

**JAKUB PADEREWSKI****WIESŁAW MĄDRY**

Katedra Doświadczalnictwa i Bioinformatyki, SGGW, Warszawa

## Zastosowania modelu AMMI do analizy reakcji odmian na środowiska\*

### Use of AMMI model in the analysis of cultivar responses to environments

W doświadczalnictwie rolniczym kluczową kwestią są serie doświadczeń odmianowych, stanowiące szczególnie przypadek doświadczeń dwuczynnikowych, w których jednym czynnikiem są odmiany, a drugim miejscowości. Do opisu charakteru interakcji dwóch czynników, a więc w powyżej opisanym przypadku, mogą być stosowane wielowymiarowe modele statystyczne takie jak model AMMI, GGE czy JREG. Praca ta ma przybliżyć możliwości zastosowania wybranych modeli statystycznych ze szczególnym uwzględnieniem modelu AMMI. Oprócz analizy AMMI przedstawiono uzupełniającą analizę skupień. Opisane metody statystyczne są celowe w analizie reakcji odmian roślin rolniczych na warunki środowiskowe, czyli agroekosystemy, na podstawie danych z serii doświadczeń.

**Słowa kluczowe:** analiza AMMI, analiza GGE, interakcja genotypowo-środowiskowa, modele multiplikatywne, ocena adaptacji

Series of cultivar trials are a key issue in agricultural experimentation. They represent a specific case of two-factorial experiments, where cultivars are one factor and locations are the other one. Multivariate statistical models like AMMI, GGE or JREG are used to describe type of interaction between the factors. The paper is aimed at showing possibilities of application of some statistical models, with particular emphasis put on the AMMI model. Additionally, supplementary cluster analysis is presented. The described statistical methods are a suitable tool in analysis of response of crop cultivars to environmental conditions, based on data from series of trials.

**Key words:** AMMI analysis, cultivar adaptation, genotype by environment interaction, GGE analysis, multiplicative models

### SKRÓTY

AMMI (ang. Additive Main effects and Multiplicative Interaction model) — model dwuczynnikowy, opisujący sumę efektów addytywnych (głównych) odmian i środowisk oraz efekty interakcji GE w multiplikatywnej postaci GE — klasyfikacja lub interakcja Genotypy  $\times$  Środowiska

\* Praca zawiera wyniki badań w projekcie własnym Ministerstwa Nauki i Szkolnictwa Wyższego nr N N310 091136 pt. „Badanie uwarunkowania plonu ziarna odmian pszenicy ozimej przez cechy plonotwórcze roślin”.

GGE (ang. Genotype main effects and Genotype  $\times$  Environment interaction effects model) — model dwuczynnikowy, opisujący sumę efektów addytywnych (głównych) środowisk oraz sumę głównych efektów odmian i interakcji GE w multiplikatywnej postaci

JREG (ang. Joint Regression Analysis) — analiza regresji łącznej

PCA (ang. Principal Component Analysis) — analiza składowych głównych. Model opisuje sumę efektów addytywnych (głównych) odmian i środowisk oraz efektów interakcji GE w multiplikatywnej postaci

## WSTĘP

### 1.1. Podstawowe idee w ocenie reakcji cech odmian na warunki środowiskowe

**Środowiska** w przestrzeni rolniczej i czasie charakteryzują się zmiennością wielu czynników środowiskowych, które wpływają na wzrost i rozwój roślin uprawnych. Należą do nich czynniki abiotyczne, obejmujące warunki pogodowe (promieniowanie słoneczne, temperaturę, ilość opadów i inne) i glebowe oraz czynniki biotyczne, obejmujące natężenie chorób i szkodników, a także czynniki uprawowe. Wymienione czynniki tworzą zmienne warunki środowiskowe, które decydują o zróżnicowaniu plonu i innych cech ilościowych odmian roślin uprawnych. To zjawisko oddziaływania zmiennych warunków środowiskowych na cechy różnych genotypów jest skomplikowane i trudne do interpretacji. Przejawia się ono zwykle odmienną reakcją (funkcją reakcji) cech ilościowych genotypów na warunki środowiskowe, czyli interakcją genotypowo-środowiskową. Można ją empirycznie wykryć i opisać w kategoriach różnych modeli statystycznych, wywodzących się z dwuczynnikowego modelu analizy wariancji (Gauch, 1992; Patterson, 1997; Piepho, 1998; Annicchiarico, 2002 b; Piepho i van Eeuwijk, 2002; Mądry, 2003; Mekbib, 2003; Pacheco i in., 2005; Yan i Kang, 2003). Znacznie trudniejsze jest badanie biologicznego mechanizmu uwarunkowania interakcji genotypowo-środowiskowej (Motzo i in., 2001; Yan i Hunt, 2001; Brancourt-Hulmel i Lecomte, 2003; Sinebo, 2005; Rodriguez i in., 2008).

W celu scharakteryzowania reakcji cech ilościowych genotypów na zmienne warunki środowiskowe (i określenia ich rolniczej użyteczności), wartość danej cechy genotypów opisuje się matematycznie jako sumę efektów wywołanych czynnikami genetycznymi (G), efektów potencjału plonotwórczego środowisk (E) oraz efektów nieaddytywnych, związanych z każdą kombinacją genotypu i warunków środowiskowych, zwanych efektami interakcji genotypowo-środowiskowej). Poniżej podano podstawowe pojęcia stosowane w statystycznym opisie reakcji cech ilościowych genotypów na zmienne warunki środowiskowe.

**Średnia genotypowa danej cechy (np. plonu)** jest średnią tej cechy danego genotypu poprzez konkretne środowiska lub w populacji środowisk (miejscowości w rejonie uprawy lub lat). Natomiast efekt główny genotypu dla danej cechy jest różnicą między średnią genotypową, a średnią ogólną dla wszystkich (badanych) genotypów (Annicchiarico, 2002 b; Gauch, 2006; Gauch i in., 2008).

Informacja o średniej plonu genotypu, choć niewątpliwie ważna, nie stanowi wystarczającej wiedzy dla celów hodowlanych. Zasadniczym pytaniem w hodowli jest: „który genotyp i w jakich środowiskach plonuje najwyżej?”, ponieważ najczęściej okazuje się, że nie ma genotypu lepszego od innych w każdych możliwych (obserwowanych) warunkach, a zaledwie lepszy od innych w części z docelowych warunków środowiskowych. Efekty połączonego wpływu genotypów i środowisk, niewytłumaczalne przez sumę efektów głównych, nazywane są **efektami interakcji GE** (Gollob, 1968; Gauch, 1992, 2006; Gauch i Zobel, 1997; Kang, 1998, 2002; Annicchiarico, 2002 b).

Opisywane różnice w przystosowaniu genotypów do środowisk wiążą się z pojęciem **Crossover Interaction (COI)**, określającym zmiany uporządkowania genotypów pod względem danej cechy (zwykle plonu) w różnych środowiskach (Cornelius i in., 1992; Crossa i in., 1993; Yan i in., 2000; Yan i Hunt, 2001; Crossa i in., 2002; Lillemo i in., 2005; Annicchiarico i in., 2006 b). Jeżeli dwa środowiska nie wykazują tego typu interakcji dla plonu, to uporządkowanie genotypów pod względem tej cechy jest w nich takie samo, a więc ten sam genotyp najwyżej plonuje, ten sam jest drugi w tych środowiskach itd. Jak zauważyli Gauch i Zobel (1997), pojęcie Crossover Interaction, określające interakcję polegającą na zmianie uporządkowania genotypów (pod względem badanej cechy) w różnych środowiskach nie jest rozwiązaniem idealnym, chociażby z tej przyczyny, że ważniejszy jest porządek wśród genotypów będących w czołówce pod względem badanej cechy, a mniej ważny jest ich porządek wśród słabych genotypów. Ponadto pojęcie COI nie odzwierciedla często używanej w hodowli odmian statystyki „procent plonowania wzorca”.

#### **Stabilność plonowania**

Genotypami stabilnymi nazywa się genotypy niewykazujące zmienności efektów interakcji GE (lub względnie niewielką ich zmienność). Plon takich genotypów w środowiskach jest silnie skorelowany dodatnio ze średnim plonem środowiskowym (Annicchiarico, 1997 b; Grausgruber i in., 2000; Sivapalan i in., 2000; Mądry, 2003; Annicchiarico i Perenzin, 2004; Li i in., 2006; Mądry i Kang, 2005). Dlatego stabilność plonowania genotypu jest jego ważną zaletą i stanowi jeden dwóch warunków szerokiej adaptacji genotypu. Drugim warunkiem, który musi być jednocześnie spełniony przez genotyp o szerokiej adaptacji, jest relatywnie wysoka średnia genotypowa dla plonu. Analiza stabilności plonowania genotypów jest badaniem statystycznym, polegającym na opisie odstępstwa rzeczywistego kształtu krzywej reakcji plonu genotypów na środowiska od reakcji stabilnej, czyli równoległej do średniej reakcji. Stosuje się różne parametry stabilności oparte na jedno- i wielowymiarowych modelach stałych i mieszanych dla danych w dwukierunkowej klasyfikacji genotypy x środowiska, pochodzących z serii doświadczeń odmianowych. Analiza stabilności również jest podejściem do upraszczającego opisu różnych rzeczywistych funkcji reakcji cechy genotypów na środowiska, przy założeniu liniowości tej reakcji (Caliński i in., 1979, 1995, 1997; Becker i Leon, 1988; Crossa, 1990; Piepho, 1998; Nabuoomu i in., 1999; Annicchiarico, 2002 b; Mądry, 2003; Mądry i Kang, 2005).

### **Szeroka adaptacja genotypów**

Genotypami o szerokiej adaptacji są nazywane te genotypy, które plonują powyżej średniej środowiskowej w znaczącej większości środowisk. O stopniu szerokiej adaptacji genotypu decyduje zarówno częstość (prawdopodobieństwo) plonowania danego genotypu powyżej średniej środowiskowej, jak i wielkość tej przewagi (Kang, 1993; Lin i Binns, 1994; van Eeuwijk i in., 1995; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a,b; Tollenaar i Lee, 2002; Trethowan i in., 2002; Mekbib, 2003; Samonte i in., 2005; Annicchiarico i in., 2006b; Mathews i in., 2006; Sharma i in., 2007; Rodriguez i in., 2008).

**Genotypami o wąskiej (lokalnej, specyficznej) adaptacji** są nazywane te genotypy, które plonują powyżej średniej środowiskowej w pewnej grupie środowisk (Lin i Binns, 1994; van Eeuwijk i in., 1995; Annicchiarico, 1997 a, 2002 a,b; Patterson, 1997; Hausmann i in., 2000; Sivapalan i in., 2000; Chapman i de la Vega, 2002; Bertran i in., 2003; Wamatu i in., 2003; Annicchiarico i in., 2005, 2006a; Samonte i in., 2005; Kaya i in., 2006; Worku i in., 2007).

**Analiza adaptacji** (rodzaju adaptacji, zdolności adaptacyjnej) genotypów jest badaniem statystycznym, polegającym na identyfikacji i upraszczającym opisie odrębnych (rodzajów) reakcji cechy genotypów na środowiska oraz wskazaniu genotypów o szerokiej lub wąskiej adaptacji (Caliński i in., 1987 a,b, 1995; Crossa, 1990; Gauch, 1992, 2006; Lin i Binns, 1994; Basford i Cooper 1997; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 b; Yan i Kang, 2003; Gauch i in., 2008).

### **Genotypy podobnie reagujące na zmienne warunki środowiskowe**

Wyszukiwanie podobieństw w reakcji plonu genotypów na zmienne warunki środowiskowe stanowi postępowanie, ułatwiające wnioskowanie o przydatności genotypów w przestrzeni rolniczej. Na podobieństwa funkcji reakcji cechy genotypów na zmienne warunki środowiskowe składają się podobieństwa średnich genotypowych i podobieństwa genotypowych profili efektów interakcji GE (Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico i in., 2006 b; Chapman i de la Vega, 2002; Samonte i in., 2005; Kaya i in., 2006; Sharma i in., 2007; Rodriguez i in., 2008).

Jednym ze sposobów podejścia do analizy serii doświadczeń odmianowych, jest **podział genotypów i środowisk na grupy jednorodne**, w obrębie których zmienność efektów interakcji GE jest odpowiednio zmniejszona w stosunku do zmienności tych efektów w całej serii doświadczeń (Cooper i Delacy, 1994; Gauch i Zobel, 1997; Robert, 1997; Voltas i in., 1999; Hühn i Truberg, 2002; de la Vega i Chapman, 2006). Wobec tego, w każdej grupie jednorodnej genotypów lub środowisk profile efektów interakcji GE są podobne (Crossa i in., 1991; Gauch i Zobel, 1996; McLaren, 1996; Voltas i in., 1999; Hausmann i in., 2000; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a; Lillemo i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006; Kaya i in., 2006). W tym rodzaju analizy danych z serii doświadczeń odmianowych nieodzowna jest także przystępna ocena zróżnicowania i relacji pomiędzy grupami obiektów tj. genotypów i środowisk pod względem efektów interakcji GE. Takie podejście jest bardzo przydatne i efektywne w praktyce hodowli i oceny odmian do badania różnych aspektów reakcji genotypów na zmienne warunki środowiskowe. Praktyczne znaczenie ma grupowanie środowisk podobnie różnicujących

plon genotypów, czyli tworzących **megaśrodowiska**, które mogą identyfikować pewne podrejon w badanym rejonie uprawy. Megaśrodoowisko jest charakterystycznym (rozległym), niekoniecznie ciągłym, obszarem o podobnych właściwościach (Gauch i Zobel, 1997; Atlin i in., 2000; de la Vega i Chapman, 2006). Profile efektów interakcji GE dla badanych środowisk, tworzących megaśrodoowisko są podobne (Annicchiarico, 1997 b, 2002 a,b; Gauch i Zobel, 1997; Robert, 1997; Alagarswamy i Chandra, 1998; Atlin i in., 2000; Chapman i de la Vega, 2002; Annicchiarico i in., 2005, 2006 a,b). Zatem zmienność efektów interakcji genotypu w zróżnicowanych warunkach środowiskowych występujących w megaśrodoowisku jest odpowiednio mniejsza niż w całym zbiorze badanych środowisk. Dlatego te same genotypy będą najwyżej plonować we wszystkich środowiskach należących do danego megaśrodoowiska (genotypy rekomendowane do tych warunków środowiskowych). Wydzielenie megaśrodoowisk pomaga w racjonalnej redukcji liczby miejscowości (w doświadczeniach określających plenność odmian) bez pogorszenia reprezentatywności wybranych miejscowości w stosunku do badanego rejonu uprawy (Caliński i in., 1987 a,b; Gauch i Zobel, 1996, 1997; Robert, 1997; Voltas i in., 1999; Annicchiarico, 2002 a,b; Hühn i Truberg ,2002; Truberg i Hühn, 2002; Trethowan i in., 2003; Annicchiarico i in., 2005; Roozeboom i in., 2008).

**Poprawa dokładności oceny efektów interakcji GE (ang. accuracy gain)**  
Obserwowaną zmienność badanej cechy ilościowej (np. plonu) genotypów w środowiskach można podzielić na powtarzalną zmienność plonu genotypów w środowiskach (a więc stanowiącą oznakę prawidłowości zjawiska, ang. signal) i na zmienność efektów losowych, nazywanych błędem doświadczalnym lub szumem (ang. noise), która jest spowodowana przyczynami niekontrolowanymi, czyli niepowtarzalnymi, losowymi (Gauch, 1992, 2006; Gauch i in., 2008; Piepho i in., 2008). Poprawę dokładności wnioskowania można uzyskać przez statystyczne usunięcie efektów losowych z analizowanych danych doświadczalnych (Gauch, 1988, 1990, 1992, 2006; Gauch i Zobel, 1989, 1996, 1997; Crossa i in., 1991; Nachit i in., 1992; Annicchiarico i Perenzin, 1994; Voltas i in., 1999; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 b; Ebdon i Gauch, 2002 b; Dias i Krzanowski, 2003; Wamatu i in., 2003; Gauch i in., 2008; Piepho i in., 2008). Takie dane, dokładniej wyrażające relacje genotypu ze środowiskiem, można dalej analizować za pomocą różnych metod oceny i interpretacji interakcji GE.

### **1.2. Wnioskowanie o środowiskowej reakcji odmian**

Głównym celem hodowli gatunków roślin rolniczych jest tworzenie nowych odmian o dużej (lepiej od starszych odmian) zdolności adaptacyjnej do zmiennych warunków środowiskowych w przestrzeni i czasie w obrębie danego rejonu uprawy, który jest formalnie rozumiany jako populacja pól (miejscowości) w tym rejonie (Basford i Cooper, 1997; Annicchiarico, 2002 b; Annicchiarico i in., 2006a; Roozeboom i in., 2008). Takie odmiany powinny odznaczać się średnio (w rejonie uprawy) względnie wysokim plonem, który jest stabilny, czyli jak najściślej zgodny ze zdolnością plonotwórczą środowisk miejscowości i lat, mierzoną za pomocą średnich środowiskowych plonu (Becker i Leon, 1988; Kang, 1993; Piepho, 1996, 1998; Annicchiarico, 2002 b; Piepho i van Eeuwijk, 2002). Dlatego powinny być one odporne lub tolerancyjne na stropy biotyczne i abiotyczne, takie, jak choroby i szkodniki oraz suszę, niedobory składników pokarmowych,

a także inne niekorzystne warunki glebowe i pogodowe (Nachit i in., 1992; Tollenaar i Lee, 2002; Annicchiarico i in., 2006a; Joshi i in., 2007). Wymienione atrybuty odmian mogą ograniczyć ich efekty interakcji genotypowo-środowiskowej (interakcji GE) i zwiększyć stopień stabilności plonowania. Pomimo tego, że dobre plonowanie w sensie podanym wyżej jest warunkiem koniecznym nowoczesnych odmian, powinny one odznaczać się także podobnym, jak dla plonu, zachowaniem pod względem cech jakości plonu (Collaku i in., 2002; Gauch i in., 2008; Yan i Frégeau-Reid, 2008).

Rejon uprawy może być określony jako obszar rolniczy jednorodny pod względem przestrzennych warunków przyrodniczych (Yan i in., 2000; Roozeboom i in., 2008) lub jednorodny (złożony z jednorodnych pól, czyli agro-ekosystemów) pod względem charakteru (rodzaju) zróżnicowania plonu (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Atlin i in., 2000; Yan i in., 2000; Annicchiarico 2002a,b; Lillemo i in. 2004) albo też innych cech (Collaku i in., 2002; Joshi i in. 2007) odmian, reprezentatywnych dla danej puli genowej. Zwykle rejon uprawy są wydzielane według drugiego kryterium (Caliński i in., 1987 a,b, 1995; Yau i in., 1991; Annicchiarico i Perenzin, 1994; Atlin i in., 2000; Yan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a,b; Gauch i in., 2008; Roozeboom i in., 2008). Wielkość obszarowa wydzielanych rejonów uprawy w danym kraju lub w skali międzynarodowej zależy od określenia stopnia jednorodności tych rejonów pod względem przyjętego kryterium (Atlin i in., 2000; Lillemo i in., 2004). Można uznać, że obszar całego kraju stanowi jeden rejon uprawy danego gatunku rośliny, a można podzielić go na kilka bardziej wyrównanych podrejonów uprawy, zwanych megaśrodkami, w których odmiany wykazują mniejszą zmienność efektów interakcji GE dla plonu, czyli są podobnie zróżnicowane pod względem porządku i różnic plonowania w miejscowościach podrejonów (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Gauch i Zobel, 1997; Atlin i in., 2000; Yan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a,b; Lillemo i in., 2004; Annicchiarico i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006; Mathews i in., 2006).

Z punktu widzenia oceny plonowania odmian, ważne jest analizowanie zmienności ich plonowania w podrejonach i/lub większym rejonie uprawy, złożonym z podrejonów. Odmiany plonujące średnio (wśród badanych genotypów) względnie wysoko i stabilnie w obrębie danego podrejonu uprawy, wykazują dużą zdolność adaptacyjną do warunków środowiskowych w obrębie tego podrejonu (odmiany o wąskiej, lokalnej lub specyficznej zdolności adaptacyjnej, Ceccarelli, 1994; Lin i Binns, 1994; Basford i Cooper, 1997; Atlin i in., 2000; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002a,b; de la Vega i Chapman, 2006). Natomiast odmiany plonujące średnio względnie wysoko i stabilnie w obrębie dużego rejonu uprawy, wykazują dużą zdolność adaptacyjną do warunków środowiskowych w takim rejonie, w dużym stopniu zmiennych (odmiany o szerokiej zdolności adaptacyjnej, Ceccarelli, 1989; Kang, 1993, 2002; Piepho, 1998; Annicchiarico, 2002 a,b; Piepho i van Eeuwijk, 2002; Yan i Kang, 2003; Annicchiarico i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006). Hodowcy mogą dążyć do wytworzenia odmian o szerokiej zdolności adaptacyjnej do dużego rejonu uprawy lub też o wąskiej zdolności adaptacyjnej do poszczególnych podrejonów uprawy (Basford i Cooper, 1997; Atlin i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a,b; Annicchiarico i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006). Hodowla odmian o wąskiej adaptacji jest szczególnie preferowana w krajach o bardzo

zróżnicowanych warunkach agroekologicznych (Basford i Cooper, 1997; Atlin i in., 2000; Lillemo i in., 2004; de la Vega i Chapman, 2006; Roozeboom i in., 2008). W wielu krajach powszechne jest przestrzeganie doktryny, według której w praktyce rolniczej preferowane są odmiany roślin rolniczych o szerokiej adaptacji. Dlatego przed hodowlą roślin najczęściej stawia się zadanie wytwarzania szeroko przystosowanych odmian tych roślin (Ceccarelli, 1989, 1994; Kang, 1993; Lin i Binns, 1994; Piepho, 1998; Annicchiarico, 2002 b; Mekbib, 2003).

Pojęcia „wąska adaptacja” oraz „szeroka adaptacja” stosowane są także w odniesieniu do oceny plonowania odmian w innych rodzajach środowisk, niż miejscowości, takich, jak systemy uprawy roli i roślin, dawki nawożenia, nawodnienia, lub pestycydów, gęstości siewu, lata albo ich kombinacje (Ortiz-Monasterio i in., 1997; Piepho, 1998; Annicchiarico, 2002 a,b; Brancourt-Hulmel i Lecomte 2003; Ma i in. 2004; Sinebo 2005; Muurinen i Peltonen-Sainio, 2006; Worku i in., 2007). Wymienione rodzaje środowisk są ważne najczęściej w badaniach z zakresu fizjologii plonowania lub uprawy roślin.

Hodowla i wdrażanie odmian ważnych roślin uprawnych o wąskiej adaptacji do podrejonów (lub pewnych systemów uprawy roli i roślin) albo o szerokiej adaptacji w dużym rejonie uprawy (lub do różnych systemów uprawy roli i roślin) jest lepszą strategią wykorzystania potencjału przyrodniczego i umiarkowanych nakładów na środki produkcji (nawożenie, ochrona, nawadnianie), niż stosowanie dużych nakładów na te środki w uprawie odmian o mało poznanej zdolności adaptacyjnej. Taka doktryna rolnictwa jest zgodna z ideą rolnictwa zrównoważonego (Ceccarelli, 1989, 1996; Annicchiarico i in., 2006 a).

Trafny wybór odmian o wąskiej lub szerokiej adaptacji w zmiennych przestrzennie warunkach środowiskowych (rejonie uprawy), spośród tych odmian, które są zgłoszone przez hodowców lub innych specjalistów w danym roku, wymaga oceny rodzaju reakcji plonu rozpatrywanych genotypów na zmienne warunki środowiskowe w obrębie danego rejonu uprawy, opartej na wynikach doświadczeń. Takie badania, nazywane często analizą i interpretacją interakcji GE, można podzielić na dwa podstawowe etapy. Pierwszy etap polega na przeprowadzeniu jednorocznej lub wieloletniej (zależnie od możliwości merytorycznych i technicznych) serii doświadczeń przedrejestranych, rejestranych i porejestranych w miejscowościach, wybranych możliwie reprezentatywnie z dużego obszaru rolniczego (zwykle całego kraju), który jest najszerzej rozumianym rejonem uprawy danej rośliny rolniczej (Caliński i in., 1987 a,b; Lin i Binns, 1994; Patterson, 1997; Annicchiarico, 2002 a,b; Yan i Kang, 2003; de la Vega i Chapman, 2006; Roozeboom i in., 2008). W seriach doświadczeń obserwuje się rolniczy plon roślin oraz inne cechy opisujące produktywność roślin, odporność na stropy biotyczne i abiotyczne, jakość plonu itp. Podobnie wygląda eksperymentalny etap badań nad oceną funkcji reakcji genotypów na różne technologie uprawy (uprawa roli i roślin, nawożenie, ochrona roślin itp.). Polega on na wykonaniu doświadczeń dwu- lub wieloczynnikowych (z wymienionymi czynnikami) w jednej miejscowości i roku lub też w serii wielokrotnej i/lub wieloletniej (Piepho, 1998; Brancourt-Hulmel i Lecomte, 2003; Ma i in., 2004; Sinebo, 2005; Worku i in., 2007). Natomiast drugi etap tych badań stanowi analiza statystyczna danych dla plonu lub/i innych cech z wymienionych

rodzajów doświadczeń, za pomocą odpowiednich metod. Umożliwiają one analizę genotypowych efektów głównych oraz efektów interakcji GE dla tych cech, a przez to pozwalają sprawnie i wiarygodnie analizować i rozróżniać reakcje badanych odmian pod względem poszczególnych cech na zmienne warunki środowiskowe (Caliński i in., 1979, 1980, 1983, 1987 a,b, 1995; Crossa, 1990; Gauch, 1992, 2006; Lin i Binns, 1994; Basford i Cooper, 1997; Annicchiarico, 2002 b; Yan i Kang, 2003; Gauch i in., 2008). Różne rodzaje środowiskowych reakcji plonowania badanych odmian określają różne rodzaje ich zdolności adaptacyjnej w obrębie rejonu uprawy (Sivapalan i in., 2000; Mathews i in., 2006; de la Vega i in., 2007 a,b). Na tej podstawie badane odmiany można podzielić na te o szerokiej adaptacji i wąskiej adaptacji do określonych typów środowisk (podrejonów uprawy, systemów i technologii uprawy roli i roślin itp.).

## **2. Metody statystyczne służące do interpretacji interakcji**

### **2.1. Cele analiz statystycznych**

Metody statystyczne opracowane do wnioskowania o środowiskowej reakcji plonu lub innych cech odmian na podstawie danych z serii doświadczeń hodowlanych lub innych doświadczeń z genotypami i czynnikami środowiskowymi, służą głównie:

1. zwiększeniu precyzji oceny rzeczywistej reakcji cech odmian na środowiska (Gauch, 1988, 1990, 1992, 2006; Gauch i Zobel, 1988, 1989, 1996, 1997; Crossa i in., 1991; Nachit i in., 1992; Voltas i in., 1999; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 b; Dias i Krzanowski, 2003; Wamatu i in., 2003; Gauch i in., 2008; Piepho i in., 2008),
2. grupowaniu odmian jednocześnie podobnych pod względem genotypowego profilu efektów interakcji GE i genotypowego efektu głównego dla rozpatrywanej cechy, czyli rodzaju (typu) reakcji tej cechy na warunki środowiskowe i określaniu średnich grupowych reakcji (ang. group-mean response to environments); ułatwia ono znacząco opis rodzaju środowiskowej reakcji każdej grupy odmian (zamiast pojedynczych odmian), co w przypadku analizy reakcji plonu usprawnia ocenę rodzajów zdolności adaptacyjnej dużej liczby odmian w doświadczeniach hodowlanych i testujących nowe odmiany (Caliński i in., 1987 a,b; Crossa, 1990; DeLacy i Cooper, 1990; Lin i Binns, 1994; Basford i Cooper, 1997; Voltas i in., 1999; Haussmann i in., 2000; Sivapalan i in., 2000; Yan i in., 2000; de la Vega i in., 2007 a,b; Yan i Hunt, 2001; Annicchiarico, 2002 a,b; Adugna i Labuschagne, 2002; Yan i Kang, 2003; Pacheco i in., 2005; Kaya i in., 2006; Zhang i in., 2006 a,b; Paderewski i in. 2010, 2011),
3. grupowaniu środowisk (głównie miejscowości) podobnych pod względem środowiskowego profilu efektów interakcji GE, czyli rodzaju zróżnicowania danej cechy (głównie plonu) odmian (ang. discriminating patterns of genotypes in environments); pozwala ono zwykle na zmniejszenie liczby miejscowości, nie pogarszając ich reprezentatywności względem rozważanego rejonu uprawy, lub uzasadnia obiektywnie określony podział rejonu uprawy na bardziej jednorodny podrejon, zwane megaśrodowiskami (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Lin i Binns, 1994; Atlin i in., 2000; Sivapalan i in., 2000; Yan i in., 2000; de la Vega i in., 2007 a,b; Yan i Hunt, 2001; Annicchiarico, 2002 a,b; Collaku i in., 2002; Trethowan i



- in., 2002, 2003; Lillemo i in., 2004; Annicchiarico i in., 2005, 2006 a,b; Kaya i in., 2006; Zhang i in., 2006 a,b; Joshi i in., 2007; Roozeboom i in., 2008),
4. przedstawieniu graficznemu dobrze przybliżonych informacji o podobieństwie rzeczywistej środowiskowej reakcji danej cechy poszczególnych odmian i ich grup jednorodnych, a także o podobieństwie środowisk (oraz megaśrodowisk) pod względem efektów interakcji GE (Caliński i in., 1979, 1980, 1983, 1987 a,b, 1995; Gauch, 1988, 1992; Crossa i in., 1991; Gauch i Zobel, 1997; Nachit i in., 1992; Voltas i in., 1999; Annicchiarico, 2002 b; Ebdon i Gauch, 2002 a,b; Crossa i Cornelius, 2002; Crossa i in., 2002; Yan i Kang, 2003; Annicchiarico i in., 2005; Samonte i in., 2005; Li i in., 2006; Weber i in., 2007; Gauch i in., 2008).

Metody statystyczne do wnioskowania o środowiskowej reakcji cech odmian na podstawie danych z pojedynczych doświadczeń lub serii doświadczeń z odmianami są bardzo liczne i różnorodne w treści matematycznej (jednowymiarowe i wielowymiarowe albo oparte na stałym lub mieszanym modelu analizy wariancji) i metodologicznej. Posiadają one różną przydatność do realizacji wymienionych celów badawczych. Jedne z nich pozwalają na osiągnięcie w zadowalającym stopniu wszystkich wymienionych czterech zadań, inne zaś mają ograniczoną efektywność metodyczną w rozważanych pracach.

Większość metod statystycznych do badania interakcji GE została opracowana dla danych, stanowiących kompletną klasyfikację dwukierunkową krzyżową, w której jednym kierunkiem są genotypy, drugim zaś środowiska (klasyfikacja typu genotypy  $\times$  środowiska).

Metody wielowymiarowe, ukierunkowane na analizę interakcji GE, można podzielić na dwie grupy o komplementarnych możliwościach wnioskowania. Pierwsza grupa obejmuje metody analizy skupień (ang. clustering methods), służące do klasyfikacji (grupowania) genotypów i środowisk podobnych pod względem podanych wyżej kryteriów (punkty 2 i 3). Do drugiej grupy należą tzw. metody ordynacyjne, tj. metody oceny zróżnicowania i relacji obiektów (ang. ordination methods), przydatne do badania podobieństwa genotypów i środowisk pod względem wymienionych kryteriów (punkty 2 i 3).

Metody analizy skupień umożliwiają dobre wykonanie podanych wyżej zadań 2 i 3, zaś są nieprzydatne do realizacji zadań 1 i 4. Natomiast metody ordynacyjne są bardzo skuteczne przy wykonywaniu zadań 1 i 4, zaś mniej przydatne w grupowaniu podobnych genotypów i środowisk. Zatem, łączne zastosowanie dwóch metod, jednej z grupy analizy skupień, drugiej zaś z grupy metod ordynacyjnych, pozwala stworzyć znacznie bardziej efektywną metodykę do bogatszego i bardziej wiarygodnego wnioskowania statystycznego o środowiskowej reakcji danej cechy genotypów (przydatną do wykonania wszystkich czterech rozpatrywanych zadań wnioskowania), niż przy użyciu tylko jednej z nich. Łączne zastosowanie metod klasyfikacyjnych (analizy skupień) i ordynacyjnych do wielocechowej oceny różnorodności obiektów (rozważano tutaj różnorodność ilościowej reakcji genotypów na warunki środowiskowe) zostało nazwane w języku angielskim *pattern analysis*, które dotychczas nie ma utrwalonego odpowiednika polskiego

(Williams, 1976; Fox i Rosielle, 1982; Cooper i DeLacy, 1994; McLaren, 1996; Alagarswamy i Chandra, 1998; Kaya i in., 2006; Zhang i in., 2006 a,b).

## **2.2. Zastosowania analizy AMMI i innych metod statystycznych do badania reakcji odmian na środowiska**

### **Dwuczynnikowe modele analizy wariancji (modele ANOVA)**

Dla danych z doświadczeń w klasyfikacji dwukierunkowej krzyżowej postaci genotypy  $\times$  środowiska, odpowiednie modele ANOVA uważane są za efektywne narzędzie do analizy średnich obiektowych (efektów głównych dla obu czynników) i wykrywania (oceny istotności) efektów interakcji między tymi czynnikami (Gauch, 1988, 1990, 1992, 2006; Crossa, 1990; Cooper i Delacy, 1994; Annicchiarico, 2002 b; Gauch i in., 2008) Różnorodność modeli ANOVA związana jest z charakterem przypisywanym poszczególnym czynnikom, tj. traktowaniem badanych czynników jako stałe (o ustalonych poziomach, ang. fixed factor) lub losowe (ang. random factor). Gdy oba czynniki uważane są jako stałe to odpowiedni do takiego założenia model ANOVA nazywany jest modelem stałym (ang. fixed model). Jeśli oba czynniki uznano za losowe to model ANOVA nazywany jest modelem losowym (ang. random model). Natomiast jeśli jeden czynnik jest uznany za stały, a drugi za losowy, wtedy odpowiednim modelem ANOVA jest model mieszany (ang. mixed model) — (Caliński i in., 1987 a,b, 1995; Piepho, 1996, 1998; Patterson, 1997; Annicchiarico, 2002 b; Ebdon i Gauch, 2002 a,b; Dias i Krzanowski, 2003; Mądry, 2003; Piepho i in., 2008).

### **Rozwinięcie dwuczynnikowego modelu ANOVA**

Dwuczynnikowy model addytywny, liniowy, analizy wariancji dla klasyfikacji dwukierunkowej genotypy  $\times$  środowiska nie umożliwia przejrzystej i sprawnej analizy oraz interpretacji efektów interakcji GE, ukierunkowanych na potrzeby hodowli i uprawy roślin (Shaffi i Price, 1998; Viele i Srinivasan, 2000; Annicchiarico, 2002 a,b; Ebdon i Gauch, 2002 a,b; Dias i Krzanowski, 2003; Annicchiarico i in., 2006 a,b).

Ponieważ w analizie reakcji cech genotypów na zmienne warunki środowiskowe potrzebne jest bardziej szczegółowe rozpatrywanie efektów interakcji GE, powstały modele wywodzące się z addytywnego modelu ANOVA (np. modele regresji łącznej, AMMI i GGE). Parametry takich modeli są bardziej adekwatne (niż w modelu addytywnym ANOVA) do wnioskowania o stabilności plonowania i adaptacji (szerokiej lub wąskiej) genotypów. Takie modele są nazywane modelami upraszczającymi efekty interakcji GE (ang. parsimonious models) — (Viele i Srinivasan, 2000; Annicchiarico, 2002 b; Crossa i Cornelius, 2002; Dias i Krzanowski, 2003). Dobrym modelem jest taki, który opisuje wiarygodnie charakter interakcji GE, czyli oceny efektów tej interakcji są możliwie precyzyjne.

**Model analizy regresji łącznej, JREG** (ang. **Joint Regression analysis**, Caliński i in., 1979, 1995, 1997; Becker i Leon, 1988; Crossa, 1990; Piepho, 1998; Nabugoomu i in., 1999; Annicchiarico, 2002 b; Mądry, 2003; Mądry i Kang, 2005). Do najczęściej stosowanych metod statystycznych, przydatnych do oceny reakcji cech genotypów na zmienne warunki środowiskowe, należy analiza regresji łącznej, która jest metodą jednowymiarową. Wykorzystuje liniową funkcję regresji średnich badanej cechy każdego genotypu od średnich środowiskowych tej cechy do uproszczenia opisu reakcji

genotypów na zmienne warunki środowiskowe (Caliński i in., 1979, 1995, 1997; Becker i Leon, 1988; Crossa, 1990; Annicchiarico i Perenzin, 1994; Annicchiarico, 1997b; Piepho 1998; Nabugoomu i in., 1999; Ibanez i in., 2001; Adugna i Labuschagne, 2002; Annicchiarico, 2002 b; Mądry 2003; Mądry i Kang 2005). Regresja plonu (lub innej cechy) genotypu względem średnich środowiskowych określa stabilność plonowania (lub innej cechy) oraz intensywność lub ekstensywność tego genotypu. Odchylenia empirycznej funkcji reakcji plonowania genotypów od wyznaczonej funkcji regresji liniowej są interpretowane jako stopień niestabilności genotypów.

Analiza regresji łącznej, mimo swej względnej prostoty, jest metodą ze znacznymi wadami w zakresie skuteczności badania środowiskowej reakcji cechy genotypów. Zakłada ona liniową zależność plonu genotypów od średnich środowiskowych oraz liniową zależność plonu w środowiskach od średnich genotypowych, co najczęściej nie jest spełnione w rzeczywistości. Takie ograniczenie opisu reakcji genotypów na warunki środowiskowe może prowadzić do nieodzwoiercedlenia obserwowanych i wyraźnie nieliniowych reakcji cech genotypów (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Chapman i in., 1997; Zobel i in., 1988; Annicchiarico i in., 2005). Po drugie, nie pozwala ona na sprawne i wiarygodne grupowanie genotypów o podobnej reakcji środowiskowej (Caliński i in., 1979, 1995, 1997; Crossa, 1990; Gauch, 1992; Nachit i in., 1992; Piepho, 1996, 1998; Basford i Cooper, 1997; Nabugoomu i in., 1999; Adugna i Labuschagne, 2002; Annicchiarico, 2002 b; Mądry, 2003; Mądry i Kang, 2005; Weber i in., 2007). Wspomnianych wad nie posiadają metody wielowymiarowe. Pozwalają one na nieobciążoną i precyzyjną ocenę oraz analizę — pod różnymi kątami — rzeczywistej reakcji genotypów na warunki środowiskowe, niezależnie od jej kształtu.

**Model AMMI** (ang. Additive Main effects and Multiplicative Interaction model, Caliński i in., 1979, 1980, 1983, 1987 a,b, 1995; Gauch, 1988, 1990, 1992, 2006; Gauch i Zobel, 1989, 1996, 1997; Annicchiarico, 2002b; Dias i Krzanowski, 2003; Yan i in., 2007; Gauch i in., 2008) zakłada addytywność efektów głównych genotypów i środowisk oraz efektów interakcji GE (tak samo jak model ANOVA). Efekty interakcji GE w tym modelu są przedstawione w postaci multiplikatywnych parametrów dla genotypów i dla środowisk (Gollob, 1968; Gauch, 1988, 1990, 1992, 2006; Gauch i Zobel, 1996; Crossa i in., 1990). Takie postępowanie pozwala opisać wiernie i w sposób uproszczony dowolną reakcję genotypów na zmienne warunki środowiskowe. Analiza AMMI jest szeroko stosowana do opisu reakcji genotypów roślin rolniczych (i nie tylko) na zmienne warunki środowiskowe (Crossa i in., 1991; Annicchiarico i Perenzin, 1994, 2002 a,b; Cornelli i in., 1996; Link i in., 1996; Gauch i Zobel, 1997; Shaffi i Price, 1998; Voltas i in., 1999; Wade i in. 1999; Sivapalan i in. 2000; Motzo i in. 2001; Ebdon i Gauch 2002a,b; Pinnschmidt i Hovmøller, 2002; Wamatu i Thomas, 2002; Dias i Krzanowski, 2003; Annicchiarico i in., 2005, 2006 a,b; Annicchiarico i Piano, 2005; Cassida i in., 2005; Pacheco i in., 2005; Li i in., 2006; Sudarić i in., 2006; de la Vega, 2006 a,b; de la Vega i Chapman, 2006). Analiza danych oparta na modelu AMMI jest nazywana analizą AMMI.

Znane są, także w Polsce, opracowania teoretyczne dotyczące zastosowania analizy składowych głównych (rozkładu macierzy efektów interakcji GE według wartości osobliwych) do graficznego przedstawienia profili efektów interakcji GE na wykresie

podwójnym AMMI(2), który stanowi element analizy AMMI (Gabriel, 1971; Bradu i Gabriel, 1978; Caliński i in., 1979, 1980, 1983, 1987a,b, 1995). To podejście było stosowane w nielicznych krajowych pracach naukowych (Caliński i in., 1987 a,b; Drzazga i Krajewski, 2001; Bujak i in., 2006; Mądry i in., 2006; Paderewski i Mądry 2006; Weber i in., 2007).

**Model GGE** (ang. **Genotype main effects and Genotype  $\times$  Environment interaction effects model**, Yan i in., 2000; Yan i Kang, 2003; Gauch, 2006; Yan i in., 2007; Gauch i in., 2008). Model ten jest też nazywany modelem SREG (regresja na parametry środowiskowe, ang: site regression). Jest on podobny do modelu AMMI, lecz różni się od niego tym, że zawiera efekty główne dla środowisk badanej cechy z modelu ANOVA oraz sumę efektów głównych dla genotypów oraz efektów interakcji GE (stąd bierze się jego nazwa w języku angielskim) przedstawioną w postaci sumy składników multiplikatywnych, w których uczestniczą parametry dla genotypów i dla środowisk (Yan i Hunt, 2001; Crossa i in., 2002; Yan i Tinker, 2005; Zieliński i in., 2005; Gauch, 2006). Suma efektów głównych G i efektów interakcji GE pozwala określić ranking plonowania genotypów w środowiskach. Interpretacja parametrów modelu GGE jest prostsza niż dla AMMI gdyż nie wymaga połączenia efektów głównych genotypów i efektów interakcji GE rozpatrywanych w modelu AMMI osobno. Z drugiej strony owo oddzielne rozpatrywanie każdego typu efektów może stanowić przewagę modelu AMMI (np. przy testowaniu istotności tych efektów, Gollob, 1968; Corneliuss, 1993, 1996; Gauch, 1992). Podobnie, jak w analizie AMMI, reakcję genotypów na zmienne warunki środowiskowe najczęściej opisuje się za pomocą ograniczonej liczby składników multiplikatywnych, opartych zwykle na dwóch pierwszych składowych głównych dla efektów GGE (Yan i in., 2007; Gauch, 2006).

W analizie danych z serii doświadczeń, w których czynniki (genotypy i/lub środowiska) można scharakteryzować za pomocą opisujących je atrybutów (wskaźników), stosowane są metody oparte na innych modelach multiplikatywnych, tj. **modelu regresji czynnikowej** (ang. factorial regression) lub **modelu regresji cząstkowych najmniejszych kwadratów** (ang. partial least squares regression model) — (Vargas i in., 2001; Brancourt-Hulmel i Lecomte, 2003).

**Komplementarne stosowanie analizy skupień i innych (ordynacyjnych) metod wielowymiarowych.** Do wydzielenia grup genotypów i środowisk jednorodnych pod względem efektów interakcji oraz oceny zróżnicowania pomiędzy tymi grupami stosuje się różne metody statystyczne. Rozważa się łączne (komplementarne) stosowanie wielowymiarowych metod klasyfikacji — grupowanie obiektów za pomocą analizy skupień (ang. clustering methods) — oraz metod ordynacyjnych służących do oceny zróżnicowania i relacji obiektów (ang. ordination methods).

Modele multiplikatywne wyrażają efekty interakcji GE lub sumę tych efektów z głównymi efektami genotypowymi (efekty G+GE) w formie składników multiplikatywnych. Modelem z multiplikatywnymi efektami interakcji GE, jest model AMMI, zaś z multiplikatywnymi efektami G+GE jest model GGE (model SREG). Z punktu widzenia potrzeb analizy skupień, modele multiplikatywne mogą być wykorzystywane w celu określenia odległości pomiędzy genotypami lub środowiskami. Dodatkowo, parametry

składników multiplikatywnych dla wymienionych efektów stwarzają możliwość praktyczną zwykle dość dokładnego przedstawienia i charakterystyki wspomnianego podobieństwa i niepodobieństwa pomiędzy obiektami w przestrzeni dwóch pierwszych składowych głównych (Cooper i Delacy, 1994; McLaren, 1996; Chapman i in., 1997; Voltas i in., 1999; Hausmann i in., 2000; Yan i Hunt, 2001; Crossa i in., 2002; Lillemo i in., 2005; Yan i Tinker, 2005; Zieliński i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006; Gauch, 2006; Kaya i in., 2006; Zhang i in., 2006a; Yan i in., 2007; Gauch i in., 2008), a więc możliwy do narysowania na dwuwymiarowym wykresie sposób (Gabriel, 1971; Bradu i Gabriel, 1978).

W badaniach interakcji GE jest stosowana dwustopniowa metoda *pattern analysis*, oparta na modelu GGE i analizie skupień (Cooper i Delacy, 1994; McLaren, 1996; Chapman i in., 1997; Hausmann i in., 2000; Lillemo i in., 2005; de la Vega i Chapman, 2006; Kaya i in., 2006; Zhang i in., 2006 a,b). W tej metodzie można stosować różne techniki analizy skupień i różne miary wielocechowego niepodobieństwa (odległości) genotypów lub środowisk pod względem efektów interakcyjnych. Najczęściej stosuje się technikę analizy skupień opartą na zasadzie Warda (metodę Warda), która pozwala wydzielić skupienia (grupy) o dużym podobieństwie wewnętrznym. Natomiast miary odległości genotypów lub środowisk pod względem efektów interakcji GE są oparte na dwu pierwszych składowych głównych modelu GGE. Jednak ostatnio dominują zastosowania tylko samej analizy GGE, jako metody graficznej do badania różnych aspektów środowiskowej reakcji genotypów, z pominięciem pierwotnego pomysłu łącznego zastosowania analizy skupień i analizy GGE (Yan i in., 2000; Yan i Kang, 2003; Zieliński i in., 2005; Yan i in., 2007).

Druga wśród ordynacyjnych metod oceny podobieństwa genotypów i środowisk, również oparta na modelu multiplikatywnym wywodzącym się z klasycznego modelu dwuczynnikowej analizy wariancji, jest analiza (model) AMMI. Na łamach czasopisma *Crop Science* przedstawiona jest bardzo interesująca dyskusja między Gauchem, jako współtwórcą i zwolennikiem analizy AMMI (Gauch, 2006; Gauch i in., 2008), a Yanem, jako współtwórcą i zwolennikiem analizy GGE (Yan i in., 2007) na temat walorów i wad obu tych metod ordynacyjnych w zastosowaniu do badań interakcji GE.

Połączenie analizy AMMI i analizy skupień można wykonać na dwa sposoby: i) dwukrotne stosowanie analizy skupień (Paderewski i in., 2010, 2011) — najpierw podział genotypów na grupy o podobnych efektach interakcji (analiza skupień np. metodą Warda stosowana na odtworzonych przez model AMMI efektach interakcji) a następnie podział na podgrupy ze względu na efekty główne genotypów. Takie postępowanie pozwala zachować kontrolę nad stratą informacji (występującą zawsze podczas grupowania) dla efektów interakcji (które są estymowane z mniejszą precyzją) i dla efektów głównych (estymowane z większą precyzją). ii) stosowanie analizy skupień na odtworzonym modelem AMMI wzorcu reakcji genotypów na środowiska (suma efektów głównych odmian i odtworzonych na podstawie modelu AMMI efektów interakcji). Takie rozwiązanie jest prostsze (Mądry i in., 2011).

Z analizy dorobku zarówno teoretycznego (statystycznego), jak i aplikacyjnego, dotyczącego obu podejść oraz wspomnianej bardzo cennej dyskusji ich autorów,

wynikają potrzeby dalszych badań metodyczno-statystycznych nad łączną analizą AMMI i analizą skupień (McLaren, 1996; Voltas i in., 1999; Gauch i in., 2008), która może okazać się efektywną metodą alternatywną albo nawet konkurencyjną w stosunku do łącznej analizy skupień i analizy GGE, czyli pattern analysis (Williams, 1976; Fox i Rosielle, 1982; Cooper i DeLacy, 1994; Alagarswamy i Chandra, 1998; Kaya i in., 2006; Zhang i in., 2006 a,b).

Spośród znanych autorom tego opracowania publikacji, tylko nieliczne prace odnoszą się do łącznej analizy AMMI i skupień (McLaren 1996; Voltas i in., 1999; Paderewski i in., 2010, 2011; Mądry i in., 2011). McLaren (1996) wskazuje wyraźnie na potrzebę uzupełnienia analizy AMMI o analizę skupień oraz na potencjalnie większą efektywność metodyczną takiej kombinowanej techniki w porównaniu do stosowania tylko analizy AMMI, jako metody ordynacyjnej. Voltas i in. (1999) zastosowali to podejście w ocenie reakcji plonu odmian jęczmienia na agroekologiczne warunki środowisk rolniczych, czyli agroekosystemy w obrębie śródziemnomorskich rejonów Hiszpanii. W pracach Paderewski i in. (2010, 2011) oraz Mądry i in. (2011) stosując łączną analizę AMMI i analizę skupień, wydzielono grupy jednorodnie odmian pszenicy ozimej pod względem charakteru ich reakcji plonu na środowiska rolnicze w Polsce.

### 2.3. Praktyczne zastosowania analiz statystycznych

**Ocena stabilności i szerokiej adaptacji genotypów.** Jednym z priorytetowych zadań analizy danych hodowlanych jest określenie, które z badanych genotypów mogą być określone jako stabilne — albo poprzez grupowanie genotypów i wskazanie grupy genotypów uznanych za stabilne, albo przez podanie miary porządkującej i różnicującej genotypy pod względem stabilności. W analizie regresji łącznej genotyp stabilny pod względem danej cechy powinien charakteryzować się zarówno proporcjonalną reakcją tej cechy na zmienne warunki środowiskowe mierzone za pomocą średniej środowiskowej (współczynnik regresji dla tej funkcji reakcji powinien być równy 1), jak i przewidywalną reakcją na warunki środowiskowe (relatywnie mała wariancja odchyleń od funkcji regresji) — (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Caliński i in., 1995; Annicchiarico, 1997 b; Chapman i in., 1997; Zobel i in., 1988; Mądry, 2003; Annicchiarico i in., 2005; Mądry i Kang, 2005).

Annicchiarico (1997 b) porównał analizę regresji łącznej i analizę AMMI pod względem powtarzalności oceny stabilności genotypów w różnych sezonach wegetacyjnych. Obie metody, tzn. miara Euklidesa dla istotnych IPC w modelu AMMI oraz miary stabilności oparte na modelu analizy regresji łącznej (współczynnik regresji i wariancja Shukli), okazały się pod tym względem podobne. Metody porównano na zbiorach danych, pochodzących z serii doświadczeń prowadzonych we Włoszech z pszenicą chlebową, pszenicą twardą, kukurydzą i owsem (klasyfikacji genotypy  $\times$  miejscowości  $\times$  lata, GLY). Zgodność między metodami AMMI i JREG pod względem intensywności / stabilności / ekstensywności plonowania odmian, to jest parametry stabilności w analizie regresji łącznej (wariancja odchyleń od funkcji regresji) i statystykę ASV (ang. AMMI(s) stability value) w analizie AMMI, zaobserwowana została w eksperymentach opisanych przez autorów: Annicchiarico i Perenzin (1994), Aduña i Labuschagne (2002), Wamatu i Thomas (2002). Na podstawie modelu AMMI i

parametru ASV, jako miary stabilności AMMI(s), badano stabilność plonowania pszenicy jarej (Li i in., 2006) oraz stabilność plonu i składu chemicznego prosa różgowatego (Cassida i in., 2005).

Link i in. (1996) badał adaptację (dla plonu nasion) 12 linii wsobnych i ich 99 mieszańców  $F_1$  bobiku do warunków śródziemnomorskich, reprezentowanych przez 9 miejscowości w południowych Niemiec, Hiszpanii i północnej Afryce. Zastosowano analizę regresji łącznej i AMMI. Stwierdzono silną, dodatnią korelację pomiędzy wariancją odchyłeń od regresji a wartościami parametrów genotypowych dla IPC1. Można to wytłumaczyć w ten sposób, że dla takiego wzorca efektów interakcji regresja łączna pomija największą część zmienności (opisaną pierwszą składową IPC1 w modelu AMMI a włączoną do odchyłeń od funkcji regresji, błędu, w JREG).

Na porządek plonowania genotypów w środowiskach wpływają efekty główne genotypów i efekty interakcji GE. W modelu GGE suma obu typów efektów opisywana jest za pomocą PCA. Jednakże parametry modelu GGE nie opisują oddzielnie zmienności efektów głównych genotypów i zmienności efektów interakcji. Oznacza to, że np. pierwsza składowa główna może zawierać (wyjaśniać) więcej zmienności powodowanej efektem głównym niż druga czy trzecia, ale może być odwrotnie (Gauch, 2006). Dlatego efekty główne genotypów mogą być wypierane przez efekty interakcji GE. Stąd przydatność modelu GGE jest większa do określenia adaptacji genotypów do specyficznych warunków środowisk, niż do określenia szerokiej adaptacji (silniej związanej z efektami głównymi genotypów niż efektami interakcji GE).

W pracy Samonte i in. (2005) pokazano możliwość identyfikacji najwyżej plonującego stabilnego genotypu w modelu GGE — przez narysowanie osi aproksymującej oś średniego plonu (jest to jednocześnie przybliżenie prostej, na której leżą genotypy niewykazujące zmienności interakcyjnej — rzut ortogonalny takiej prostej na dwie osie wykresu podwójnego GGE). Tak określona prosta posłużyła również do identyfikacji najlepszego środowiska badania genotypów, tzn. takiego, które rozróżnia genotypy pod względem ich średnich oraz jest reprezentatywne dla docelowego rejonu uprawy z powodu małej zmienności efektów interakcji GE.

**Badanie rodzajów adaptacji genotypów i grupowanie genotypów.** Model analizy regresji łącznej pozwala na efektywne wykrywanie genotypów o stabilnej produktywności (np. plonu) oraz genotypów intensywnych i ekstensywnych, ale w takich przypadkach, kiedy liniowa funkcja regresji badanej cechy genotypów od średnich środowiskowych jest dobrze dopasowana, czyli towarzyszy jej mała wariancja odchyłeń od regresji (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Annicchiarico, 1997 b; Chapman i in., 1997; Zobel i in., 1988; Wamatu i Thomas, 2002; Annicchiarico i in., 2005). Z racji na to, że przeważnie wspomniany model liniowy regresji jest nieadekwatny do rzeczywistości, funkcja ta nie opisuje wiernie krzywej reakcji cechy genotypów na zmienne warunki środowiskowe (Brancourt-Hulmel i in., 1997; Chapman i in., 1997; Zobel i in., 1988; Ibanez i in., 2001; Annicchiarico i in., 2005). Analiza AMMI pozwala wiernie przybliżyć każdą krzywą reakcji cechy genotypów na zmienne warunki środowiskowe, ponieważ liczba multiplikatywnych składników efektów interakcji GE jest tak dobierana, aby odchylenia od modelu były nieistotne.

W pracy Wade i in. (1999) oceniano plonowanie 37 genotypów ryżu w 36 środowiskach. Najpierw odjęto efekty główne genotypów i środowisk, uzyskując macierz efektów interakcji GE (jak w modelu AMMI), następnie na efektach interakcji GE wykonano hierarchiczną analizę skupień metodą Warda. Wyniki analizy skupień przedstawiono na dendrogramach (na których pokazano, oprócz średniego plonu, wybrane cechy genotypów i środowisk), przedstawiających wyznaczone 9 grup genotypów ryżu i 9 grup warunków środowiskowych, podobnie różnicujących plon badanych genotypów. Badając (Wamatu i in., 2003) reakcje plonu klonów kawy arabskiej (*Coffea arabica* L.) na warunki środowiskowe Kenii za pomocą analizy AMMI, wskazano genotypy stabilne, genotypy dobrze zaadaptowane do środowisk o wysokim potencjale plonowania oraz genotypy zaadaptowane do środowisk o niskim potencjale plonowania.

Wykresy podwójne GGE pozwalają wyróżnić grupy genotypów o podobnej funkcji reakcji na środowiska, czyli grupy genotypów zarówno o podobnej średniej genotypowej, jak i o podobnym genotypowym profilu efektów interakcji GE). Samonte i in. (2005) badali 6 odmian ryżu w stanie Teksas, USA. Na podstawie wykresu podwójnego GGE wykonano porównania plonu genotypów w wybranym środowisku i sprawdzono porządek plonowania genotypów dla każdego środowiska osobno. Yan i Hunt (2001) analizowali plon pszenicy ozimej w stanie Ontario, Kanada. Współczynniki korelacji parametrów modelu GGE z opisanymi cechami środowisk lub genotypów również pozwalają wyjaśniać przyczyny warunkujące zmienność efektów interakcji GE.

**Grupowanie środowisk ze względu na rodzaj zróżnicowania plonu genotypów oraz wybór środowisk kluczowych.** Niektórzy biometrycy i hodowcy roślin uznają, że właściwym kryterium dzielenia miejscowości na grupy jednorodne, powinna być jakościowa interakcja GL, COI (ang. cross over interaction GL). Oznacza to, że miejscowości w różnych grupach powinny odznaczać się odmiennym rankingiem genotypów pod względem plonowania lub innych cech rolniczych. Jednakże, wielu badaczy wydziela jednorodne grupy miejscowości na podstawie ilościowej interakcji GL, czyli efektów interakcji GL. Takie podejście jest zgodne z używaną w hodowli statystyką „procent plonowania wzorca”. Wobec tego miejscowości w różnych grupach mogą odznaczać się ilościowym lub jakościowym zróżnicowaniem środowiskowych profili efektów interakcji GL, czyli mogą — choć nie muszą — zmieniać ranking genotypów dla danej cechy rolniczej (Caliński i in., 1979, 1983, 1987 a,b, 1995; Gauch i Zobel, 1997; Robert, 1997; Annicchiarico, 2002 a,b; Sivapalan i in., 2000; Collaku i in., 2002; Ebdon i Gauch, 2002 a,b; de la Vega i Chapman, 2006; Gauch, 2006; Zhang i in., 2006 a,b).

W pracy Lillemo i in. (2005) hierarchiczna analiza skupień i model SHMM (Cossa i in. 1993) została zastosowana do wydzielenia grup środowisk i grup genotypów pszenicy chlebowej. Doświadczenie przeprowadzono w Północnej i Południowej Ameryce, Europie, Azji, Afryce oraz Oceanii. Wydzielono 5 grup miejscowości o podobnym zróżnicowaniu plonu i 5 grup genotypów podobnie reagujących pod względem plonu na środowiska. W wyniku analizy wybrano środowiska najbardziej reprezentatywne dla każdej grupy oraz środowisko najbardziej reprezentatywne dla wszystkich 32 wybranych miejscowości.



Oceniano stabilność i adaptację linii wsobnych sorga i ich mieszańców w obrębie 8 środowisk, złożonych z 4 sezonów wegetacyjnych oraz dwóch warunków wilgotnościowych gleby (dobrych i złych) w badanych miejscowościach (Hausmann i in., 2000). Do analizy uzyskanych danych dla plonu ziarna zastosowano model GGE. Wykonano analizę skupień metodą Warda na macierzy ocen efektów G+GE w celu grupowania genotypów i środowisk oraz analizę GGE (analizę SREG) w celu przedstawienia wykresu podwójnego GGE (wykresu SREG). Podzielono środowiska na trzy grupy pod względem podobieństwa rodzaju zróżnicowania genotypów (efektów interakcji GE). Najmniej podobne do pozostałych było środowisko o największym niedoborze (stresie) wody. Genotypy podzielono na 9 grup, z których każda zawiera obiekty hodowlane o podobnych reakcjach (podobnych średnich i kształtach krzywych reakcji) na środowiska, czyli o podobnym rodzaju adaptacji. Na wykresie podwójnym GGE w układzie dwóch pierwszych składowych głównych zobrazowano relacje (podobieństwo) genotypów i środowisk pod względem efektów interakcji. Na wykresach pokazano także średnie sumarycznych efektów G+GE genotypów z każdej grupy w badanych środowiskach. Takie wykresy obrazują różne rodzaje adaptacji grup genotypów do tych środowisk, wskazując grupy genotypów plonujących relatywnie najwyżej w danym środowisku.

Blanche i Myers (2006) zastosowali analizę GGE do wykrycia środowisk optymalizujących wybór genotypów (pod względem zdolności do rozróżniania rodzajów reakcji genotypów oraz reprezentacyjności środowiska). Badając plon bawełny (*Gossypium hirsutum* L.) w miejscowościach rozlokowanych w stanie Luizjana, USA, określono przydatność tych miejscowości do wykonywania oceny plonowania genotypów bawełny.

Presterl i Weltzien (2003) badali reakcję plonu ziarna 6 populacji prosa i ich mieszańców diallelicznych, na warunki środowiskowe w czterech miejscowościach w Indiach poprzez 3 lata. Zastosowano analizę AMMI według modelu stałego, traktując 12 kombinacji miejscowości z latami jako środowiska. Wydzielono dwie grupy środowisk (megaśrodowiska) o ujemnie skorelowanych efektach interakcji GE, czyli różnie porządkujących średnie genotypów. Wskazano genotypy o dodatnich i ujemnych efektach interakcji GE w poszczególnych środowiskach.

Na podstawie wyników analizy AMMI, Pacheco i in. (2005) wybrali środowisko, spośród badanych, o najmniejszej zmienności efektów interakcji GE dla badanych genotypów soi, tzn. środowisko, w którym uporządkowanie genotypów pod względem plonu jest podobne jak uporządkowanie według średniej ze wszystkich badanych 11 środowisk.

Analiza AMMI wraz z analizą skupień (metodą agregowania Warda, z kwadratem odległości Euklidesa jako miarą odległości), grupującą genotypy pszenicy twardej oraz miejscowości o podobnych profilach efektów interakcji GE, została użyta (Annicchiarico i in., 2005) do wydzielenia megaśrodowisk i miejscowości dla nich reprezentatywnych (key-locations). Celem grupowania miejscowości było również potwierdzenie zasadności ich podziału ze względu na temperaturę w okresie zimy.

Wykres podwójny AMMI(2) posłużył (Ibanez i in., 2001) do graficznej oceny podobieństwa genotypowych i środowiskowych profili ocen efektów interakcji GE.

Stwierdzono, że niektóre środowiska były podobne pod względem zróżnicowania profili efektów interakcji GE (skorelowane dodatnio), inne zaś były niepodobne (nieskorelowane lub skorelowane ujemnie). Wskazano także miejscowości o małej zmienności ocen efektów interakcji GE, czyli takie, w których zróżnicowanie plonu genotypów jest podobne do zróżnicowania średnich genotypowych poprzez środowiska.

**Wybór genotypów o lokalnej adaptacji.** W pracy Samonte i in. (2005) podjęto badania nad identyfikacją najwyżej plonujących odmian dla różnych środowisk, czyli odmian zalecanych do tych środowisk. Badano 6 półkarłowych, długoziarnistych genotypów ryżu. Plony ziarna określono w 4 miejscowościach w stanie Teksas USA, w 3 sezonach (2000, 2001, 2002). Jeżeli efekty główne genotypów (efekty główne E nie wpływają na porządek, a więc i rekomendację genotypów) nie są wystarczające do wskazania najwyżej plonującego genotypu, to identyfikacja odbywać się musi na podstawie zarówno efektów głównych genotypów, jak i efektów interakcji GE. Dlatego do identyfikowania grupy środowisk, w których ten sam genotyp plonuje najwyżej, wybrano analizę GGE. Na podstawie wykresu podwójnego GGE porównano 2 genotypy, określając, w których środowiskach wyżej plonuje jeden, a w jakich drugi. Zidentyfikowano również grupy środowisk, w których ten sam genotyp plonuje najwyżej spośród wszystkich badanych genotypów (wykazując bardzo dobre przystosowanie do warunków w takich środowiskach).

Badano wąską adaptację form rodzicielskich i mieszańców  $F_1$  bobiku w 8 środowiskach o zmiennym natężeniu suszy (Abdelmulla i in., 1999). Środowiskami były kombinacje 2 miejscowości, 2 warunków natężenia suszy i 2 lat badań. Zastosowano analizę AMMI oraz wykres podwójny AMMI(1). Na tej podstawie stwierdzono, że jedne genotypy były dostosowane najlepiej do warunków suszy, inne zaś do warunków o większej dostępności wody w glebie w trakcie wegetacji.

W pracy (Gauch i Zobel, 1997) na podstawie wyników analizy AMMI określono 4 genotypy wygrywające dla kukurydzy zwyczajnej, tzn. takie genotypy, które w pewnych warunkach środowiskowych plonują relatywnie najwyżej, spośród badanych genotypów. Jeden z nich był określony przez model AMMI(1) jako stabilny o wysokim stopniu szerokiej adaptacji, jednak w wyznaczonych grupach środowisk wykazał niższą średnią plonu niż genotypy bardzo dobrze zaadaptowane do specyficznych warunków środowiskowych.

Analiza AMMI została również wykorzystana przez Annicchiarico i Piano (2005) do analizy suchej masy lucerny (*Medicago sativa* L. subsp. *sativa*). Na tej podstawie wskazano 3 genotypy najwyżej plonujące w odpowiednich dla nich warunkach środowiskowych. Także Ebdon i Gauch (2002 b), badając jakość zadarnienia odmianami życicy trwałej i wiechliny łąkowej, wskazali 3 spośród 125 odmian wiechliny łąkowej i 4 ze 123 odmian życicy trwałej o najlepszej jakości darni w wyznaczonych grupach środowisk.

Łączna analiza AMMI i analiza skupień została wykorzystana w pracy (Annicchiarico i Perenzin, 1994) do grupowania środowisk (31 miejscowości rozlokowanych na terenie Włoch) podobnie różnicujących plon genotypów pszenicy. Wykorzystano metodę aglomeracji średniego wiązania z miarą Euklidesa jako miarą odległości między

parametrami istotnych interakcyjnych składowych głównych w modelu AMMI. Celem badań było wydzielenie grup genotypów o podobnej specyficznej adaptacji oraz grupowanie miejscowości w megaśrodowiska.

#### **Poprawa dokładności oceny efektów interakcji GE za pomocą analizy AMMI**

Model analizy wariancji ANOVA pozwala estymować efekty główne (optymalnie) i efekty interakcji GE oraz testować istotność tych efektów. Jednak, jak wynika z licznych doniesień (Gauch, 1988, 1990, 1992, 2006; Gauch i Zobel, 1989, 1996, 1997; Crossa i in., 1991; Gauch 1992, 2006; Nachit i in. 1992; Voltas i in., 1999; Sivapalan i in., 2000; Annicchiarico, 2002 a,b; Ebdon i Gauch, 2002 a,b; Dias i Krzanowski 2003; Gauch i in., 2008), model AMMI pozwala dokładniej ocenić populacyjne efekty interakcji GE, niż model ANOVA. Oznacza to, że oceny efektów interakcji GE na podstawie modelu AMMI są dokładniejsze, niż zwykłe oceny efektów interakcji GE (otrzymane metodą najmniejszych kwadratów na podstawie stałego modelu ANOVA).

Gauch i Zobel (1997), badając genotypy kukurydzy w wielokrotnej i wieloletniej serii doświadczeń odmianowych donoszą, że większość zmienności losowej (szumu, zakłóceń) jest zawarta w ocenach efektów interakcji GE. Wartość współczynnika S/N (stosunek siły sygnału do siły zakłóceń (Gauch, 1992; Gauch i Zobel, 1997) pokazała, że efekt interakcji GE jest bardziej zakłócony ( $S/N=0,61$ ), niż średnie plonowania genotypów poprzez miejscowości ( $S/N=6,40$ ). W konsekwencji autorzy postulują stosowanie większej liczby środowisk kosztem mniejszej liczby powtórzeń, co miałoby lepiej charakteryzować efekty interakcji GE.

Analizy wyników doświadczeń (w cytowanych powyżej pracach) potwierdzają statystyczną własność sumy kwadratów dla efektów interakcji GE, która polega na kumulowaniu się w niej znacznie większej sumy kwadratów dla błędu doświadczalnego niż w sumie kwadratów dla głównych efektów genotypowych i środowiskowych. Wynika to z relatywnie dużo większej liczby stopni swobody dla interakcji GE niż dla efektów głównych G i E. Oznacza to, że efekty główne — zarówno genotypowe, jak i środowiskowe — są oceniane z większą precyzją, niż efekty interakcji GE.

Analiza AMMI może być narzędziem do poprawy precyzji ocen efektów interakcji GE. Zwiększenie dokładności ocen efektów interakcji GE w modelu AMMI jest interpretowane jako skutek usunięcia znacznej części losowego błędu doświadczalnego ze zwykłych ocen interakcji GE, który jest w nich uwikłany (Gauch, 1988, 1990, 1992, 2006; Gauch i Zobel, 1989, 1996, 1997; Crossa i in., 1991; Dias i Krzanowski, 2003; Ebdon i Gauch, 2002 a,b). Przyjmuje się, że zmienność losowa lub mało znacząca część efektów interakcji (z punktu widzenia praktyki pozbawiona znaczenia z powodu zbyt małej zmienności wywoływanych efektów), są opisane przez dalsze interakcyjne składowe główne (o względnie małej sumie kwadratów i dużej łącznej liczbie stopni swobody). Spodziewanym efektem ich odjęcia od obserwowanych efektów interakcji (jest to równoważne pozostawieniu tylko kilku pierwszych IPC o względnie dużej sumie kwadratów i małej łącznej liczbie stopni swobody) jest uzyskanie średnich dla kombinacji GE, które lepiej opisują reakcje cech genotypów na warunki środowiskowe. Takie poprawione średnie można dalej analizować za pomocą metod klasyfikacyjnych i ordynacyjnych (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Voltas i in., 1999; Sivapalan i in., 2000).

Ebdon i Gauch (2002 b) analizowali dane dla zadarnienia, w skali bonitacyjnej 1–9 (zawierającej różne aspekty jakości darni, takie jak kolor, gęstość, jednolitość), dla dwóch gatunków traw. Oceny AMMI efektów interakcji GE, oparte na znacznie mniejszej liczbie stopni swobody, a opisujące niewiele mniejszą sumę kwadratów dla efektów interakcji GE (dla oceny zadarnienia wiechliną łąkową efekty interakcji IPC1 opisywały 19,7% sumy kwadratów zwykłych efektów interakcji przy 2,3% stopni swobody, natomiast dla oceny zadarnienia życią trwałą efekty IPC1 zawierały 49,9% sumy kwadratów i 2,5% stopni swobody zwykłych efektów interakcji), zostały uznane za dokładniejsze niż zwykłe oceny efektów GEI (średnie kombinacji GE). Aby opisać siłę tego efektu, określono liczbę powtórzeń, dla której zwykłe średnie genotypów w miejscowościach (średnie podklas z kombinacji GE) zyskałyby taką samą jakość predykcji, jak model AMMI. Dla wiechliny łąkowej statystycznie właściwym był model AMMI(7) o współczynniku efektywności równym 2,05 (zamiast wykonanych 3 powtórzeń analizowanych modelem AMMI(7) należałoby wykonać 6 powtórzeń wyznaczając średnie dla kombinacji GE), a dla życicy trwałej model AMMI(2) ze współczynnikiem efektywności 5,6.

Ponieważ model AMMI w obu przypadkach (Ebdon i Gauch, 2002 b) skutecznie określił zmienność losową dla tych danych doświadczalnych i umożliwił zwiększenie precyzji oceny dla reakcji tych gatunków traw na warunki środowiskowe, autorzy — popierając uzyskane wyniki swoim doświadczeniem — uogólniają tę właściwość twierdząc „skoro model AMMI ma lepszą predykcję [niż średnie genotypów w środowiskach lub efekty główne modelu ANOVA] to sugeruje, że potencjalna zdolność predykcji modeli AMMI jest wyższa, czyli wartości wyznaczone za pomocą modelu AMMI są lepszym przybliżeniem średnich dla kombinacji GE, niż zwykłe średnie arytmetyczne z powtórzeń”. Jednym z celów zastosowania analizy AMMI było wydzielenie i usunięcie z danych dla plonu pszenicy efektów losowych, a pozostawienie rzeczywistego obrazu reakcji genotypów na zmienne warunki środowiskowe (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Wade i in., 1999; Sivapalan i in., 2000)

Jak widać z powyższego, zastosowanie analizy AMMI do oceny efektów interakcji GE pozwala uzyskać dokładniejsze oceny tych efektów, lub przy planowaniu doświadczenia pozwala zmniejszyć liczbę powtórzeń (czyli koszt przeprowadzenia doświadczenia), zachowując taką samą dokładność ocen tych efektów, jak przy większej liczbie powtórzeń, ale estymowanych za pomocą modelu ANOVA.

Niektórzy autorzy zajmują się **wyjaśnianiem multiplikatywnych parametrów modelu AMMI za pomocą cech genotypów lub środowisk** (Annicchiarico i Perenzin, 1994; Annicchiarico, 1997 a; Motzo i in., 2001; Ebdon i Gauch, 2002 a; Annicchiarico i Piano, 2005; Samonte i in., 2005; Annicchiarico i in., 2006 b). W ten sposób wyjaśniano zmienność efektów interakcji GE przez badane cechy genotypów i środowisk. Za pomocą współczynnika korelacji prostej, Ebdon i Gauch (2002 a) badali związek parametrów interakcyjnych składowych głównych ze wskaźnikami (zmiennymi) genotypowymi albo środowiskowymi w badaniach dwóch gatunków traw. Podobnie, wykorzystując współczynnik korelacji między cechami środowisk, a parametrami modelu AMMI, tj. średnim plonem w środowiskach i środowiskowymi parametrami interakcji (EIPC),

Annicchiarico i Piano (2005) badali wpływ cech środowisk (takich, jak stres spowodowany suszą, warunkami glebowymi, stres niedoboru wody na lekkich glebach, czy stres niedoboru powietrza na glebach gliniastych) na plon suchej masy lucerny (*Medicago sativa* L. subsp. *sativa*). Również w pracy Samonte (Samonte i in., 2005) indeks cieplny (zależny od temperatury powietrza i wilgotności względnej) był skorelowany z EIPC1 ( $r = -0,62$  był istotny na poziomie  $p = 0,03$ ). Motzo i in. (2001) badali korelacje między cechami genotypów i cechami środowisk, a parametrami modelu AMMI tj.: średnią obiektową oraz parametrami IPC.

**Inne zastosowania modelu AMMI.** Model AMMI jest także skutecznym narzędziem do badania powtarzalności w latach efektów interakcji GL, czyli rodzaju krzywej reakcji genotypów na warunki środowiskowe w miejscowościach. Takie badanie jest możliwe wtedy, gdy środowiskami są kombinacje miejscowości  $\times$  lata (Abdelmulla i in., 1999; de la Vega i Chapman, 2006). Wtedy o powtarzalności reakcji genotypów na warunki w miejscowościach poprzez lata badań świadczy zgodność środowiskowych parametrów interakcji (EIPC) dla środowisk tej samej miejscowości w różnych latach. De la Vega i Chapman (2006) badając mieszańce  $F_1$  słonecznika w Argentynie pod względem powtarzalności plonu oleju stwierdzili, że aby uzyskać wiarygodną ocenę reakcji plonu na środowiska w miejscowościach, wskazane jest wykonanie przynajmniej 4-letniej serii doświadczeń w przynajmniej 14 miejscowościach. Dixon i in. (2002) zastosowali analizę AMMI do oceny reakcji porażenia zarazą bakteryjną 8 udoskonalonych klonów manioku w 18 środowiskach (6 miejscowości w 3 latach). Wykazano małą powtarzalność w latach dla krzywych porażenia klonów w badanych miejscowościach.

Model AMMI stosowano również do badania innych cech niż plon. Chociaż przez wiele lat badań dwie metody, tj. analiza regresji łącznej i analiza AMMI, były szeroko stosowane w badaniach rolniczych głównie do oceny reakcji genotypów roślin pod względem plonu na zmienne warunki środowiskowe, to także stosowano je efektywnie do testowania porażenia genotypów chorobami w programach hodowlanych (ryżu przez grzyb *Magnaporthe grisea* w Afryce, Abamu i in. 1998; jęczmienia plamistością siatkową, Robinson i Jalli 1999; Pinnschmidt i Hovmøller 2002; manioku zarazą bakteryjną, Dixon i in. 2002;).

**Programy komputerowe do analizy AMMI.** Istnieje ogólnodostępny program użytkowy do analizy AMMI napisany w systemie SAS (SAS Institute, 2001; Hernandez i Crossa, 2000; Burgueno i in., 2001) oraz komercyjny program MATMODEL (Gauch i Furnas 1991; Gauch i Zobel, 1997). W pracy Annicchiarico i in. (2005, 2006 b) stosowano analizę AMMI za pomocą programu IRRISTAT (udostępnianym przez International Rice Research Institute, of Manila, Philipines). Sivapalan i in. (2000) do obliczania średnich poprawionych, oraz do obliczenia parametrów modelu AMMI użył programu AGROBASE (program napisany przez Agronomic Software Inc.), podczas gdy hierarchiczną analizę skupień na podstawie ocen AMMI efektów interakcji GE wykonano za pomocą HACCLUS.EXE i MINITAB (programy opracowane przez University of Queensland). Paderewski i Mądry (2006) oraz Mądry i in. (2006) wykorzystali do obliczeń bogaty w statystyczne procedury język programowania R (R Development Core Team, 2007). W pracach analizowano jednoroczne serie doświadczeń przedrejestrowych

z pszenicą ozimą. Podobną do AMMI, analizę interakcyjnych składowych głównych wykonali Drzazga i Krajewski (2001) za pomocą programu SERGEN (Caliński i in., 1995).

#### PODSUMOWANIE

Opisane metody statystyczne (AMMI, GGE, JREG, analiza skupień) są przydatne w analizie reakcji odmian roślin rolniczych na warunki środowiskowe, czyli agrosystemy, na podstawie danych z serii doświadczeń. Problemem może być ich mnogość, która utrudnia wybór właściwego modelu. Ów wybór staje się kwestią przyjętej filozofii, przekonania odnośnie charakteru opisywanej interakcji. Ponadto każdy z modeli ma (nieopisane w niniejszej pracy) unikalne parametry, których dobór wpływa na wynik. Dlatego przy analizie serii doświadczeń ważne jest nie tylko uwzględnienie teoretycznych właściwości modelu statystycznego, ale też wykazanej w podobnych przypadkach doświadczalnych użyteczności takiego modelu.

#### LITERATURA

- Abamu F.J., Akinsola E.A., Alluri K. 1998. Applying the AMMI models to understand genotype-by-environment (G E) interactions in rice reaction to blast disease in Africa. *Internat. J. Pest Manag.* 44: 239 — 245.
- Abdelmulla A.A., Linke W., Von Kittlitz E., Stelling D. 1999. Heterosis and inheritance of drought tolerance in faba bean *Vicia faba* L. *Plant Breeding* 118: 485 — 490.
- Adugna W., Labuschagne M.T. 2002. Genotype-environment interactions and phenotypic stability analyses of linseed in Ethiopia. *Plant Breeding* 121: 66 — 71.
- Alagarswamy G., Chandra S. 1998. Pattern analysis of international sorghum multi-environment trials for grain-yield adaptation. *Theor. Appl. Genet.* 96: 397 — 405.
- Annicchiarico P. 1997 a. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of genotype location interaction in variety trials repeated over years. *Theor. Appl. Genet.* 94: 1072 — 1077.
- Annicchiarico P. 1997 b. Joint regression vs AMMI analysis of genotype-environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica* 94: 53 — 62.
- Annicchiarico P. 2002 a. Defining adaptation strategies and yield stability targets in breeding programmes. 165–183. W Kang M.S. (Ed.) *Quantitative genetics, genomics and plant breeding*. CABI, Wallingford, UK.
- Annicchiarico P. 2002 b. Genotype-environment interactions: challenges and opportunities for plant breeding and cultivar recommendations. *FAO Plant Production and Protection Paper No. 174*. Food and Agriculture Organization, Rome.
- Annicchiarico P., Perenzin M. 1994. Adaptation patterns and definition of macro-environments for selection and recommendation of common-wheat genotypes in Italy. *Plant Breeding* 113: 197 — 205.
- Annicchiarico P., Piano E. 2005. Use of artificial environments to reproduce and exploit genotype  $\times$  location interaction for lucerne in northern Italy. *Theor. Appl. Genet.* 110: 219 — 227.
- Annicchiarico P., Bellah F., Chiari T. 2005. Defining subregions and estimating benefits for a specific-adaptation strategy by breeding programs: A case study. *Crop Sci.* 45: 1741 — 1749.
- Annicchiarico P., Bellah F., Chiari T. 2006a. Repeatable genotype $\times$ location interaction and its exploitation by conventional and GIS-based cultivar recommendation for durum wheat in Algeria. *Europ. J. Agronomy* 24: 70 — 81.
- Annicchiarico P., Russi L., Piano E., Veronesi F. 2006 b. Cultivar adaptation across Italian locations in four turfgrass species. *Crop Sci.* 46: 264 — 272.

- Atlin G. N., McRae K.B., Lu X. 2000. Genotype region interaction for two row barley yield in Canada. *Crop Sci.* 40: 1 — 6.
- Basford K. E., Cooper M. 1997. Genotype×environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. *Austr. J. Agric. Res.* 49:153 — 174.
- Becker H. C., Leon J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101:1 — 23.
- Blanche S. B., Myers G. O. 2006. Identifying Discriminating Locations for Cultivar Selection in Louisiana. *Crop Sci.* 46:946–949.
- Bradu D. Gabriel K.R. 1978. The biplot as a diagnostic tool for model of two-way tables. *Technometrics* 1978: 47 — 63.
- Brancourt-Hulmel M., Lecomte C. 2003. Effect of environmental varieties on genotype x environment interaction of winter wheat: a comparison of biadditive factorial regression to AMMI. *Crop Sci.* 43: 608 — 617.
- Brancourt-Hulmel M., Denis J.B., Biarnes-Dumoulin V. 1997. Comparison of Joint Regression, AMMI model and Factorial regression for efficiency and parsimony in plant breeding. *Materiały konferencyjne EUCARPIA sekcja biometrics in Plant Breeding* (ed. Krajewski P., Kaczmarek Z.) Poznań 1997: 81 — 86.
- Bujak H., Dopierała A., Dopierała P., Nowosad K. 2006. Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej plonu odmian żyta ozimego. *Biul. IHAR.* 240/241: 151 — 160.
- Burgueño, J., Crossa, J., Vargas, M., 2001. SAS programs for graphing GE and GGE biplots. *Biometrics and Statistics Unit, CIMMYT, Int. México.*
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1979. Analiza interakcji genotypowo-środowiskowej. Zastosowanie analizy regresji oraz analizy składowych głównych. IX Coll. *Metodol. z Agrobiom.* 5 — 28 .
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1980. Analiza jednorocznej serii ortogonalnej doświadczeń odmianowych ze szczególnym uwzględnieniem interakcji odmianowo-środowiskowej. 1. Analiza ogólna. *Biul. Oceny Odmian* 12: 67 — 81.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1983. Analiza jednorocznej serii ortogonalnej doświadczeń odmianowych ze szczególnym uwzględnieniem interakcji odmianowo-środowiskowej. 1. Analiza szczegółowa. *Biul. Oceny Odmian* 15: 39 — 60.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987 a. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. I. Theory. *Biul. Oceny Odmian* 17 — 18:7 — 33.
- Caliński T., Czajka S., Kaczmarek Z. 1987b. A model for the analysis of a series of experiments repeated at several places over a period of years. II. Example. *Biul. Oceny Odmian* 17 — 18:35 — 71.
- 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. W: Krajewski P., Kaczmarek Z (Ed), *Advances in Biometrical Genetics*, 3 — 14, Poznań.
- Cassida K. A., Muir J. P., Hussey M. A. Read J.C., Venuto B. C., Ocumpaugh W. R. 2005. Biofuel component concentrations and yields of switchgrass in South Central U.S. environments. *Crop Sci.* 45: 692.
- Ceccarelli S. 1989. Wide adaptation: How wide? *Euphytica* 40: 197 — 205.
- Ceccarelli S. 1994. Specific adaptation and breeding for marginal conditions. *Euphytica* 77: 205 — 219.
- Ceccarelli S. 1996. Adaptation to low/high input cultivation. *Euphytica* 92: 203 — 214.
- Chapman S.C., de la Vega A. J. 2002. Spatial and seasonal effects confounding interpretation of sunflower yields in Argentina. *Field Crops Research* 73: 107 — 120.
- Chapman S.C., Crossa J., Edmeades G.O. 1997. Genotype by environment effects and selection for drought tolerance in tropical maize. I. Two mode pattern analysis of yield. *Euphytica* 95: 1 — 9.
- Collaku A., Harrison S.A., Finney P.L., Van Sanford D.A. 2002. Clustering of environments of Southern Soft Red Winter Wheat Region for milling and baking quality attributes. *Crop Sci.* 42:58 — 63.
- Cooper M., Delacy I. H. 1994. Relationships among analytic methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment trials. *Theor. Appl. Genet.* 88: 561 — 572 .

- Cornelius P. L. 1993. Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model for cultivar trials. *Crop Sci.* 33: 1186 — 1193.
- Cornelius P.L., Seyedsadr M., Crossa J. 1992. Using the shifted multiplicative model to search for "separability" in crop cultivar trials. *Theor. Appl. Genet.* 84: 161 — 172.
- Crossa J. 1990. Statistical analyses of multilocation trials. *Adv. Agron.* 44: 55 — 85.
- Crossa J., Cornelius P.L. 2002. Linear-bilinear models for the analysis of genotype-environment interaction. In: Kang M.S. (Ed.), *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*, CAB International Wallingford, UK: 305 — 322.
- Crossa J., Gauch H. G., Zobel R.W. 1990. Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Analysis of Two Interaction Maize Cultivar Trials. *Crop Sci.* 30: 493 — 500 .
- Crossa J., Fox P.N., Pfeiffer W. H., Rajaram S., Gauch H.G. 1991. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. *Theor. Appl. Genet.* 81: 27 — 37.
- Crossa J., Cornelius P.L., Seyedsadr M., Byrne P. 1993. A shifted multiplicative model cluster analysis for grouping environments without genotypic rank change. *Theor. Appl. Genet.* 85: 577 — 586.
- Crossa J., Cornelius P.L., Yan W. 2002. Biplots of linear-bilinear models for studying crossover genotype x environment interaction *Crop Sci.* 42: 619 — 633.
- de la Vega A.J., Chapman S.C. 2006. Defining sunflower selection strategies for a highly heterogeneous target population of environments. *Crop Sci.* 46: 136 — 144.
- de la Vega A.J., DeLacy I.H., Chapman S.C. 2007a. Changes in agronomic traits of sunflower hybrids over 20 years of breeding in central Argentina. *Field Crops Res.* 100: 73 — 81.
- de la Vega A.J., DeLacy I.H., Chapman S.C. 2007b. Progress over 20 years of sunflower breeding in central Argentina. *Field Crops Res.* 100: 61 — 72.
- DeLacy I.H., Cooper M. 1990. Pattern analysis for the analysis of regional variety trials. In: Kang M.S. (ed.) *Genotype-by-environments interaction and plant breeding*. Louisiana State Univ., Baton Rouge, LA: 301 — 334.
- Dias C., Krzanowski W. 2003. Model selection and cross validation in additive main effect and multiplicative interaction models. *Crop Sci.* 43: 865 — 873.
- Dixon A.G.O., Ngeve J.M., Nukenine E.N. 2002. Genotypex environment effects on severity of cassava bacterial blight disease caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *Manihotis*. *European Journal of Plant Pathology* 108: 763 — 770.
- Drzazga T., Krajewski P. 2001. Zróżnicowanie środowisk pod względem stopnia interakcji w seriach doświadczeń z pszenicą ozimą. *Biul. IHAR.* 218/219: 111 — 115.
- Ebdon J. S., Gauch H.G. 2002 a. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: I. Interpretation of genotype by environment interaction. *Crop Sci.* 42: 489 — 496.
- Ebdon J. S., Gauch H. G. 2002 b. Additive main effect and multiplicative interaction analysis of national turfgrass performance trials: II. Cultivar recommendations. *Crop Sci.* 42: 497 — 506.
- Fox P.N. Rosielle A.A. 1982. Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. *Euphytica* 31: 645 — 656.
- Gabriel K. R. 1971 The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika* 58: 453 — 467.
- Gauch H. G. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44: 705 — 715.
- Gauch H. G. 1990. Full and reduced models for yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 80: 153 — 160.
- Gauch H. G. 1992. *Statistical analysis of regional yield trials. AMMI analysis of factorial designs*. Elsevier Science, New York.
- Gauch H. G. 2006. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci.* 46: 1488 — 1500.
- Gauch H. G., Furnas R.E. 1991. Statistical analysis of yield trials with MATMODEL. *Agron. J.* 83: 916 — 920.
- Gauch H. G., Zobel R. W. 1988. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theor. Appl. Genet.* 76: 1 — 10.
- Gauch H. G., Zobel R. W. 1989. Accuracy and selection success in yield trial analyses. *Theor. Appl. Genet.* 77: 473 — 481.



- Gauch H. G., Zobel R. W. 1996. AMMI analysis of yield trials, In: M.S. Kang, H.G. Gauch (Ed.) Genotype by environment interaction. CRC Press, Boca Raton: 85 — 122.
- Gauch H. G., Zobel R.W. 1997. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci.* 37: 311 — 326.
- Gauch H.G., Piepho H.P., Annicchiarico P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Sci.* 48: 866 — 889.
- Gollob H. 1968. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika* 33: 73 — 115.
- Grausgruber H., Oberforster M., Werteker M., Ruckenbauer P., Vollmann J. 2000. Stability of quality traits in Austrian-grown winter wheats. *Field Crops Res.* 66: 257 — 267.
- Hausmann B. I. G., Obilana A. B., Ayiecho P. O., Blum A., Schipprack W., Geiger H. H. 2000. Yield and yield stability of four population types of grain sorghum in a semi-arid area of Kenya. *Crop Sci.* 40: 319 — 329.
- Hernandez M., Crossa J. 2000. The AMMI analysis and graphing the biplot. *CIMMYT, Int. Mexico.*
- Hühn M., Truberg B. 2002. Contributions to the analysis of genotype x environment interactions: theoretical results of the application and comparison of clustering techniques for the stratification of field test sites. *J. Agron. Crop Sci.* 188: 65 — 72.
- Ibanez M. A., Di Renzo M.A., Samami S. S., Bonamico N. C., Poverene M. M. 2001. Genotype-environment interaction of lovegrass forage yield in the semi-arid region of Argentina. *Journal of Agricultural Science, Cambridge* 137: 329 — 336.
- Joshi A.K., Ortiz-Ferrara G., Crossa J., Singh G., Alvarado G., Bhatta M.R., Duveiller E., Sharma R.C., Pandit D.B., Siddique A.B., Das S.Y., Sharma R.N., Chand R. 2007. Associations of environments in South Asia based on spot blotch disease of wheat caused by *Cochliobolus sativus*. *Crop Sci.* 47: 1071—1081.
- Kang M.S. 1993. Simultaneous selection for yield and stability: Consequences for growers. *Agron. J.* 85: 754 — 757 .
- Kang M.S. 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Adv. in Agronomy* 62: 200 — 252.
- Kang M.S. 2002. Genotype-environment interaction: Progress and prospects. In: Kang M.S. (Ed.), *Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding*, CAB International Wallingford, UK: 221 — 243.
- Kaya Y., Akcura M., Ayranci R., Taner S. 2006. Pattern analysis of multi-environment trials in bread wheat. *Commun. Biometry and Crop Sci.* 1: 63 — 71.
- Li W., Yan Z.H., Wei Y.M. Lan X.J., Zheng Y.L. 2006. Evaluation of genotype x environment interactions in Chinese spring wheat by the AMMI model, correlation and path analysis. *J. Agronomy and Crop Science* 192: 221 — 227.
- Lillemo M., van Ginkel M., Trethowan R.M., Hernandez E., Rajaram S. 2004. Associations among international CIMMYT bread wheat yield testing locations in high rainfall areas and their implications for wheat breeding. *Crop Sci.* 44: 1163 — 1169.
- Lillemo M., van Ginkel M., Trethowan R. M., Hernandez E., Crossa J. 2005. Differential adaptation of CIMMYT bread wheat to global high temperature environments. *Crop Sci.* 45: 2443 — 2453.
- Lin C.S., Binns M.R. 1994. Concepts and methods for analyzing regional trial data for cultivar and location selection. *Plant Breeding Reviews* 12: 271 — 297.
- Link W., Schill B., von Kittlitz E. 1996. Breeding for wide adaptation in faba bean. *Euphytica* 92: 185 — 190. .
- Ma B. L., Yan W., Dwyer L. M., Frégeau-Reid J., Voldeng H.D., Dion Y., Nass H. 2004. Graphic analysis of genotype, environment, nitrogen fertilizer, and their interactions on spring wheat yield. *Agron. J.* 96: 169 — 180.
- Mathews K. L., Chapman S. C., Trethowan R., Singh R. P., Crossa J., Pfeiffer W., van Ginkel M., DeLacy I. 2006. Global adaptation of spring bread and durum wheat lines near-isogenic for major reduced height genes. *Crop Sci.* 46: 603 — 613.
- Mądry W. 2003. Analiza statystyczna miar stabilności na podstawie danych w klasyfikacji genotypy × środowiska. Część II Model mieszany Shukli i model regresji łącznej. *Coll. Biom.* 33: 207 — 220.

- Mądry W., Kang M.S. 2005. Scheffé-Caliński and Shukla models: their interpretation and usefulness in stability and adaptation analyses. *Journal of Crop Improvement* 14: 325 — 369 .
- Mądry W., Gacek E.S., Paderewski J., Gozdowski D., Drzazga T. 2011. Adaptive yield response of winter wheat cultivars across environments in Poland using combined AMMI and cluster analyses. *International Journal of Plant Production* 5.
- Mądry W., Paderewski J., Drzazga T. 2006. Ocena reakcji plonu ziarna rodów hodowlanych pszenicy ozimej na zmienne warunki środowiskowe za pomocą analizy AMMI. *Fragmenta Agronomica* 92: 130 — 143.
- McLaren C.G. 1996. Methods of data standardization used in pattern analysis and AMMI models for the analysis of international multi-environment variety trials, In: Cooper M., Hammer G.L., Eds. *Plant adaptation and crop improvement*. Wallingford, UK, CAB International.: 225 — 242.
- Mekbib F. 2003. Yield stability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. *Euphytica* 130:147-153.
- Motzo R., Giunta F., Deidda M. 2001. Factors affecting the genotype × environment interaction in spring triticale grown in a Mediterranean environment. *Euphytica* 121: 317 — 324.
- Muurinen S., Peltonen-Sainio P. 2006. Radiation-use efficiency of modern and old spring cereal cultivars and its response to nitrogen in northern growing conditions. *Field Crops Research* 96: 363 — 373.
- Nabugoomu F., Kempton R.A., Talbot M. 1999. Analysis of series of trials where varieties differ in sensitivity to locations. *J. Agric. Biol. Environ. Stat.* 4: 310 — 325.
- Nachit M. M., Nachit G., Ketata H., Gauch H. G., Zobel R. W. 1992. Use of AMMI and linear regression models to analyze genotype-environment interaction in durum wheat. *Theor. Appl. Genet.* 83: 597 — 601.
- Ortiz-Monasterio J.I., Sayre K.D., Rajaram S., McMahon M. 1997. Genetic progress in wheat yield and nitrogen use efficiency under four nitrogen rates. *Crop Sci.* 37: 898 — 904.
- Pacheco R. M., Duarte J. B., Vencovsky R., Pinheiro J. B., Oliveira A. B. 2005. Use of supplementary genotypes in AMMI analysis. *Theor. Appl. Genet.* 110: 812 — 818.
- Paderewski J., Mądry W. 2006. Addytywno-multiplikatywny model AMMI do statystycznej analizy danych z serii doświadczeń genotypowych. *Coll. Biom.* 36: 125 — 148.
- Paderewski J., Mądry W., Rozbicki J. 2010. Yielding of old and modern Polish wheat cultivars under different nitrogen input as assessed by method of joint AMMI and cluster analyses. *Plant Breeding and Seed Science* 62: 117 — 136.
- Paderewski J., Gauch H.G., Mądry W., Drzazga T., Rodrigues P.C. 2011. Yield Response of Winter Wheat to Agro-Ecological Conditions Using Additive Main Effects and Multiplicative Interaction and Cluster Analysis. *Crop Sci.* 51: 969 — 980.
- Patterson H. D. 1997. Analysis of series of variety trials. In R.A. Kempton, P.N. Fox (ed.) *Statistical methods for plant variety evaluation*. Chapman and Hall, London: 139 — 161.
- Piepho H.P. 1996. Analysis of genotype by environment interaction and phenotypic stability. In: M.S. Kang, H.G. Zobel (Eds), *Genotype by environment interaction*, CRC Press, Boca Raton: 151 — 174.
- 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., van Eeuwijk F.A. 2002. Stability analyses in crop performance evaluation. In: Kang, M. [ed.]: "Crop improvement: Challenges in the twenty-first century". Food Products Press, Binghamton, New York: 307 — 342.
- Piepho H.P., Möhring J., Melchinger A. E., Büchse A. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161: 209 — 228.
- Pinnschmidt H.O., Hovmöller M.S. 2002. Genotype × environment interactions In the expression of net blotch resistance In spring and winter barley varieties. *Euphytica* 125: 227 — 243.
- Presterl T., Weltzien E. 2003. Exploiting heterosis in pearl millet for population breeding in arid environments *Crop Sci.* 43: 767 — 776.
- R Development Core Team 2007. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3-900051-07-0, URL <http://www.R-project.org>.
- Robert N. 1997. Structuring genotype x environment interaction for quality traits in bread wheat, in two multi-location series of trials. *Euphytica* 97: 53 — 66.
- Robinson J., Jalli M. 1999. Sensitivity of resistance to net blotch in barley. *J. Phytopathol.* 147: 235 — 241.

- Rodriguez M., Rau D., Papa R., Attene G. 2008. Genotype by environment interactions in barley (*Hordeum vulgare* L.): different responses of landraces, recombinant inbred lines and varieties to Mediterranean environment. *Euphytica* Vol. 163, No 2: 231 — 247.
- Roozeboom K. L., Schapaugh W. T., Tuinstra M. R., Vanderlip R.L., Milliken G. A. 2008. Testing wheat in variable environments: genotype, environment, interaction effects, and grouping test locations. *Crop Sci.* 48: 317 — 330.
- Samonte S. O., Wilson L. T., McClung A. M., Medley J. C. 2005. Targeting cultivars onto rice growing environments using AMMI and SREG GGE biplot analyses. *Crop Sci.* 45: 2414 — 2424.
- SAS Institute. 2001. SAS system for Windows. v. 8.2. SAS Inst., Cary, NC.
- Sharma R. C., Ortiz-Ferrara G., Crossa J., Bhatta M. R., Sufian M.A., Shoran J., Joshi A. K., Chand R. Singh G., Ortiz R. 2007. Wheat grain yield and stability assessed through regional trials in the Eastern Gangetic Plains of South Asia. *Euphytica* 157: 457 — 464.
- Sinebo W. 2005. Trade off between yield increase and yield stability in three decades of barley breeding in a tropical highland environment. *Field Crops Research* 92: 35 — 52.
- Sivapalan S., O'Brien L., Ortiz-Ferrera 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.
- Tollenaar M., Lee E. A. 2002. Yield potential, yield stability and stress tolerance in maize. *Field Crops Research* 75: 161 — 170.
- Trethowan R. M., van Ginkel M., Rajaram S. 2002. Progress in breeding wheat for yield and adaptation in global drought affected environments. *Crop Sci.* 42: 1441 — 1446.
- Trethowan R. M., van Ginkel M., Ammar K., Crossa J., Payne T. S., Cukadar B., Rajaram S., Hernandez E. 2003. Associations among twenty years of international bread wheat yield evaluation environments. *Crop Sci.* 43: 1698 — 1711.
- Truberg B., Hühn M. 2002. Contributions to the analysis of genotype  $\times$  environment interactions: Experimental results of the application and comparison of clustering techniques for the stratification of field test sites. *J. Agron. Crop Sci.* 188: 113 — 122.
- van Eeuwijk F.A., Keizer L.C.E., Bakker J.J. 1995. Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: II. An application to data from the Dutch Maize variety trials. *Euphytica* 84: 9 — 22.
- Vargas M., Crossa J., van Eeuwijk F., Sayre K.D., Reynolds M.P. 2001. Interpreting treatment  $\times$  environment interaction in agronomy trials. *Agron. J.* 93:949 — 960.
- Viele K., Srinivasan C. 2000. Parsimonious estimation of multiplicative interaction in analysis of variance using Kullback Leibler Information. *J. Stat. Plan. Inf.* 84: 201 — 219.
- Voltas J., Romagosa I., Lafarga A., Armesto A.P., Sombrero A., Araus J.L. 1999. Genotype by environment interaction for grain yield and carbon isotope discrimination of barley in Mediterranean Spain. *Australian Journal of Agricultural Research* 50: 1263 — 1271.
- Wade L.J., McLaren C.G., Quintana L., Harnpichitvitaya D., Rajatasereekul S., Sarawgi A.K., Kumar A., Ahmed H.U., Sarwoto, Singh A.K., Rodriguez R., Siopongco J, Sarkarung S. 1999. Genotype by environment interactions across diverse rainfed lowland rice environments. *Field Crop Reserch* 64: 35 — 50.
- Wamatu J.N., Thomas E. 2002. The influence of genotype-environment interaction on the grain yields of 10 pigeonpea cultivars grown in Kenya. *J. Agron. Crop Sci.* 188: 25 — 33.
- Wamatu J. N., Thomas E., Piepho H.P. 2003. Responses of different Arabica coffee (*Coffea arabica* L.) clones to varied environmental conditions. *Euphytica* 129: 175 — 182.
- Weber R., Zalewski D., Kotecki A., Kaczmarek J. 2007. Ocena przydatności punktów doświadczalnych do prowadzenia PDO na Dolnym Śląsku. *Biul. IHAR* 245: 5 — 16.
- Williams W. T. 1976. Pattern analysis in agricultural science. Elsevier, Amsterdam.
- Worku M., Bänziger M., Schulte Erley G., Friesen D., Diallo A.O. Horst W.J. 2007. Nitrogen uptake and utilization in contrasting nitrogen efficient tropical maize hybrids. *Crop Sci.* 47: 519 — 528 .
- Yan W., Frégeau-Reid J. 2008. Breeding line selection based on multiple traits. *Crop Sci.* 48: 417 — 423.
- Yan W., Hunt L.A. 2001. Interpretation of genotype  $\times$  environment interaction for winter wheat yield in Ontario. *Crop Sci.* 41: 19 — 25.

- Yan W., Kang M.S. 2003. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press, Boca Raton, FL.
- Yan W., Tinker N.A. 2005. An Integrated Biplot Analysis System for Displaying, Interpreting, and Exploring Genotype  $\times$  Environment Interaction. *Crop Sci.* 45: 1004 — 1016.
- Yan W., Hunt L.A., Sheng Q., Szlanics Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.* 40: 597 — 605.
- Yan W., Kang M.S., Ma B., Woods S., Cornelius P.L. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci.* 47: 643 — 653.
- Yau S.K., Ortiz-Ferrara G., Srivastava J.P. 1991. Classification of diverse bread wheat-growing environments based on differential yield responses. *Crop Sci.* 31: 571 — 576.
- Zhang Y., He Z., Zhang A., van Ginkel M., Ye G. 2006a. Pattern analysis on grain yield of Chinese and CIMMYT spring wheat cultivars grown in China and CIMMYT. *Euphytica* 147: 409 — 420.
- Zhang Y., He Z., Zhang A., van Ginkel M., Pena R.J., Ye G. 2006b. Pattern analysis on protein properties of Chinese and CIMMYT spring wheat cultivars sown in China and CIMMYT. *Australian Journal of Agricultural Research* 57: 811 — 822.
- Zieliński A., Jankowski P., Mądry W. 2005. Biplot typu GGE jako narzędzie do graficznej analizy danych z serii doświadczeń odmianowych. *Coll. Biom.* 35: 207 — 224.
- Zobel R.W., Wright M.J., Gauch H.G. 1988. Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80:388 — 393.