

WIESŁAW MĄDRYKatedra Statystyki Matematycznej i Doświadczalnictwa
Szkoła Główna Gospodarstwa Wiejskiego w Warszawie

Zastosowanie modeli mieszanych Shukli i regresji łącznej do analizy stabilności i adaptacji genotypów Część II. Przykład dla pszenicy jarej

**Using Shukla's mixed model and the related joint regression model in analyses
of stability and adaptation of genotypes**

Part II. An example for spring wheat

Celem niniejszej pracy jest zastosowanie narzędzi statystycznych podanych w pierwszej części pracy do wnioskowania o stabilności i adaptacji plonowania genotypów (rodów) pszenicy jarej na podstawie danych dla plonu ziarna z jednorocznej wielokrotnej serii doświadczeń odmianowych. W tej serii doświadczeń badano 25 rodów w 10 miejscowościach. Podzielono rody na grupy genotypów stabilnych rolniczo, o szerokiej adaptacji, intensywnych, ekstensywnych i nieregularnych (nieprzewidywalnych). Stwierdzono, że analiza regresji łącznej okazała się mało skuteczna w wyjaśnianiu zmienności efektów interakcyjnych plonu ziarna, pozwoliła ona jednak na praktycznie wystarczającą analizę przyczyn niestabilnej rolniczo reakcji plonu genotypów na warunki środowiskowe w miejscowościach badanego rejonu oraz umożliwiła wydzielenie grup genotypów o intensywnym i ekstensywnym trendzie środowiskowym plonowania, których reakcja jest zazwyczaj słabo przewidywalna. Rozpatrywane modele mieszane Shukli i regresji łącznej *E-R-S* oraz metody statystyczne z racji na stosunkowo prostą treść formalną oraz wystarczającą efektywność statystyczną i praktyczną w rozwiązywaniu typowych problemów oceny i selekcji genotypów w procesie ich hodowli i testowania oraz rejonizacji odmian mają szansę stać się, obok modeli Scheffego-Calińskiego, rutynowym narzędziem statystycznym, którego wciąż nie wprowadzono szeroko do tej praktyki, mimo merytorycznego uzasadnienia.

Słowa kluczowe: analiza stabilności i adaptacji rodów, klasyfikacja rodów, model Shukli, model regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli (*E-R-S*), pszenica jara, seria doświadczeń odmianowych

The aim of the paper is application of statistical procedures, given in the first part of the paper, to stability and adaptation analysis of spring wheat genotypes using grain yield data obtained in a multilocation series of variety trials. In the series 25 genotypes were tested in 10 locations. These genotypes were divided into some groups including stable genotypes, genotypes widely adapted, as well as intensive, extensive and irregular genotypes. It was been proven that the joint regression analysis

was less effective in explaining variability of interaction effects. However, it allowed studying unstable response of grain yield of genotypes to environmental conditions in locations of a target region. The Shukla's mixed model and the mixed E-R-S model, together with their statistical tools, could be efficient approaches, like Scheffe-Caliński's models, in solution of typical problems appearing in crop breeding and testing of genotypes.

Key words: classification of genotypes, joint regression model of Eberhart-Russell-Shukla (E-R-S model), series of variety trials, Shukla's model, spring wheat, stability and adaptation analyses of genotypes

WSTĘP

Współcześnie do analizy stabilności i adaptacji genotypów względem cech produktywności i jakości plonu roślin uprawnych na podstawie danych w klasyfikacji genotypy*środowiska z serii doświadczeń odmianowych, stosuje się najczęściej na świecie model mieszany Shukli (Caliński, 1960; Shukla, 1972), zarówno w wersji podstawowej, jak i zmodyfikowanej, zwanej mieszanym modelem regresji łącznej Eberharta-Russella-Shukli, w skrócie *E-R-S* (Eberhart i Russell, 1966; Shukla, 1972; Piepho, 1999). Zastosowanie metod wnioskowania statystycznego w tych modelach zostało wdrożone za pomocą programów komputerowych w systemie SAS, zarówno dla danych kompletnych, jak i niekompletnych (Magari i Kang, 1997; Piepho, 1999). Natomiast w Polsce jest szeroko znany i stosowany, alternatywny w stosunku do modelu Shukli, model mieszany Scheffego-Calińskiego (Caliński i in., 1997; Rajfura, 2002). Podobnie, jak model Shukli, jest on rozpatrywany także w wersji podstawowej i w postaci modelu regresji łącznej (Kaczmarek, 1986; Caliński i in., 1997). Wnioskowanie statystyczne w obu tych modelach Scheffego-Calińskiego na podstawie danych kompletnych zostało wdrożone w postaci efektywnego pakietu komputerowego SERGEN (Caliński i in., 1995). Obie pary modeli Shukli i Scheffego-Calińskiego mają odpowiadająco (modele podstawowe i modele regresji łącznej) porównywalną przydatność praktyczną, ponieważ prowadzą do podobnych lub nawet identycznych wniosków merytorycznych o podobnej jakości statystycznej (Rajfura, 2002).

W pierwszej części tej dwuczęściowej pracy podano w skrócie podstawy teoretyczne konstrukcji modelu Shukli i modelu regresji łącznej *E-R-S*, podstawy miar stabilności opartych na tych modelach oraz możliwie proste i efektywne narzędzia do wnioskowania statystycznego w tych modelach w zastosowaniu do analizy stabilności i adaptacji genotypów na podstawie danych w kompletnej klasyfikacji genotypy $\times$ środowiska. Celem niniejszej, drugiej części, pracy jest zastosowanie tych narzędzi statystycznych do wnioskowania w analizie stabilności i adaptacji plonowania genotypów (rodów) pszenicy jarej na podstawie danych dla plonu ziarna z jednorocznej wielokrotnej serii doświadczeń odmianowych.

OPIS JEDNOROCZNEJ SERII WIELOKROTNEJ DOŚWIADCZEŃ ODMIANOWYCH

Dane dla plonu ziarna otrzymano z wielokrotnej, kompletnej serii doświadczeń odmianowych przeprowadzonych na 25 genotypach pszenicy jarej w 10 miejscowościach

w roku 1983. Rozpatrywana seria doświadczeń odmianowych została wykonana przez przedsiębiorstwo Hodowla Roślin „Nasiona Kobierzyc” w Kobierzycach k/Wrocławia. Przyjęto, że miejscowości te stanowiły próbę losową z populacji środowisk składających się na południowo-zachodni rejon kraju w badanym sezonie wegetacyjnym. W każdej miejscowości doświadczenia były zakładane w układzie losowanych bloków w czterech powtórzeniach. Do analizy wykorzystano średnie wartości plonu ziarna w dt/ha obliczone dla 4 powtórzeń, dla każdego z 25 genotypów, w każdej z 10 miejscowości. Dane te uporządkowano w postaci kompletnej dwukierunkowej klasyfikacji krzyżowej o postaci $\text{genotypy}^{\circ} \times \text{środowiska}$ (miejscowości). Na podstawie poletkowych obserwacji plonu w każdej miejscowości wykonano jednoczynnikowe analizy wariancji, w których wyznaczono średnie kwadraty odchyleń dla błędu. Posłużyły one do obliczenia wspólnego średniego kwadratu odchyleń dla błędu średniego w analizie wariancji opartej na modelu Shukli i modelu regresji łącznej *E-R-S*.

Wszystkie obliczenia do analiz statystycznych danych i wnioskowania w modelach Shukli i *E-R-S* wykonano za pomocą programu STABLE (Kang i Magari, 1995) oraz programu SERGEN (Caliński i in., 1995).

ANALIZA WARIANCJI

Wyniki analizy wariancji według modelu Shukli i modelu regresji łącznej *E-R-S* przedstawiono w tabeli 1. W tym przykładzie liczba genotypów I przewyższa liczbę środowisk J , zatem nie można użyć funkcji testowej Hotellinga do weryfikacji hipotezy globalnej $H_{g(i)} : g_i = 0$ dla każdego $i = 1, \dots, I$, czyli hipotezy o braku efektów głównych wszystkich genotypów w modelu Shukli (Caliński i in., 1995, 1997; Piepho, 1996). Hipotezę tę weryfikowano przy użyciu testu F z przybliżeniem Boxa (Piepho, 1996). Dwie następne hipotezy globalne o zerowej wariancji głównych efektów środowiskowych i zerowych wariancjach interakcyjnych dla wszystkich genotypów testowano za pomocą dokładnych testów F (Kaczmarek, 1986; Caliński i in., 1995, 1997). W modelu *E-R-S* weryfikowano hipotezę globalną $H_{\beta(i)} : \beta_i = 0$ dla każdego $i = 1, 2, \dots, I$, czyli hipotezę o braku regresji efektu interakcji każdego genotypu względem efektu środowiska. Zastosowano dość dokładny, przy dużych I oraz J , test F , którego funkcja testowa jest ilorazem średniego kwadratu dla regresji i średniego kwadratu dla odchyleń regresyjnych (Freeman, 1973; Mądry, 2002). W rozpatrywanym przykładzie liczby genotypów i środowisk, równe odpowiednio 25 i 10, zapewniały w istocie dobre własności testu F przy testowaniu tej hipotezy.

Wszystkie weryfikowane hipotezy globalne zostały odrzucone w obu modelach. Tym samym stwierdzono istotne zróżnicowanie średnich genotypowych w badanym rejonie docelowym, istotną interakcję genotypowo-środowiskową, istotną regresję liniową efektu interakcji względem efektu środowiska, ale też istotną część interakcji nie wyjaśnioną przez regresję. Zatem badane genotypy różniły się pod względem średniego plonowania w rejonie, nie wszystkie były stabilne w sensie rolniczym (istotna wariancja interakcyjna co najmniej dla jednego genotypu), co najmniej jeden genotyp wyróżniał się istotnym trendem środowiskowym intensywnym lub ekstensywnym plonowania oraz co najmniej

jeden genotyp nie był stabilny w sensie reszt regresyjnych (wariancja tych reszt jest niezerowa). Regresja liniowa wyjaśniała około 30% zmienności efektów interakcyjnych.

Tabela 1

Analiza wariancji według modeli Shukli i E-R-S dla plonu ziarna pszenicy jarej
Analysis of variance based on Shukla's and E-R-S models for grain yield of spring wheat

Źródła zmienności Source of variation	Stopnie swobody Degrees of freedom	Sumy kwadratów Sums of squares	Średnie kwadraty Mean of squares	F
Genotypy (G) Genotypes (G)	24	1702,44	70,93	5,06**
Miejscowości (E) Locations (E)	9	50996,00	5666,22	1886,16**
Interakcja G×E w tym: Interaction G×E including:	216	3027,69	14,02	4,67**
Regresja Regression	24	909,25	37,89	3,43**
Odchylenia od regresji (reszty) Deviations from regression (residuals)	192	2118,44	11,03	3,67**
Błąd średni Mean error	720		3,00	

** — Istotne przy $\alpha = 0,01$

** — Significant at the level $\alpha = 0.01$

ESTYMACJA I TESTOWANIE HIPOTEZ SZCZEGÓŁOWYCH DLA MIAR STABILNOŚCI

Wyniki estymacji miar stabilności i testowania hipotez szczegółowych dla każdego genotypu w obydwu modelach przedstawiono w tabeli 2. Dla 9 genotypów stwierdzono istotne efekty genotypowe, w tym dla 5 genotypów były dodatnie (genotypy te plonowały powyżej średniej ogólnej), a dla 4 genotypów były one ujemne (genotypy te plonowały poniżej średniej ogólnej). Dla pozostałych 16 genotypów efekty genotypowe nie zostały odróżnione od zera (są to genotypy plonujące w badanym rejonie i roku na średnim poziomie).

Stwierdzono dwa następujące genotypy o plonowaniu stabilnym rolniczo: RAH506 (G22) oraz MG0009 (G11). W obu przypadkach nie odrzucono hipotezy szczegółowej o braku interakcji genotypowo-środowiskowej.

Na podstawie oszacowania wariancji stabilności σ_i^2 można wskazać także takie genotypy, które najmniej odbiegają od normy stabilnego plonowania, ponieważ dla nich stwierdzono stosunkowo niewielką wariancję stabilności. Za takowe można uważać genotypy KOH64/6/ (G2), POA2143/ (G5), KOC1978/ (G17) i KOC5264/ (G20). Dla nich hipotezę o braku interakcji odrzucono na poziomie istotności $\alpha = 0,05$, ale nie odrzucono jej przy $\alpha = 0,01$.

Przy wykorzystaniu wyników analizy statystycznej współczynników regresji i wariancji reszt regresyjnych zamieszczonych w tabeli 2 możliwy jest bardziej wnikliwy opis niestabilnego rolniczo plonowania rozważanych genotypów w rejonie docelowym. Dla genotypów o rolniczo stabilnym plonowaniu, stwierdzonym na podstawie analizy wariancji stabilności σ_i^2 , otrzymano oceny współczynników regresji β_i nie różniące się

istotnie od zera, przy nie stwierdzonej jednocześnie wariancji reszt regresyjnych $\sigma^2_{d(i)}$. Natomiast wśród genotypów o niestabilnym plonowaniu stwierdzono 3 wykazujące intensywny trend plonowania, tj. KOC1721/ (G16), KOC1713/ (G15), KOC3155/ (G18). Plonowanie dwóch pierwszych genotypów jest przewidywalne z dużą dokładnością w badanym rejonie docelowym na podstawie żyzności gleby mierzonej wcześniejszym plonowaniem owsa w środowiskach miejscowości (wariancje reszt $\sigma^2_{d(i)}$ były nieistotne oraz ocena współczynnika determinacji była na wysokim poziomie, tj.

$$\hat{R}^2_{16} = 86\%, \quad \hat{R}^2_{15} = 77\%$$

Plonowanie genotypu G18 jest przewidywalne z raczej małą dokładnością (wariancja reszt $\sigma^2_{d(i)}$ była istotnie różna od zera, zatem genotyp jest niestabilny w sensie reszt, współczynnik determinacji: $\hat{R}^2_{18} = 46\%$).

Tabela 2

Oceny i funkcje testowe F dla miar stabilności w modelach Shukli i regresji łącznej E-R-S dotyczące plonu ziarna pszenicy jarej
Estimates and F statistics for stability measures in Shukla's and E-R-S models used in grain yield stability analysis of spring wheat

Genotypy Genotypes		Efekty genotypowe i interakcyjne Genotypic and interaction effects		Współczynniki regresji Regression coefficients		Reszty regresyjne Regression residuals		Współczynnik determinacji Determination coefficient
		$\hat{g}_i$	$\hat{\sigma}^2_i$	$\hat{\beta}_i = \hat{\beta}'_i$	$F_{\beta(i)}$	$\hat{\sigma}^2_{d(i)}$	$F_{d(i)}$	$\hat{R}^2_i$ (%)
G12	KOC1552/	4,42**	11,45*	-0,01	0,00	13,08**	4,32	0,05
G16	KOC1721/	3,87*	22,87*	0,29*	48,20	3,28	1,20	85,77
G21	KOC6425/	3,40*	11,57*	0,07	0,93	11,79**	3,91	10,45
G14	RAH-501	2,68	18,58*	0,06	0,35	20,20**	6,60	4,21
G19	KOC3946/	2,47*	11,75*	-0,13	3,82	8,93**	3,00	32,34
G13	KOC1577/	2,40*	8,90*	0,07	1,14	8,89**	2,99	12,45
G15	KOC1713/	2,10	17,88*	0,24*	26,78	4,31	1,53	77,00
G24	JARA	1,82	7,25**	0,06	1,16	7,25*	2,46	12,65
G2	KOH64/6/	1,70	6,47*	-0,10	4,45	4,64	1,63	35,73
G20	KOC5264/	0,91	6,77*	0,07	1,57	6,46*	2,21	16,43
G9	SOA228-6	0,83	12,39**	-0,08	1,23	12,20**	4,05	13,32
G22	RAH506	0,72	1,51	-0,02	0,25	1,84	0,74	2,98
G18	KOC3155/	0,32	44,32**	0,29*	6,76	26,93**	8,74	45,79
G17	KOC1978/	0,28	6,84*	0,03	0,24	7,66**	2,60	2,95
G11	MG0009	-0,11	3,55	0,01	0,04	4,17	1,48	0,52
G4	HEC1032/	-0,91	8,91**	0,02	0,12	10,06**	3,36	1,54
G8	SOA233-8	-1,40	19,00**	-0,20*	7,44	10,95**	3,65	48,19
G25	KOLIBRI	-1,99	14,64**	-0,16*	5,49	9,69**	3,24	40,71
G6	POAM70/3	-2,19	10,76**	-0,07	0,81	11,13**	3,70	9,22
G1	KOH114/7	-2,22	24,27**	-0,23*	9,14	12,58**	4,17	53,32
G23	ALFA	-2,62	23,37**	-0,07	0,46	25,04**	8,14	5,40
G10	NAD465/7	-3,48**	7,79**	0,05	0,75	8,17*	2,76	8,52
G7	SOA513-3	4,01*	23,26**	-0,19	4,40	16,85**	5,53	35,47
G3	HEC1031/	-4,20*	20,41**	0,01	0,01	23,15**	7,54	0,10
G5	POA2143/	-4,80**	5,94*	-0,03	0,31	6,62*	2,27	3,67

*, ** — Istotne przy $\alpha = 0,05$; $\alpha = 0,01$ w testowaniu pojedynczym za pomocą testu F

*, ** — Significant at the level $\alpha = 0.05$; $\alpha = 0.01$ using simple F test procedure

Stwierdzono także 3 genotypy wykazujące ekstensywny trend plonowania, tj. SOA233-8 (G8), KOLIBRI (G25), KOH114/7 (G1) — wszystkie przewidywalne z niewielką dokładnością (niestabilne w sensie reszt, ze współczynnikami determinacji w granicach 41%–53%). Pozostałe genotypy oceniono jako nie przewidywalne, czyli nie wykazujące środowiskowego trendu plonowania.

PRAKTYCZNE WYKORZYSTANIE WNIOSKÓW STATYSTYCZNYCH DO KLASYFIKACJI GENOTYPÓW

Na rozpatrywanym przykładzie empirycznym zobrazowano praktyczny sposób wykorzystania wyników wnioskowania statystycznego w modelach Shukli i regresji łącznej *E-R-S* do oceny stabilności i adaptacji genotypów, przydatnej do selekcji i rejonizacji odmian. Ten sposób, inspirowany przez pomysły Finlaya i Wilkinsona (1963), Beckera i Leona (1988), a głównie Kaczmarka (1986) oraz Kaczmarka i wsp. (1997), polega na podziale genotypów na klasy, które są zdefiniowane *a priori* według ich średnich genotypowych oraz rodzaju stabilności. Zdefiniowano *a priori* 12 klas genotypów, biorąc pod uwagę dwa kryteria ich oceny, tzn. średnią plonowania (efekt g_i) oraz rodzaj stabilności. Wyniki klasyfikacji 25 badanych genotypów przedstawiono w tabeli 3.

Tabela 3

Klasyfikacja genotypów pszenicy jarej ze względu na efekty genotypowe i stabilność plonu ziarna Classification of spring wheat genotypes with respect to genotypic effects and stability of grain yield

Plon Yield	Genotypy stabilne rolniczo Stable genotypes ($\sigma^2_{ge(i)} = 0$)			Genotypy niestabilne rolniczo Unstable genotypes								
				genotypy intensywne intensive genotypes ($\beta_i>0$)			genotypy ekstensywne extensive genotypes ($\beta_i < 0$)			genotypy nieregularne (nie przewidywalne) irregular genotypes ($\beta_i=0$)		
Wysoki High ($g_i>0$)				G16	3,28 ¹	86% ²				G19	8,83**	32%
										G13	8,89**	12%
										G21	11,79**	10%
										G12	13,08**	0%
Średni Average ($g_i= 0$)	G22	1,84	3%	G15	4,31	77%	G25	9,69**	41%)	G2	4,64	36%
	G11	4,17	1%	G18	26,93**	46%	G8	10,95**	48%)	G20	6,46*	16%
							G1	12,58**	53%)	G24	7,25*	13%
										G17	7,66**	3%
										G4	10,06**	2%
										G6	11,13**	9%
										G9	12,20**	13%
										G14	20,20**	4%
										G23	25,04**	5%
Niski Low ($g_i<0$)										G5	6,62*	4%
										G10	8,17**	9%
										G7	16,85**	35%
										G3	23,15**	0%

¹ — Ocena wariancji reszt $\sigma^2_{d(i)}$; Estimate of residual variance $\sigma^2_{d(i)}$

² — Ocena współczynnika determinacji R^2_d ; Estimate of determination coefficient R^2_d

*, ** — Wariancja reszt $\sigma^2_{d(i)}$ istotna; odpowiednio na poziomie istotności $\alpha = 0,05$ lub $0,01$

*, ** — Residual variance $\sigma^2_{d(i)}$ is significant at the level $\alpha = 0,05$ or $0,01$, respectively

Podana klasyfikacja genotypów stanowi podsumowanie wyników statystycznej analizy stabilności i adaptacji genotypów, ułatwiając także podjęcie decyzji w selekcji genotypów do dalszej hodowli lub w rejestracji i rejonizacji odmian. Na podstawie klasyfikacji genotypów pszenicy jarej w tabeli 3 wysuwamy praktyczne wnioski: a) stwierdzono dwa genotypy stabilne rolniczo: G22 i G11 plonujące na średnim poziomie (w badanej serii doświadczeń są one najbliższe normie szerokiej adaptacji genotypu), b) wyróżniono genotyp G16 wąsko zaadaptowany do wysoko wydajnych środowisk oraz względnie bliskie tej normie dwa genotypy: G15 i G18 o plonowaniu na średnim poziomie, c) model plonowania w rejonie docelowym trzech genotypów: G25, G8, G1 jest relatywnie najbardziej podobny (wśród badanych genotypów) normie wąskiej adaptacji do mało wydajnych środowisk.

DYSKUSJA

Do wyboru genotypów szeroko lub wąsko zaadaptowanych bardziej przydatne są serie wielokrotne i wieloletnie doświadczeń odmianowych, niż serie jednoroczne takich doświadczeń. Na podstawie danych z serii doświadczeń pierwszego rodzaju, wykonywanych standardowo w ocenie i rejestracji odmian, jest możliwość wyboru genotypów odpowiednio zaadaptowanych w przestrzeni rolniczej i z dużym prawdopodobieństwem spełniających (powtarzających) tę normę w przestrzeni czasowej, tj. w latach (Leon i Becker, 1988). Seria jednoroczna wielokrotnych doświadczeń odmianowych, wykonywana standardowo w procesie hodowli odmian oryginalnych (ze względu na ciągle nowe zestawy ocenianych genotypów w kolejnych latach) — (Kang, 1998; Piepho i van Eeuwijk, 2002; Rajfura, 2002) — nie pozwala na taką wszechstronną ocenę stabilności i adaptacji genotypów wraz z ich powtarzalnością. Zatem w tych badaniach wybór genotypów o rozpatrywanych tutaj walorach w przestrzeni rolniczej jest bardziej ryzykowny i opóźnia on postęp biologiczny (Kang, 1998).

WNIOSKI

Z badań przedstawionych w obu częściach pracy wypływają następujące wnioski:

1. miary stabilności, oparte na rozpatrywanych modelach, w jednorocznej serii doświadczeń odmianowych ułatwiają wybór genotypów stabilnych w sensie rolniczym oraz o szerokiej lub wąskiej adaptacji w obrębie rejonu docelowego w badanym sezonie wegetacyjnym, natomiast w serii wieloletniej doświadczeń odmianowych umożliwiają one wybór takich genotypów stabilnych oraz o szerokiej lub wąskiej adaptacji w rejonie, dla których te walory (normy) są możliwie często powtarzalne (zgodne) w latach,
2. analiza regresji łącznej okazała się mało skuteczna w wyjaśnianiu zmienności efektów interakcyjnych plonu ziarna pszenicy jarej, pozwoliła ona jednak na praktycznie wystarczającą analizę przyczyn niestabilnej rolniczo reakcji plonu genotypów na warunki środowiskowe w miejscowościach badanego rejonu oraz umożliwiła wydzielenie grup genotypów o intensywnym i ekstensywnym trendzie

- środowiskowym plonowania, których reakcja jest zazwyczaj słabo przewidywalna na podstawie żywności siedliska znanej z wcześniejszych obserwacji,
3. rozpatrywane modele mieszane Shukli i regresji łącznej *E-R-S* oraz metody statystyczne z racji na stosunkowo prostą treść formalną oraz wystarczającą efektywność statystyczną i praktyczną w rozwiązywaniu typowych problemów oceny i selekcji genotypów w procesie ich hodowli i testowania oraz rejonizacji odmian mają szansę stać się, obok modeli Scheffego-Calińskiego, rutynowym narzędziem statystycznym, którego wciąż nie wprowadzono szeroko do tej praktyki, mimo merytorycznego uzasadnienia.

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., Krajewski P., Siatkowski I. 1995. SERGEN-a computer program for the analysis of series of variety trials. *Biuletyn Oceny Odmian* 26/27: 39 — 41.
- 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.
- Eberhart S. A., Russell W. A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6: 36 — 40.
- Finlay K. W., Wilkinson G. N. 1963. The analysis of adaptation in a plant-breeding program. *Aust. J. Agric. Res.* 14: 742 — 754.
- 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.
- Kaczmarek Z., Adamski T., Surma M. 1997. The influence of cytoplasmatic effects on yielding and stability of barley DH lines. In: *Advances in Biometrical Genetics*. Krajewski P., Kaczmarek Z. (eds.), Poznań: 159 — 163.
- Kang M. S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Advances in Agronomy* 62: 200 — 252.
- Kang M. S., Magari R. 1995. STABLE: A BASIC program for calculating stability and yield-stability statistics. *Agron. J.* 87: 276 — 277.
- 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.
- 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.
- Piepho H. P. 1996. Comparing cultivar means in multilocation trials when the covariance structure is not circular. *Heredity* 76: 198 — 203.
- 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. *Crop improvement: Challenges in the twenty-first century..* In: *Food Products*. Kang, M. (ed.) 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. Pr. doktor. SGGW, Warszawa.

- Shukla G. K. 1972. Some statistical aspects of partitioning genotype $\times$ 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.