów poprzez środowiska. Na wykresie jest ono przybliżane przez punkt, którego współrzędne są średnimi wartościami odpowiednio pierwszej i drugiej składowej głównej dla środowisk. Odpowiedni wykres dla rozważanego w pracy przykładu przedstawiony jest na rysunku 4.



Rys. 4. Analiza stabilności genotypów oraz poszukiwanie genotypu idealnego
Fig. 4. Analysis of the genotype stability and searching for the ideal genotype

Prosta przechodząca przez punkt średniego środowiska ($\bar{E}$) oraz początek układu współrzędnych tworzy tzw. oś średniego środowiska. Rzuty wektorów G_i na tę oś reprezentują efekty główne genotypów G_i , a tym samym ustalają ranking średnich (poprzez środowiska) plonów tych genotypów. Strzałka na osi średniego środowiska wskazuje kierunek wzrostu średniego plonu. Według wykresu kolejność genotypów pod

względem średniego plonu jest następująca: $G1 > G4 > G2 > G3$. W rzeczywistości średnie plony przybierają wartości: 10,66 (G4) > 10,65 (G1) > 10,17 (G2) > 9,42 (G3). Widać więc, że wykres bardzo dobrze przybliży zależności między średnimi plonami genotypów, a jedyna niedokładność związana jest z tym, że średnie plony genotypów G1 i G4 są prawie takie same.

Genotypy leżące na osi średniego środowiska charakteryzują się brakiem interakcji genotypowo-środowiskowej, a więc są stabilne. Odległości poszczególnych genotypów od osi średniego środowiska związane są ze zmiennością efektów interakcji genotypowo-środowiskowej. Im większa odległość, tym genotyp wykazuje większe zróżnicowanie efektów tej interakcji. Odległości poszczególnych genotypów od osi średniego środowiska na rysunku 4 są do siebie zbliżone, z czego wynika, że wszystkie cztery genotypy są mniej więcej jednakowo stabilne.

W końcu rysunek 4 pozwala wyznaczyć tak zwany genotyp idealny definiowany jako stabilny i o największym średnim plonie pośród badanych genotypów (Yan., Kang, 2003). Położenie genotypu idealnego na rysunku 4 wskazuje dokładnie koniec strzałki na osi średniego środowiska (tej samej, która wskazuje dodatkowo kierunek wzrostu średniego plonu genotypów). Wykresy typu biplot jedynie przybliżają rzeczywiste zależności, stąd z rysunku 4 wynika, że genotyp G4 ma mniejszy, a G1 większy średni plon niż genotyp idealny. Z pewnością można jednak powiedzieć, iż oba te genotypy są najbardziej zbliżone do poszukiwanego genotypu idealnego.

WNIOSKI

1. Analiza biplotu typu GGE polega na odpowiedniej interpretacji dobrze znanych obiektów geometrycznych (takich jak punkty, proste, wektory) i wyciąganiu wniosków z ich elementarnych własności trygonometrycznych. Podstawą tej analizy jest stwierdzenie, że efekt GGE jest iloczynem skalarnym dwóch wektorów, z których jeden reprezentuje genotyp, a drugi środowisko.
2. Podstawowe możliwości interpretacyjne biplotu typu GGE:
 - uporządkowanie efektów GGE według wielkości dla ustalonego środowiska,
 - wyznaczanie genotypu o największym efekcie GGE w danym środowisku,
 - podział środowisk na grupy,
 - badanie stabilności genotypów oraz wskazanie genotypu idealnego.
3. W przypadku gdy analiza obejmuje dużą liczbę genotypów (np. kilkadziesiąt rodów) konstrukcja i interpretacja biplotu typu GGE nie jest praktycznie możliwa bez odpowiedniego programu komputerowego. W. Yan, jeden z twórców metody biplotu typu GGE, jest również autorem programu komputerowego do obsługi tej metody (Yan, 2001–2004).

LITERATURA

- Annicchiarico P. 2002. Genotype $\times$ environment interactions — challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. FAO Plant Production and Protection Paper — 174. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome.

- Krzanowski W. 1988. Principles of multivariate analysis. A user's perspective. Clarendon Press, Oxford.
- Krzyśko M. 2000. Wielowymiarowa analiza statystyczna. Wydawnictwo Naukowe UAM, Poznań.
- Rao C.R. 1982. Modele liniowe statystyki matematycznej. PWN, Warszawa.
- Sieczko L., Mądry W., Zieliński A., Paderewski J., Urbaś-Szwed K. 2004. Zastosowanie analizy składowych głównych w badaniach nad wieloocelową charakterystyką zmienności genetycznej w kolekcji zasobów genowych pszenicy twardej (*Triticum durum* L.). XXXIV Coll. Biom.: 223 — 239.
- Yan W. 2001. GGE biplot — a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. Agron. J. 93: 1111 — 1118.
- Yan W., Hunt L. A. 2001. Interpretation of genotype-environment interaction for winter wheat yield in Ontario. Crop Sci. 41: 19 — 25.
- Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlavnick Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. Crop Sci. 40: 597 — 605.
- Yan W., Kang M. S. 2003. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Yan W. 2001–2004. Strona World Wide Web: <http://www.ggebiplot.com/biplot.htm>.
- Zieliński A., Jankowski P., Mądry W. 2005. Biplot typu GGE jako narzędzie do graficznej analizy danych z serii doświadczeń z genotypami. XXXV Coll. Biom.: 207 — 224.