

**WIESŁAW MĄDRY**Katedra Statystyki Matematycznej i Doświadczalnictwa  
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

## Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów Część I. Podstawy teoretyczne

### Using Shukla's mixed model and the related joint regression model in analyses of stability and adaptation of genotypes Part I. Theoretical considerations

Przedstawiono najważniejsze elementy teorii modelu mieszanego Shukli i wyprowadzonego z niego modelu regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli (model *E-R-S*). Podano możliwie proste i efektywne estymatory i testy dla parametrów tych modeli w przypadku danych w kompletnej klasyfikacji genotypy  $\times$  środowiska, pochodzących z serii doświadczeń odmianowych. Przedmiotem wnioskowania są średnie genotypowe oraz inne parametry wymienionych modeli, zwane miarami stabilności genotypów. W modelu Shukli miarą stabilności jest wariancja interakcyjna, nazywana wariancją stabilności ( $\sigma^2_i$ ), zaś w modelu regresji łącznej *E-R-S* są to współczynnik regresji ( $\beta_i$  lub  $b_i$ ), wariancja reszty regresyjnych ( $\sigma^2_{d(i)}$  i  $\sigma^2_{s(i)}$ ) oraz współczynnik determinacji ( $R^2_i$ ). Podane estymatory miar stabilności zostały uzyskane za pomocą metody MINQUE w modelu Shukli (1972) lub przybliżonej zwykłej metody najmniejszych kwadratów PZNK w modelu *E-R-S* (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Mądry, 2002). Do badania istotności tych parametrów zastosowano dokładne lub przybliżone testy F. Stwierdzono, że przedstawione narzędzia statystyczne w modelu Shukli dla danych kompletnych mają własności optymalne, natomiast narzędzia z metody PZNK w modelu *E-R-S* mają coraz lepsze własności wraz ze zwiększeniem liczby genotypów i oraz przewagi wariancji środowiskowej  $\sigma^2_e$  nad wariancjami pozostałych efektów losowych (Piepho, 1998; Mądry, 2002), co w praktyce jest często spełnione. Z tych rozważań i literatury wynika, że modele Shukli i *E-R-S* mogą być praktycznie przydatne do analizy stabilności i adaptacji genotypów.

**Słowa kluczowe:** analiza stabilności i adaptacji genotypów, metoda MINQUE, model Shukli, model regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli (*E-R-S*), przybliżona zwykła metoda najmniejszych kwadratów PZNK, seria doświadczeń odmianowych

The most important theoretical problems of the mixed Shukla's model and a joint regression model called Eberhart-Russell-Shukla model (*E-R-S* model) — (Piepho, 1999) are presented in this paper. Rather simple and efficient estimators and tests for parameters of the models are shown for a case of complete genotype\*environment classification. Genotypic means and other parameters of the models,

called stability measures, are considered. In the Shukla's model a stability variance ( $\sigma^2_i$ ) is stability measure and in the joint regression model *E-R-S*, stability measures are regression coefficient ( $\beta$  or  $b_i$ ), residual variance ( $\sigma^2_{d(i)}$  and  $\sigma^2_{\delta(i)}$ ) as well as determination coefficient ( $R^2_i$ ). The given estimators of these stability measures in the models have been obtained using MINQUE method in Shukla's model (1972) or ordinary approximated minimum least squares method (OALS) in the *E-R-S* model (Eberhart and Russell, 1966; Shukla, 1972; Mądry, 2002). These tools are useful only for data in balanced (complete) two-way genotype  $\times$  environment classifications. Tests F, both usual and approximated ones, are recommended for testing hypothesis on stability measures in the models. The statistical tools in Shukla's model have optimal properties. The tools for all considered stability parameters in the *E-R-S* model could be almost optimal if the number of genotypes would be large and environmental variance  $\sigma^2_e$  would seriously dominate variances of all other random effects in the model (Piepho, 1998; Mądry, 2002). These conditions are usually fulfilled in practice. The considerations in the paper and in literature show that the models, both Shukla's and *E-R-S* ones could be useful in a study on stability and adaptation of genotypes in variety trials.

**Key words:** joint regression model of Eberhart-Russell-Shukla (*E-R-S* model), MINQUE method, ordinary approximate minimum least squares method (OALS method), series of variety trials, Shukla's model, stability and adaptation analyses of genotypes

## WSTĘP

W hodowli, ocenie i rejestracji odmian rozpatruje się głównie dwa kryteria charakterystyki genotypów, tj. średnią badanej cechy ilościowej (głównie plonu i jego jakości oraz innych cech produktywności roślin) w środowiskach docelowego rejonu rolniczego oraz interakcję genotypowo-środowiskową. Interakcja genotypowo-środowiskowa jest często interpretowana w ramach analizy stabilności genotypów, która polega na statystycznej analizie reakcji badanej cechy ilościowej genotypów na warunki środowiskowe w miejscowościach i latach docelowego rejonu uprawowego (Kang, 1998; Nabuoomu i in., 1999; Sivapalan i in., 2000). Jednoczesna charakterystyka genotypów względem ich średniej genotypowej i stabilności jest podstawą analizy adaptacji genotypów, polegającej na badaniu przewagi poziomu cechy każdego genotypu nad innymi genotypami w miejscowościach i latach rejonu docelowego (Eskridge i in., 1991; Kang, 1998; Sivapalan i in., 2000; Rajfura, 2002).

Do analizy stabilności i adaptacji genotypów wykorzystuje się dane z jednorocznej serii odmianowych doświadczeń wielokrotnych lub z serii odmianowych doświadczeń wielokrotnych i wieloletnich. Na podstawie serii doświadczeń pierwszego rodzaju ocena stabilności i adaptacji genotypów odnosi się tylko do miejscowości w danym rejonie w badanym roku, zaś drugi rodzaj serii doświadczeń pozwala ocenić stabilność i adaptację genotypów w rejonie oraz określić ich powtarzalność w latach (Leon i Becker, 1988).

W obu rodzajach serii doświadczeń odmianowych do analizy stabilności i adaptacji genotypów stosuje się różne modele mieszane dla danych w dwukierunkowej klasyfikacji krzyżowej genotypy  $\times$  środowiska, w której środowiskami są miejscowości (w serii jednorocznej) lub kombinacje miejscowości  $\times$  lata z pominięciem ich klasyfikacji, albo też miejscowości w danym roku (Leon i Becker, 1988; Piepho, 1998; Nabuoomu i in., 1999) dla serii wielokrotnej i wieloletniej. Dla takich danych stosuje się prostszy, choć wystarczająco realistyczny, model Shukli (Caliński, 1960; Shukla, 1972; Piepho, 1999) lub uwzględniający najogólniejsze założenia, ale trudniejszy, model Scheffego-Calińskiego

(Caliński i in., 1995; Caliński i in., 1997). Każdy z wymienionych modeli może być stosowany zarówno w postaci podstawowej, jak i rozwiniętej, nazywanej modelem regresji łącznej (ang. joint regression models) — (Freeman, 1973; Nabugoomu i in., 1999; Piepho i van Eeuwijk, 2002). Niektóre parametry tych modeli nazywane są miarami stabilności. Miary stabilności oparte na modelach podstawowych pozwalają na ocenę podobieństwa reakcji cechy genotypu na środowiska w miejscowościach docelowego rejonu uprawowego do normy reakcji stabilnej rolniczo (Lin i in., 1986; Becker i Leon, 1988), która jest cenionym walorem odmiany względem plonu i cech produktywności roślin. Reakcja stabilna rolniczo cechy genotypu na środowiska jest określona jako zachowanie cechy proporcjonalne do jakości (urodzajności, żyzności) środowiska, określonej za pomocą odpowiednich wskaźników, np. średnich rozpatrywanej cechy dla badanych genotypów w środowiskach.

Miary stabilności oparte na modelach regresji łącznej ułatwiają ocenę reakcji cechy na środowiska dla tych genotypów, które okazały się niestabilne rolniczo (Eberhart i Russell, 1966; Lin i in., 1986). W analizie adaptacji można wykryć genotypy preferowane przy rejonizacji odmian, tj. najbardziej zbliżone do tych o szerokiej adaptacji (zazwyczaj przeważające w środowiskach rejonu) lub wąskiej adaptacji (przeważające w niektórych typach środowisk) dla ważnych cech rolniczych (Freeman, 1973; Kang, 1998; Rajfura, 2002).

Obecnie znane są trzy modele mieszane regresji łącznej dla dwukierunkowej klasyfikacji. Dwa z nich, pierwszy z równymi wariancjami reszt regresyjnych dla genotypów (Piepho, 1997, 1999), drugi zaś z nierównymi wariancjami tych reszt (Shukla, 1972; Piepho, 1997, 1999), stanowią odpowiednie modyfikacje modelu Shukli. Do rzeczywistości przystaje dobrze tylko drugi z tych modeli (Piepho, 1997, 1999; Piepho i van Eeuwijk, 2002). Nie jest on jeszcze tak dobrze opracowany i szeroko stosowany w Polsce, jak trzeci znany model mieszany regresji łącznej, który wywodzi się z modelu Scheffego-Calińskiego (Kaczmarek, 1986; Caliński i in., 1997). Model mieszany regresji łącznej z nierównymi wariancjami reszt jest wzorowany na pomysle Eberharta i Russella (1966) oraz Shukli (1972). Zatem nazwiemy go modelem Eberharta-Russella-Shukli (*E-R-S*). Jego podstawy opracowali Shukla (1972) i Piepho (1997), są one podane w pracach Piepho i van Eeuwijka (2002) oraz Mądrego (2002). Narzędzia statystyczne w tym modelu przedstawili Shukla (1972) i Piepho (1997) dla danych w klasyfikacji kompletnej, zaś Piepho (1999) dla danych w klasyfikacji niekompletnej.

W tej dwuczęściowej pracy przedstawiono wybrane elementy teorii modeli Shukli i *E-R-S* oraz ich zastosowań w analizie stabilności i adaptacji genotypów. Celem tej pracy jest przedstawienie najważniejszych elementów teorii dla modeli Shukli i *E-R-S* oraz możliwie prostych i efektywnych narzędzi do wnioskowania z danych w klasyfikacji kompletnej.

MODEL SHUKLI I JEGO ANALIZA

**Model**

Model mieszany Shukli dla dwukierunkowej klasyfikacji o postaci genotypy środowiska ma postać (Caliński, 1960; Shukla, 1972; Magari i Kang, 1997; Piepho, 1998; 1999; Piepho i van Eeuwijk, 2002):

$$y_{ij\bullet} = \mu + g_i + e_j + ge_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet} = \mu + e_j + v_{ij} \quad (1)$$

gdzie  $y_{ij\bullet}$  jest średnią obserwacji cechy z  $n$  powtórzeń (w serii doświadczeń założonych w układzie losowanych bloków) dla  $i$ -tego genotypu ( $i = 1, \dots, I$ ) oraz  $j$ -tego środowiska ( $j = 1, \dots, J$ ),  $\mu$  jest średnią ogólną,  $g_i$  jest stałym efektem głównym  $i$ -tego genotypu,  $e_j$  jest losowym efektem głównym  $j$ -tego środowiska,  $ge_{ij}$  jest losowym efektem interakcji  $i$ -tego genotypu z  $j$ -tym środowiskiem,  $\varepsilon_{ij\bullet}$  jest średnim błędem losowym,  $v_{ij} = ge_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet}$ .

Zakłada się, że:

- a) efekty losowe w modelu (1), tzn.  $e_j$ ,  $ge_{ij}$ ,  $\varepsilon_{ij\bullet}$  oraz  $v_{ij}$ , mają łączny wielowymiarowy rozkład normalny z wartościami oczekiwanymi równymi zero i wariancjami odpowiednio:

$$\sigma_e^2, \sigma_{ge(i)}^2, \sigma^2 \text{ oraz } \sigma_i^2 = \sigma_{ge(i)}^2 + \sigma^2$$

oraz, że

- b) efekty losowe w obrębie każdego źródła zmienności i z różnych źródeł zmienności są niezależne.

Wariancja interakcyjna  $\sigma_{ge(i)}^2$  oraz  $\sigma_i^2$ , zwane wariancjami stabilności genotypów (Piepho, 1993, Magari i Kang, 1997), są głównymi miarami stabilności.

Genotyp stabilny w sensie rolniczym dla danej cechy wyróżnia się wariancją interakcyjną  $\sigma_{ge(i)}^2$  równą zero.

**Estymacja parametrów**

Estymatory parametrów stałych w modelu (1), uzyskane zwykłą metodą najmniejszych kwadratów, o postaci:

$$\hat{\mu} = y_{\dots}, \hat{\mu}_i = y_{i\bullet\bullet}, \hat{g}_i = y_{i\bullet\bullet} - y_{\dots} \quad (2)$$

są nieobciążone i najefektywniejsze dla danych w klasyfikacji kompletnej (Searle, 1987; Caliński i in., 1997). Wariancje stabilności  $\sigma_i^2$  można ocenić za pomocą estymatora MINQUE (Shukla, 1972, Piepho, 1993):

$$\hat{\sigma}_i^2 = \frac{1}{(J-1)(I-1)(I-2)} \left[ I(I-1)W_i - \sum_{s=1}^I W_s \right], \quad (3)$$

gdzie:

$$W_i = \sum_j (y_{ij\bullet} - y_{i\bullet\bullet} - y_{\bullet j\bullet} + y_{\dots})^2$$

**Testowanie hipotez**

Hipotezę globalną o braku zróżnicowania głównych efektów genotypowych można testować przybliżonym testem F (Piepho, 1996), gdy  $I > J$ , czyli kiedy nie można stosować statystyki Hotellinga (Caliński i in., 1997). Hipotezy szczegółowe  $H_{g(i)} : g_i = 0$  dla

dowolnego  $i = 1, \dots, I$  można testować testem F, dla którego funkcja testowa z liczbami stopni swobody  $v_1=1$  oraz  $v_2 = v_e = J-1$  ma postać (Caliński i in., 1997):

$$F_{g^{(i)}} = \frac{J(J-1)\hat{g}_i^2}{S_{ge,ii}}, \quad (4)$$

gdzie:

$$S_{ge,ii} = \sum_{j=1}^J (y_{ij\bullet} - y_{\bullet j\bullet})^2 - J(y_{i\bullet\bullet} - y_{\bullet\bullet\bullet})^2$$

jest  $i$ -tym elementem diagonalnym macierzy  $S_{ge}$ .

Natomiast dla testowania hipotez szczegółowych  $H_{ge(i)} : \sigma_{ge(i)}^2 = 0$  dla dowolnego  $i$ , proponuje się przybliżony test F (Shukla, 1972), dla którego funkcja testowa z liczbami stopni swobody  $v_1=J-1$  oraz  $v_2=J(I-1)(n-1)$  ma postać:

$$F_{ge(i)} = \frac{\hat{\sigma}_i^2}{MS_{\bar{\varepsilon}}} \quad (5)$$

gdzie  $MS_{\bar{\varepsilon}}$  jest średnim kwadratem błędu średniego.

#### MODEL E-R-S I JEGO ANALIZA

##### Model

Po przedstawieniu efektów interakcyjnych w modelu (1) w postaci multiplikatywnej, tzn.  $ge_{ij} = \beta_i e_j + d_{ij}$ , otrzymujemy model mieszany regresji łącznej E-R-S o postaci (Eberhart i Russell, 1966, Shukla, 1972, Piepho, 1997, Mądry, 2002):

$$y_{ij\bullet} = \mu + g_i + e_j + \beta_i e_j + d_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet} = \mu + g_i + b_i e_j + d_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet} \quad (6)$$

gdzie  $\beta_i$  jest współczynnikiem regresji liniowej efektów interakcyjnych od głównych efektów środowiskowych dla  $i$ -tego genotypu,  $b_i (=1+\beta_i)$  jest współczynnikiem regresji średnich  $y_{ij\bullet}$  od głównych efektów środowiskowych dla  $i$ -tego genotypu,  $d_{ij}$  jest nie obserwowalną resztą regresyjną (odchyleniem od regresji) dla  $i$ -tego genotypu w  $j$ -tym środowisku.

Model (6) można sprowadzić do zredukowanej postaci (Piepho, 1997, 1998, 1999):

$$y_{ij\bullet} = \mu + g_i + e_j + \beta_i e_j + \delta_{ij} = \mu + g_i + b_i e_j + \delta_{ij} \quad (7)$$

gdzie:  $\delta_{ij} = d_{ij} + \varepsilon_{ij\bullet}$

jest obserwowalną resztą regresyjną.

Zaletą modelu (7) jest ułatwienie analizy statystycznej w praktyce oraz umożliwienie wnioskowania na podstawie danych z doświadczeń jednopowtórzeniowych.

Zakłada się, że reszty regresyjne dla genotypów są niezależne i mają nierówne wariancje odpowiednio  $\sigma_{d(i)}^2$  i  $\sigma_{\delta(i)}^2$ . Są one niezależne od głównych efektów środowiskowych. Takie założenia wydają się być rozsądne i mogą być bliskie rzeczywistości (Eberhart i Russell, 1966, Piepho, 1997, 1998, 1999).

Parametry modeli E-R-S (6) i (7) dostarczają czterech regresyjnych miar stabilności genotypów (Lin i in., 1986, Becker i Leon, 1988). Są nimi współczynnik regresji  $\beta_i$  (lub

$b_i$ ), wariancje reszt  $\sigma^2_{d(i)}$  i  $\sigma^2_{\delta(i)}$ , oraz współczynnik determinacji  $R^2_i$ . Współczynnik regresji  $\beta_i$  lub  $b_i$  charakteryzuje przeciętną liniową reakcję cechy  $i$ -tego genotypu na jakość środowiska, czyli trend środowiskowy. Natomiast wariancje reszt  $\sigma^2_{d(i)}$  i  $\sigma^2_{\delta(i)}$ , oraz współczynnik determinacji  $R^2_i$  są miarami ścisłości trendu środowiskowego, tzn. dokładności opisu rzeczywistej reakcji cechy  $i$ -tego genotypu na jakość środowiska za pomocą funkcji regresji (funkcji trendu) z modelu (6), czyli:

$$E(y_{ij}/e_j) = \mu + g_i + b_i e_j$$

Regresyjne miary stabilności, tj.  $\beta_i$ ,  $\sigma^2_{d(i)}$  lub  $\sigma^2_{\delta(i)}$  oraz  $R^2_i$  określają rodzaj i stopień odstępstwa reakcji cechy genotypów na środowiska od reakcji stabilnej rolniczo. Wskazują one na intensywny lub ekstensywny trend środowiskowy oraz na dokładność opisu środowiskowej reakcji cechy genotypu przez funkcję regresji:

$$E(y_{ij}/e_j) = \mu + g_i + b_i e_j$$

### Estymacja parametrów

Estymatory współczynników regresji  $\beta_i$  oraz  $b_i$ , uzyskane za pomocą przybliżonej zwykłej metody najmniejszych kwadratów (PZNK), mają postać (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Piepho, 1993, 1998):

$$\hat{\beta}_i = \hat{b}_i - 1 = \frac{\sum_j y_{ij} \cdot (y_{\cdot j} - y_{\dots})}{\sum_j (y_{\cdot j} - y_{\dots})^2} - 1 = \frac{\sum_j (y_{ij} - y_{\cdot}) \cdot (y_{\cdot j} - y_{\dots})}{\sum_j (y_{\cdot j} - y_{\dots})^2} \quad (8)$$

Estymator (8) ma coraz lepsze własności względem rosnącej liczby genotypów  $I$  oraz przewagi wariancji  $\sigma^2_e$  nad wariancjami reszt  $\sigma^2_{d(i)}$  (Mądry, 2002). Badania eksperymentalne (Yau, 1995; Nabugoomu i in., 1999; Sivapalan i in., 2000) wskazują, że zazwyczaj wariancja środowiskowa  $\sigma^2_e$  przeważa znacznie nad wariancjami reszt  $\sigma^2_{d(i)}$ .

Estymatorem wariancji  $\sigma^2_{\delta(i)}$  jest (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Mądry, 2002):

$$\hat{\sigma}^2_{\delta(i)} = \frac{SS_{d(i)}}{J - 2} \quad (9)$$

gdzie  $SS_{d(i)}$  jest sumą kwadratów dla reszt regresyjnych w analizie wariancji (Mądry, 2002).

### Testowanie hipotez

W praktyce testujemy hipotezy szczegółowe  $H_{\beta(i)} : \beta_i = 0$  dla dowolnego  $i = 1, 2, \dots, I$  za pomocą dość dokładnego testu F, przy dużych  $I$  oraz  $J$  (Freeman, 1973). Funkcja testowa dla tych hipotez ma postać (Eberhart i Russell, 1966; Perkins i Jinks, 1968):

$$F_{\beta(i)} = \frac{SS_{r(i)}}{SS_{d(i)} / (J - 2)} \quad (10)$$

gdzie  $SS_{r(i)}$  jest sumą kwadratów dla regresji w analizie wariancji (Mądry, 2002). Funkcja testowa  $F_{\beta(i)}$  w (10) ma w przybliżeniu rozkład F z  $\nu_1 = 1$  oraz  $\nu_2 = (J - 2)$  stopniami swobody, gdy hipoteza  $H_{\beta(i)}$  jest prawdziwa.

Po odrzuceniu hipotezy globalnej o braku reszt regresyjnych (Rajfura, 2002), testuje się hipotezy szczegółowe:  $H_{d(i)} : \sigma^2_{d(i)} = 0$  dla dowolnego  $i = 1, 2, \dots, I$ . Traktują one, że  $i$ -ty genotyp jest w pełni przewidywalny (stabilny w sensie reszt regresyjnych). Do ich

testowania stosujemy przybliżony test F z funkcją testową postaci (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972):

$$F_{d(i)} = \frac{SS_{d(i)} / (J - 2)}{MS_{\bar{\epsilon}}} \quad (11)$$

gdzie  $MS_{\bar{\epsilon}}$  jest średnim kwadratem dla błędu średniego z  $v_{\epsilon} = J(I-1)(n-1)$  stopniami swobody w analizie wariancji (Mądry, 2002). Funkcja testowa  $F_{d(i)}$  w (11) ma w przybliżeniu rozkład F z  $v_1 = (J-2)$  i  $v_2 = J(I-1)(n-1)$  stopniami swobody, gdy  $H_{d(i)}$  jest prawdziwa.

#### DYSKUSJA

Inspiracją przedstawionych podstaw teoretycznych modeli Shukli i *E-R-S* były prace Eberharta i Russella (1966), Shukli (1972) oraz Piepho (1993). Wnioskowanie w modelu Shukli na podstawie danych w klasyfikacji kompletnej jest optymalne w sensie statystycznym lub bliskie optymalnemu. Natomiast narzędzia z metody PZNK w modelu regresji łącznej *E-R-S* mają coraz lepsze własności wraz ze zwiększeniem liczby genotypów *I* oraz przewagi wariancji środowiskowej  $\sigma_e^2$  nad wariancjami pozostałych efektów losowych (Piepho, 1993; Mądry, 2002). Z wielu badań (Yau, 1995; Nabugoomu i in., 1999; Sivapalan i in., 2000; Piepho i van Eeuwijk, 2002) wynika, że w praktyce częściej spełnione są warunki, w których narzędzia z metody PZNK mają dobre własności, niż warunki konieczne dla dobrych własności innych narzędzi, np. z metody REML (Piepho, 1999; Mądry, 2002).

#### WNIOSKI

Z przedstawionej pracy wynikają następujące wnioski:

1. podane narzędzia statystyczne w mieszanym modelu Shukli dla danych w kompletnej dwukierunkowej klasyfikacji genotypy  $\times$  środowiska mają własności optymalne, natomiast narzędzia z metody PZNK w modelu regresji łącznej *E-R-S* mają coraz lepsze własności wraz ze zwiększeniem liczby genotypów *I* oraz przewagi wariancji środowiskowej  $\sigma_e^2$  nad wariancjami pozostałych efektów losowych, co w praktyce jest często spełnione,
2. modele Shukli i *E-R-S* mogą być odpowiednią, i praktycznie przydatną podstawą do statystycznego wnioskowania w analizie stabilności i adaptacji genotypów na podstawie danych z kompletnej, jednorocznej lub wieloletniej serii wielokrotnej doświadczeń odmianowych.

#### LITERATURA

- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101: 1 — 23.
- Caliński T. 1960. On a certain statistical method of investigating interaction in serial experiments with plant varieties. *Bull. de l'Acad. Polonaise des Sci.* 8:565 — 568.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1997. A multivariate approach to analysing genotype — environment interactions. In: „Advances in Biometrical Genetics”. Krajewski P., Kaczmarek Z (eds.), Poznań: 3–14

- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z., Krajewski P., Siatkowski I. 1995. SERGEN-a computer program for the analysis of series of variety trials. *Biuletyn Oceny Odmian* 26-27:39 — 41.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6:36 — 40.
- Eskridge K. M., Byrne P. F., Crossa J. 1991. Selecting stable cultivars by minimizing the probability of disaster. *Field Crops Research* 27:169 — 181.
- Freeman G. H. 1973. Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. *Heredity* 31:339 — 354.
- Kaczmarek Z. 1986. Analiza doświadczeń wielokrotnych zakładanych w blokach niekompletnych. *Roczniki AR w Poznaniu, Rozprawy Naukowe, Poznań.*
- Kang M. S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Advances in Agronomy* 62: 200 — 252.
- Leon J., Becker H. C. 1988. Repeatability of some statistical measures of phenotypic stability – correlations between single year results and multi years results. *Plant Breeding* 100:137 — 142.
- Lin C. S., Binns M. R., Lefkovitch L. P. 1986. Stability analysis: Where do we stand? *Crop Sci.* 26:894 — 900.
- Mądry W. 2002. Model mieszany regresji łącznej z nierównymi wariancjami reszt. *XXXII Coll. Biom.* 141 — 157.
- Magari R., Kang M. S. 1997. SAS-STABLE: Stability analysis of balanced and unbalanced data. *Agron. J.* 90: 929 — 932.
- Nabugoomu F., Kempton R. A., Talbot M. 1999. Analysis of series of trials where varieties differ in sensitivity to locations. *J. Agric. Biol. Env. Stat.*: 4:310 — 325.
- Perkins J. M., Jinks J. L. 1968. Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. *Heredity* 23: 339 — 346.
- Piepho H. P. 1993. Use of the maximum likelihood method in the analysis of phenotypic stability. *Biom. J.* 35: 815 — 822.
- Piepho H. P. 1996. Comparing cultivar means in multilocation trials when the covariance structure is not circular. *Heredity* 76: 198 — 203.
- Piepho H. P. 1997. Analyzing genotype-environment data by mixed models with multiplicative effects. *Biometrics*, 53: 761 — 766.
- Piepho H. P. 1998. Methods for comparing the yield stability of cropping systems — a review. *J. Agron. Crop Sci.* 180: 193 — 213.
- Piepho H. P. 1999. Stability analysis using the SAS system. *Agron. J.* 91: 154 — 160.
- Piepho H. P., van Eeuwijk F. A. 2002. Stability analyses in crop performance evaluation. In: *Crop improvement: Challenges in the twenty-first century.* Kang, M. (ed.). Food Products Press, Binghamton, New York: 307 — 342.
- Rajfura A. 2002. Zastosowanie statystycznych miar stabilności i analizy skupień do oceny i selekcji genotypów owsa i pszenicy jarej. Praca doktorska, SGGW, Warszawa.
- Searle S. R. 1987. *Linear models for unbalanced data.* J. Wiley & Sons, New York: 490.
- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype x environment components of variability, *Heredity* 29: 237 — 245.
- Sivapalan S., O'Brien L. O., Ortiz-Ferrara G., Hollamby G. J., Barclay I., Martin P. J. 2000. An adaptation analysis of Australian and CIMMYT/ICARDA wheat germplasm in Australian production environments. *Aust. J. Agric. Res.* 51: 903 — 915.
- Yau S. K. 1995. Regression and AMMI analyses of genotype x environment interactions: an empirical comparison. *Agron. J.* 87: 121 — 126.