

Crop Variety Trials

Data Management and Analysis

农作物品种试验数据 管理与分析

[加]Weikai Yan 著

许乃银 金石桥 译

中国农业科学技术出版社

China Agricultural Science and Technology Press

WILEY

S338
3

Crop Variety Trials

Data Management and Analysis

农作物品种试验数据 管理与分析

[加]Weikai Yan 著
许乃银 金石桥 译



中国农业科学技术出版社
China Agricultural Science and Technology Press

WILEY

图书在版编目 (CIP) 数据

农作物品种试验数据管理与分析 / (加) 严威凯著; 许乃银, 金石桥译.
—北京: 中国农业科学技术出版社, 2015. 6

ISBN 978 - 7 - 5116 - 2354 - 6

I. ①农… II. ①严…②许…③金… III. ①作物 - 品种试验 - 数据管理
IV. ①S338

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2015) 第 264509 号

Crop Variety Trials Data Management and Analysis by Weikai Yan,

ISBN: 978 - 1 - 118 - 68864 - 9

Copyright © 2014 by John Wiley & Sons, Inc.

All Rights Reserved. This translation published under license.

未经许可, 不得以任何手段和形式复制或抄袭本书内容。

本书封底贴有 Wiley 防伪标签, 无标签者不得销售。

责任编辑 贺可香

责任校对 贾海霞

出版者 中国农业科学技术出版社

北京市中关村南大街 12 号 邮编: 100081

电话 (010) 82109704 (发行部) (010) 82106638 (编辑室)

(010) 82109709 (读者服务部)

传真 (010) 82106650

网址 <http://www.castp.cn>

经销者 各地新华书店

印刷者 北京华正印刷有限公司

开本 787 mm × 1 092 mm 1/16

印张 22.25

字数 580 千字

版次 2015 年 6 月第 1 版 2015 年 6 月第 1 次印刷

定价 98.00 元

To my Mom, and in memory of my Dad, Professor Hong-zhang Zhao, and Professor Donald H. Wallace.

Weikai Yan

译者序

农作物品种区域试验是鉴定和评价新品种的丰产性、稳定性、适应性的主要技术手段，是品种选育与推广应用的桥梁。世界上绝大多数国家都开展官方或有官方背景的品种区域试验，不断为生产筛选出优良品种，推动品种更新换代，保障生产用种安全。农作物品种区域试验中，试验布局、试验设计、结果评价是保证试验效率的关键方面，而布局是否合理、设计是否科学、评价是否可靠，都依赖于试验数据的采集、分析或验证。因此，试验数据的管理与分析是农作物品种区域试验的重要内容。

鉴于农作物品种区域试验中普遍存在基因型与环境的交互作用，试验人员应当掌握和利用作物基因型主效及基因型与环境的互作效应模型，进行品种生态区划分、试验环境选择和品种综合评价，从而进一步提高品种区域试验的效率。农作物品种稳定性和适应性评价的模型和技术随着科学技术的进步不断推陈出新。在区域试验数据分析的实践中先后使用过多种互作效应分析方法，其中应用较多有线性回归法、Tai 模型方法、Shukla 互作方差分解法、高稳系数法和 AMMI 模型等方法。由于作物品种区域试验中与品种评价相关的变异来源包括基因型主效和基因型与环境互作效应，而 AMMI 模型等方法只能抽象地分析互作效应，不能对基因型主效和互作效应同时分析，因而也不能用于试点评价和品种生态区划分，实用性较差。近年来，在加拿大、美国和欧盟的一些国家的玉米、小麦、大豆、棉花、燕麦、高粱、向日葵和甘蔗品种区域试验数据分析中开始使用更先进的 GGE 双标图方法，同时考虑了基因型主效和基因型与环境互作效应，被认为是对 AMMI 模型的重大改良，能更直观高效地评价和展示品种与环境的互作关系，可以广泛地应用于区域试验中的试点评价、品种评价和品种生态区划分，是目前分析区域试验基因型和环境互作效应最先进的统计方法。目前，GGE 双标图在国内虽然还没有在区域试验中广泛应用，但已经进行了较好的探索和研究。其中，金石桥等分析了 GGE 双标图在我国农作物品种区域试验中应用的必要性和可行性，基于纤维长度选择探索了棉花品种生态区划分方案，研究了正确使用 GGE 双标图提高区域试验效率的途径。许乃银等以长江流域国家棉花区域试验的皮棉产量、纤维长度、比强度、马克隆值和综合选择指数等性状为例系统研究了 GGE 双标图在长江流域棉花区试中的品种评价、试验环境评价和品种生态区划分等方面的应用效果。另外，罗俊等将 GGE 双标图应用于甘蔗区域试验的试验环境评价及品种生态区划分，常磊等探索了 GGE 双标图在我国旱地春小麦稳产性分析中的应用，张志芬等用 GGE 双标图分析燕麦区域试验品系产量稳定性及试点代表性，尚毅等用 GGE 双标图分析了南方冬大麦区域试验数据，梁黔云等探索了 GGE 双标图在玉米品种区域实验中的应用，陈志厚用 GGE 双标图分析了抗寒烤烟品种的区域试验数据，等等。相关研究表明，GGE 双标图能从试验点、性状、环境等方面对品种区域试验进行多层次、多角度的分析，不仅能客观准确地评价试验品

种，还能分析研究试验的布局与设计。

本书的原著以区域试验和育种的实际数据为例，深入浅出地介绍了 GGE 双标图分析的统计原理和图形解释方法，系统地阐述了 GGE 双标图分析在单点品种试验、一年多点品种试验和多年多点品种试验数据分析中的应用，同时还介绍了与品种试验相关的空间或田间趋势分析、品种试验的关系数据库系统构建与应用和作物品种试验设计方法，最后还详细说明了 GGE 双标图软件（www.ggebiplot.com）的应用方法。该书于 2014 年 8 月由 WILEY 出版，体现了作者在 GGE 双标图方面最新的研究成果，对我国多环境品种试验数据分析有较高的参考价值，为作物区域试验、育种、栽培和生产环节的科技人员提供了一本实用性较强的参考书。虽然本书侧重介绍了 GGE 双标图方法在品种试验数据分析中的应用，但是该方法可以更广泛地应用于基于多环境表型数据的 QTL 鉴别、双列杂交试验的杂交组合选配等双向表型数据分析。

为便于农作物品种区域试验人员、育种人员、农业院校师生学习或了解 GGE 双标图技术，我们翻译了该书，原著作者对译稿进行非常认真的审校。由于译者水平有限，翻译不当之处，欢迎读者批评指正。

在本书的翻译和出版过程中得到了全国农业技术推广服务中心推广研究员谷铁城先生的热情鼓励和帮助，江苏省农业科学院经作所李健同志参加了校对工作，在此谨致以衷心的感谢。

译者

2015 年 8 月

原 序

作物品种试验是农业应用领域里最有价值的稳定资助项目。无论经济发展水平和财政预算状况如何，作物品种试验在各主要农作物产区里每年都在开展。育种家依靠品种试验选育优良品种；农民依赖品种试验选用合适的作物品种。农产品加工企业依赖品种试验来决定在什么地方由什么品种生产的粮食或其他产品作为加工原料。

作物品种试验的直接收获就是数据，而最终收获是获得关于目标区域、试点和参试品种的信息，从而为目标区域选择适宜的品种制定正确的决策。数据分析就是从数据中提取有用信息并得出结论的过程。

虽然统计学家提出了许多新的先进的数据分析方法，但是大多数从事品种试验的研究人员实际应用的数据分析方法却非常简单。在大多数品种试验系统中，品种试验的年度报告仅限于以下几方面。①各单点试验（试点）的基因型—性状两向表，包括各性状的试点平均值、标准误差和最小显著差异等汇总性统计量。②各性状绝对值的基因型—试点两向表。③各性状相当于试验点平均值或某对照品种的的基因型—试点两向表。采用相对数值是一个进步，这样就可以消除环境主效应，并进行多点试验资料汇总。④基因型在所有试点和（或）亚区中的平均值。这是品种试验数据分析的另一个进步。这种方法得出的在一个区域或亚区的基因型值，可以消除整个区域或亚区中所有的基因型与试点的互作效应。性状的基因型值可以用于基因型排序，也是基因型选择和品种推荐的依据。⑤除了本年度的基因型平均值外，有些报告在可能的情况下还包括最近 2 ~ 5 年的基因型平均值。由于多年试验数据的基因型平均值消除了基因型 × 年份互作效应和基因型 × 试点 × 年份互作效应，因此基于多年数据的基因型排序应当更加可靠。

这些简单的数据汇总和分析方法看起来简单却非常有效，全世界各种作物的品种选育和作物生产的持续进步就是很好的例证。但是，品种试验数据分析也许可以通过回答下面几个问题得以改善。第一，在总结所有试点数据时，假定了这些试点所代表的目标区域中不存在可重复的基因型与试点互作效应（GL）。这是否属实？在总结亚区内的所有试点数据时，假设了存在着可重复的基因型与亚区互作，同时亚区内也不存在可重复的 GL。这些是否属实？如果对其中任何一个问题的回答是“不属实”或“不确定”，那么这种数据汇总方法就可能不是最佳方法，应该进行改良。回答这些问题的过程就是“品种生态区分析”。第二，在基因型多点多年平均值的计算过程中，假设了所有试点对目标品种生态区具有同等的代表性并包含同等的基因型信息量。这些是否属实？如果对其中任何一个问题的回答是“不属实”或“不确定”，那么数据汇总方法可能同样不是最佳的，也应该进行改良。对这些问题的回答过程就是“试点评价”。第三，两个基因型在整个目标区域中的平均值排序相同，但其特殊适应性或稳定性可能差异很大。这就是在品种试验数据分析中很流行的“稳定性分析”问题。在过去 50 年中提出了许多

稳定性指标，但没有一个指标能被研究人员广泛接受和应用。这是因为研究人员受到这些指标的困惑多于启发。在这方面需要有一个确切的指导，以提高基因型评价和品种推荐的精确度和准确度。第四，基因型的选择已经不局限于产量等单个性状，同样需要考虑品质等其他性状；而理想的性状之间通常又很遗憾地表现为不理想的相关性。基于负相关的性状进行基因型综合评价是一项棘手的任务，因此大多数品种试验报告都没有涉及这个问题。然而，这个问题无法回避，必须在必要的工具和方法的帮助下做出抉择。第五，品种试验数据分析和决策制定不仅受制于相关的知识，还受制于实用的、有针对性、直观、简便易用并经得起实践检验的软件。尽管有许多综合性功能强大的软件包可以用于品种试验数据分析，但这些软件更适合于专业的统计人员使用，而不太适合于一线的植物育种和农艺研究人员使用。尽管统计学家和育种家也努力尝试进行密切合作，但他们之间总是因为知识背景和研究兴趣的差异而存在鸿沟。

本书正是为填补这个鸿沟而著的，可以帮助从事作物品种试验的研究人员回答和解决品种试验设计、试验实施、数据管理、数据分析和制定决策方面的各种问题。本书以多年多点品种试验框架下的遗传力定义为开篇内容，而这也是品种试验和作物改良的理论基础。遗传力是衡量品种试验对品种评价有效性的指标。品种试验从设计、实施到数据分析的所有具体措施都围绕着一个共同的目标，那就是提高品种试验的遗传力，从而可以为目标环境高效地鉴别出优良的品种（第1章）。品种试验数据分为3个层次：单点试验、一年多点试验和多年多点试验。品种试验数据需要的分析技术包括方差分析、方差组分分析、线性相关和多元回归等传统分析方法，以及图视化方法尤其是双标图分析方法（第2章）。

最初由 Gabriel (1971) 提出的双标图分析，经由我们以“GGE 双标图”为名义的一些后续工作（Yan 等，2000；Yan，2001；Yan 和 Kang，2003），目前已经成为品种试验数据分析中的流行方法。双标图分析是一种强大的数据图视化工具，可以用图视方式阐明包括上述问题在内的许多实际研究问题。然而，在许多文献中对双标图的使用常不恰当或不充分。由于双标图分析对大多数农业研究人员来说还是一项新的技术，同时它的功能和作用仍然在不断地探索和开发之中，这种现象也是可以理解的。因此，双标图分析的原理、常见问题，以及双标图分析中常见的错误占了本书的很大篇幅（第3~6章）。结合双标图分析和传统的统计可在不同层次的试验数据分析中以解决下列问题：单点试验数据的空间或田间趋势分析（第7章）、基于一年和多年试验数据的品种生态区分析（第8章和第12章）、基于一年或多年试验数据的试点评价（第8章和第13章）、基于一年或多年试验数据的基因型评价（第8章和第14章），以及基于多性状的基因型评价和决策（第9章）。另外，第10章举例说明了双标图分析在研究不同环境中性状间相关的应用，这种方法可以扩展到基于多环境表型数据的 QTL 鉴别。第11章阐明了双标图分析在研究试点与性状模式方面的应用，这也是双标图分析的一种新应用，可为加工商鉴别出适宜的试点或区域作为原料基地，这些区域生产的产品正好能符合其对原料品质特征的需求。

第15章介绍了用于多年多点品种试验数据存储、管理和应用的关联性数据库系统。第16章阐述了一些作物品种试验和育种圃的试验设计工具。大多数双标图分析和传统

的统计分析，以及数据管理与试验设计都是利用 GGEbiplot 软件 ([www. GGEbiplot. com](http://www.GGEbiplot.com)) 完成的，所以在最后一章（第 17 章）对 GGEbiplot 软件的模块与功能进行了系统而简明的介绍。作为一名作物育种家和该软件的开发者，我在育种工作的试验设计、数据管理、数据分析和决策制定等各个环节，都在使用这个软件。由于该软件的高效和简便易操作让我节省了大量的时间，除了主持一项很有成效的燕麦育种项目外，还有时间撰写研究论文，并为许多科学期刊编辑与审阅稿件。

我是以一位有经验的植物育种者身份来撰写这本书的。书中解决的所有问题都是在我自己育种工作中遇到的实际问题。事实上，由于我的育种目标区域是加拿大东部，这本书中使用的示例数据大多数来自加拿大东部或整个加拿大的实际燕麦品种试验数据。选择燕麦数据为例主要是出于方便的考虑，同时也能保证内容切题、方法有效、结论具有专业意义并具有可验证性。因此，这本书是写给实施和分析品种试验的植物育种家、农艺学家以及相关的统计学家。我希望育种家和农艺学家会发现这本书在阐明作物品种试验的理论体系和整体蓝图方面，在解决不同层次和类型的试验设计、数据管理和数据分析方面，以及在明确一些长期混淆的基因型 $\times$ 环境互作数据分析和稳定性分析等方面都是非常有帮助的。我也希望统计学家会发现这本书有助于他们了解植物育种家和农艺学家面临的实际需要解决的问题，从而从统计学的角度提供更加切实有效的帮助。这本书也是写给植物育种、遗传学、农学和应用统计学等专业领域研究生的，以便他们更好地成为未来的植物育种家、农学家和农业统计学家。

Weikai Yan

2014 年 8 月于渥太华

目 录

第1章 作物品种试验的理论基础	(1)
1.1 多年多点品种试验的遗传力	(2)
1.2 提高作物品种试验效率的方法探讨	(4)
1.2.1 提高遗传方差分量的比率	(4)
1.2.2 增加试验年份	(4)
1.2.3 增加试验点数量	(5)
1.2.4 增加单点试验的重复次数	(5)
1.2.5 减少试验误差	(5)
1.2.6 利用可重复的基因型与试点互作效应	(6)
1.3 遗传力的各种类型与解释	(6)
1.3.1 无重复的多年多点品种试验中数据	(6)
1.3.2 一年多点试验数据	(6)
1.3.3 多年单点试验数据	(7)
1.3.4 单点试验数据	(7)
1.4 基因型—环境数据的遗传力估计	(8)
1.4.1 有重复的基因型—环境数据的遗传力估计	(8)
1.4.2 基因型—环境的平均值两向表	(10)
1.4.3 无重复品种试验的基因型—环境两向表	(11)
1.4.4 基于多年有重复试验的基因型—试点平均值两向表	(11)
1.5 遗传力和目标区域的亚区划分	(11)
1.5.1 遗传力和方差分量分析	(11)
1.5.2 遗传力和目标区域亚区划分	(12)
1.5.3 如何划分目标区域	(13)
1.5.4 不同目标区域的整合	(13)
1.6 以各基因型的遗传力为收敛因子	(14)
1.7 方差分量和遗传力估计	(14)
1.7.1 均方、期望均方和方差分量	(14)
1.7.2 遗传力估计实例	(15)
1.8 总结	(19)
第2章 品种试验数据和分析方法综述	(21)
2.1 品种试验数据的层次	(21)
2.1.1 品种试验数据的3个层次	(21)

2.1.2	性状的3种类型	(21)
2.1.3	品种试验数据分析的层次	(22)
2.2	单点试验数据和分析	(22)
2.2.1	单点试验数据	(22)
2.2.2	数据分析的目标	(22)
2.2.3	数据分析途径与技术	(22)
2.3	一年试验数据和分析	(23)
2.3.1	一年多点试验数据	(23)
2.3.2	数据分析的目标	(24)
2.3.3	方法与技术	(24)
2.4	多年试验数据和分析	(25)
2.4.1	多年品种试验数据	(25)
2.4.2	数据分析的目的	(25)
2.4.3	方法与技术	(25)
2.5	多性状决策	(26)
2.5.1	数据分析的目的	(26)
2.5.2	方法与技术	(27)
第3章	双标图分析介绍	(28)
3.1	双标图与矩阵乘法	(29)
3.2	基于双标图内积特征的各种视图	(31)
3.2.1	矩阵元素的符号和数值展示	(31)
3.2.2	在行内对诸列排序	(32)
3.2.3	列内对诸行排序	(32)
3.2.4	两行比较	(32)
3.2.5	两列比较	(34)
3.2.6	找出各列中数值最大的行	(34)
3.2.7	找出各行中数值最大的列	(35)
3.3	从两向数据构建双标图的步骤	(36)
3.3.1	奇异值分解和主成分分析	(36)
3.3.2	奇异值分配	(39)
3.3.3	重新定标后的行和列得分	(40)
3.3.4	双标图的垂直或水平翻转	(41)
3.3.5	双标图的旋转	(43)
3.3.6	行和列得分与双标图模式	(43)
3.4	双标图分析的应用	(44)
第4章	双标图分析的数据中心化	(45)
4.1	数据中心化的5种类型	(46)

4.1.1	未中心化数据	(46)
4.1.2	总均值中心化数据	(47)
4.1.3	环境中心化数据	(48)
4.1.4	双向中心化数据	(50)
4.1.5	基因型中心化数据	(51)
4.2	各种双标图对基因型评价的适用性	(53)
4.2.1	基于未中心化数据的双标图	(53)
4.2.2	基于总均值中心化数据的双标图	(54)
4.2.3	基于环境中心化数据的双标图	(54)
4.2.4	双向中心化数据的双标图	(55)
4.2.5	基于基因型中心化的双标图	(55)
4.2.6	GGE 双标图是唯一适用于基因型评价的双标图	(55)
4.3	不同双标图对试验环境评价的适用性	(56)
4.3.1	基于未中心化数据的双标图	(56)
4.3.2	基于总均值中心化数据的双标图	(56)
4.3.3	基于环境中心化数据的双标图	(57)
4.3.4	基于双向中心化数据的双标图	(57)
4.4	GGE 双标图的特性	(59)
4.4.1	“G + GE” 是数量遗传学的基本概念	(59)
4.4.2	基因型间的 GGE 距离等同于其欧氏距离	(60)
4.4.3	环境向量的长度与其标准差成比例	(60)
4.4.4	环境向量夹角的余弦值近似于其相关系数	(61)
4.5	其他类型双标图的应用	(61)
4.5.1	用基于未中心化数据的双标图研究 QTL 效应与环境的互作	(62)
4.5.2	基因表达数据的 GE 双标图分析	(63)
4.5.3	EGE 双标图应用于适宜生产区域的筛选	(65)
4.6	不同数据中心化双标图的生成	(65)
4.6.1	方差分析表	(65)
4.6.2	基于不同数据中心化方法的双标图生成	(65)
4.6.3	基于基因型中心化数据生成 EGE 双标图	(66)
4.6.4	双标图的“谁赢在哪里”功能图	(66)
4.6.5	双标图的环境向量功能图	(66)
4.6.6	试验环境间相关分析	(66)
4.6.7	在双标图中剔除敏感度差的基因	(66)
第 5 章	GGE 双标图分析的数据定标和权重分配	(67)
5.1	间接选择理论与 GGE 双标图在评价试验环境上的联系	(67)
5.2	作物品种试验的统计特征参数	(69)
5.3	GGE 双标图分析的数据定标方法	(70)

5.3.1	未定标的 GGE 双标图	(70)
5.3.2	SD 定标的 GGE 双标图	(71)
5.3.3	SE 定标的 GGE 双标图	(72)
5.3.4	SD 定标和 h 加权的 GGE 双标图	(72)
5.3.5	h 加权的 GGE 双标图	(73)
5.3.6	环境均值定标和 h 加权的 GGE 双标图	(73)
5.3.7	环境最大值定标和 h 加权的 GGE 双标图	(75)
5.4	基于因子分析的 GGE 双标图	(76)
5.5	GGE 双标图分析的适宜数据定标方法	(77)
5.5.1	适用于试验环境评价的定标方法	(77)
5.5.2	适合于基因型评价的定标方法	(78)
5.6	双标图分析中如何进行数据定标	(79)
第 6 章	双标图分析的常见问题	(80)
6.1	常见问题解答	(80)
6.1.1	PC1 和 PC2 代表什么?	(80)
6.1.2	PC1 和 PC2 的单位是什么?	(81)
6.1.3	双标图分析前需要做什么准备?	(81)
6.1.4	双标图可以充分展示两向表中的模式吗?	(81)
6.1.5	如果只需要第一个主成分怎么办?	(82)
6.1.6	如果双标图未充分展示数据怎么办?	(82)
6.1.7	如果数据集中有缺值怎么办?	(86)
6.1.8	双标图中两个基因型间的差异在统计学上显著吗?	(87)
6.1.9	两个环境间的相关性在统计学上显著吗?	(90)
6.1.10	双标图中的互作模式在统计学上显著吗?	(91)
6.1.11	GGE 双标图和 AMMI “双标图”: 哪个更好?	(91)
6.1.12	FA 双标图优于 GGE 双标图吗?	(93)
6.2	双标图解释中的常见错误	(94)
6.2.1	“PC1 得分代表基因型主效应”	(94)
6.2.2	“GGE 双标图可以展示基因型间的相关性”	(94)
6.2.3	“GGE 双标图展示基因型—环境的相关性”	(94)
6.2.4	双标图中未标注数据中心化和定标方法	(94)
6.2.5	双标图不按比例绘制	(95)
6.2.6	基于多年平均的基因型与试点两向表的 GGL 双标图	(95)
6.2.7	基于 PC1 和 PC2 以外的主成分构建的双标图	(95)
6.2.8	“GE 双标图可以与 GGE 双标图作类似的解释”	(95)
第 7 章	单点试验数据分析	(96)
7.1	单点试验数据分析的目的与步骤	(96)

7.2	品种试验的鉴别力和精确度	(97)
7.3	检查和纠正人为误差	(99)
7.3.1	使用简单的遗传性状检测人为误差	(99)
7.3.2	用基因型—重复双标图检查数据的录入错误	(99)
7.3.3	用基因型—重复双标图检查其他人为错误	(100)
7.4	用空间分析校正田间趋势和差异	(101)
7.4.1	通过田间设计和空间分析控制田间差异	(101)
7.4.2	空间分析模型	(102)
7.4.3	实例分析一：2008 年加拿大魁北克省普林斯维尔试点的燕麦品种 试验	(104)
7.4.4	实例分析二：2011 年安大略省渥太华点的燕麦品种试验	(110)
7.4.5	实例分析三：不需要空间校正的数据集	(112)
7.4.6	实例分析四：空间校正不能改良的数据集	(114)
7.5	单点试验分析小结	(115)
7.6	单点试验数据分析的操作	(116)
7.6.1	用 GGEbiplot 软件分析单点试验数据	(116)
7.6.2	如何生成关于基因型与重复的双标图	(116)
7.6.3	GGEbiplot 的方差分析和空间分析功能	(118)
7.6.4	如何分析基于设计的试验数据	(120)
7.6.5	如何进行空间变异校正	(120)
7.6.6	如何生成两个变量的散点图	(120)
7.6.7	如何生成多性状双标图	(121)
第 8 章	基因型—环境两向表数据分析	(122)
8.1	单年试验基因型—环境数据分析的目的	(122)
8.2	分析高遗传力性状以检查人为错误	(124)
8.3	单点试验的基本统计量	(127)
8.4	多点试验联合方差分析	(128)
8.5	品种生态区划分	(129)
8.5.1	GGE 双标图的试点向量功能图	(130)
8.5.2	GGE 双标图的“谁赢在哪里”功能图	(131)
8.6	基因型评价	(133)
8.6.1	广适性基因型鉴别	(133)
8.6.2	鉴别特殊适应性品种	(138)
8.7	试点评价	(142)
8.7.1	一套试点的筛选	(142)
8.7.2	核心试点的筛选	(143)
8.7.3	试点评价应在品种生态区内进行	(144)
8.8	试点的数目：太多还是太少？	(147)

8.9 如何实施双标图分析和传统的数据分析 (148)

8.9.1 用 GGE 双标图读取数据形成双标图的步骤 (148)

8.9.2 生成 GGE 双标图的“环境向量”功能图 (150)

8.9.3 GGE 双标图“谁赢在哪里”功能图的产生 (150)

8.9.4 GGE 双标图“丰产性与不稳定性”功能图的生成 (150)

8.9.5 GGE 双标图“理想品种”功能图的生成 (151)

8.9.6 GGE 双标图“代表性与鉴别力”功能图的生成 (151)

8.9.7 GGE 双标图“理想试点”功能图的生成 (151)

8.9.8 关于两个变量的散点图的生成 (151)

8.9.9 如何估计最适试点数目 (152)

第 9 章 基因型—性状数据分析与决策 (153)

9.1 “基因型—性状”双标图模型 (154)

9.2 单点试验“基因型—性状”数据的双标图分析 (154)

9.3 整套试验的基因型—性状数据的双标图分析 (158)

9.4 基于品种生态区内多点试验基因型—性状均值的双标图 (159)

9.4.1 北部品种生态区试点的基因型—性状双标图 (159)

9.4.2 南部品种生态区试点的基因型—性状双标图 (162)

9.5 基于多性状的基因型评价 (164)

9.5.1 多性状选择的三大策略 (164)

9.5.2 基于单性状淘汰的指数选择：北部品种生态区 (165)

9.5.3 基于单性状淘汰的指数选择：南部品种生态区 (168)

9.6 基于基因型—性状数据配制新杂交组合 (170)

9.7 “基因型—性状”数据分析的操作方法 (171)

9.7.1 如何生成“基因型—性状”双标图 (171)

9.7.2 如何应用“单性状淘汰后的指数选择”策略 (172)

9.7.3 如何基于基因型—性状数据规划新组合配制？ (176)

9.7.4 如何决定育种目标的权重？ (177)

第 10 章 性状关联与环境两向表数据分析 (178)

10.1 利用 ABE 双标图分析不同环境中性状间的相关性 (178)

10.2 利用 ABE 双标图分析不同环境中目标性状与解释性状的相关性 (183)

10.3 利用 QQE 双标图分析不同环境中分子标记与性状的相关性 (184)

10.4 如何生成 ABE 双标图 (186)

10.4.1 如何生成 I 型 ABE 双标图？ (186)

10.4.2 如何生成 II 型 ABE 双标图？ (187)

10.4.3 如何生成 QQE 双标图？ (188)

第 11 章 试点与性状两向表数据分析 (189)

11.1 基于所有基因型的试点—性状数据 (189)

11.2 基于单个基因型的试点—性状数据	(192)
11.3 可重复的性状间环境相关	(194)
11.4 如何实现这些分析?	(195)
第12章 多年试验数据的品种生态区分析	(197)
12.1 什么是品种生态区?	(197)
12.2 利用多年数据分析品种生态区的策略	(198)
12.3 第一种方法:逐年分析,多年总结	(199)
12.3.1 2008年的试点分组	(199)
12.3.2 2009年的试点分组	(201)
12.3.3 2010年的试点分组	(202)
12.3.4 2011年的试点分组	(203)
12.3.5 对试点分组模式的多年总结	(205)
12.4 第二种方法:多年数据同步分析	(205)
12.5 品种生态区分析和目标区域分类	(207)
12.5.1 I型:目标环境由多个品种生态区组成	(207)
12.5.2 II型:目标环境为单一的简单品种生态区	(207)
12.5.3 III型:目标环境为单一的决定于GY的复杂品种生态区	(208)
12.5.4 IV型:目标环境为单一的决定于GLY的复杂品种生态区	(208)
12.5.5 V型:目标环境的GE是可变的	(208)
12.5.6 品种生态区的大小与复杂性	(208)
12.6 品种生态区分析中的常见问题	(209)
12.6.1 品种生态区分析的两种方法哪一个最好?	(209)
12.6.2 双标图的哪种功能图最适用于品种生态区划分?	(209)
12.6.3 每年都需要进行品种生态区分析吗?	(209)
12.6.4 品种试验应当在品种生态区内还是跨品种生态区实施?	(210)
12.6.5 一个基因型有可能适应于多个品种生态区吗?	(210)
12.6.6 可靠的品种生态区分析需要多少年的数据?	(210)
12.6.7 联合方差分析能告诉我们什么?	(210)
12.6.8 如何验证品种生态区划分的有效性?	(211)
12.6.9 “谁赢在哪里”模式和“谁输在哪里”模式	(211)
12.6.10 基因型评价可以使用其他品种生态区的数据吗?	(211)
12.7 如何实现品种生态区分析?	(212)
12.7.1 基于多年数据生成单年GGL双标图	(213)
12.7.2 基于多年数据生成GGE双标图	(214)
12.7.3 生成GGE双标图“谁输在哪里”功能图	(214)
12.8 基于GGL+GGE的品种生态区分析	(215)
12.8.1 基于多年数据生成GGL+GGE双标图	(215)
12.8.2 用GGS+GGE双标图概括GGE双标图中的基因型与亚区互作	

模式	(216)
第 13 章 基于多年品种试验数据的试验点评价	(218)
13.1 与试点评价相关的概念、定义和术语	(218)
13.1.1 目标环境的总体 (PTE)	(218)
13.1.2 平均环境和平均环境轴	(219)
13.1.3 试验环境或试点的代表性	(219)
13.1.4 试验环境或试点的鉴别力	(219)
13.1.5 代表性和鉴别力的综合指数	(219)
13.1.6 用于选择基因型主效的理想试点	(220)
13.1.7 用于剔除不稳定基因型的试验点	(220)
13.1.8 应当淘汰的试验点	(220)
13.1.9 代表性和特异性	(220)
13.2 基于 GGE 双标图的试验点评价	(221)
13.2.1 显示试验环境代表性和鉴别力的 GGE 双标图功能图	(222)
13.2.2 展示环境选择 G 并规避 GE 能力的双标图功能图	(224)
13.3 对北部品种生态区中单个试验点的评价	(225)
13.3.1 NB (哈特兰, 新不伦瑞克省)	(226)
13.3.2 ON1 (新利斯卡德, 安大略省)	(226)
13.3.3 PE (哈灵顿, 爱德华王子岛)	(226)
13.3.4 QC1 (诺曼丁, 魁北克省)	(228)
13.3.5 QC4 (普林斯维尔, 魁北克)	(228)
13.4 南部品种生态区中单个试验点的评价	(229)
13.4.1 ON2 (伊根维尔, 安大略省)	(233)
13.4.2 ON3 (渥太华, 安大略省)	(233)
13.4.3 ON4 (帕墨斯顿, 安大略省)	(234)
13.4.4 ON5 (圣玛丽斯, 安大略省)	(235)
13.4.5 ON6 (奈恩, 安大略省)	(236)
13.5 试验点评价的操作方法	(237)
13.5.1 统计参数的生成	(237)
13.5.2 GGE 双标图之代表性和鉴别力功能图的生成	(238)
13.5.3 突出单个试点的 GGE 双标图的生成	(238)
13.5.4 “格式” 菜单中的其他功能	(239)
13.5.5 用符号标记基因型	(239)
第 14 章 基于多年品种试验数据的基因型评价	(242)
14.1 利用当年数据进行基因型评价	(243)
14.1.1 北部品种生态区	(243)
14.1.2 南部品种生态区	(248)