

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.01805



## 双标图分析在农作物品种多点试验中的应用

严威凯

Eastern Cereal and Oilseed Research Centre (ECORC), Agriculture and Agri-Food Canada (AAFC), Neatby Building, 960 Carling Ave., Ottawa, Ontario, Canada, K1A 0C6

**摘要:** 双标图分析越来越多地被用于直观分析农作物品种多点试验数据和其他类型的两向数据。这种方法深受植物育种家和农业研究人员的推崇,认为它可以提高研究者理解和驾驭试验数据的能力;但也受到一些学者的批评,认为它是统计分析方面的旁门左道。事实上,学术界对什么是双标图的认识尚存混乱,一些双标图的使用者并不总能正确地选择和解释双标图,一些双标图的批评者对双标图分析及其研究对象也缺乏深入了解。为使研究者对双标图分析有一个客观全面的认识,本文就用双标图分析农作物品种多点试验中的几个问题进行阐述:(1)如何针对特定的研究目的选择适当的双标图;(2)如何选择适当的 GGE 双标图来分析多点试验数据;(3)如何使用 GGE 双标图的不同功能形态进行品种评价、试验点评价和品种生态区划分;(4)如何判断双标图是否充分表现试验数据中的规律;(5)如何检验双标图显示的结果是否显著。

**关键词:** 双标图; 品种-环境互作; 品种评价; 试验点评价; 品种生态区划分

## Optimal Use of Biplots in Analysis of Multi-Location Variety Test Data

YAN Wei-Kai

Eastern Cereal and Oilseed Research Centre (ECORC), Agriculture and Agri-Food Canada (AAFC), Neatby Building, 960 Carling Ave., Ottawa, Ontario, Canada, K1A 0C6

**Abstract:** Biplot analysis has been increasingly used in visual analysis of genotype-by-environment data and other types of two-way data. While many plant breeders and agricultural researchers are enthusiastic about the capacity of biplot analysis in helping them to understand their research data, some statisticians consider the use of biplots as a sidetrack to genotype-by-environment interaction analyses. Confusion also exists among statisticians on what is or is not a biplot. Admittedly, some users of biplot analysis are not always clear on how to select a proper type of biplot for a particular research objective and how to interpret a biplot correctly, accurately, and adequately. Some criticisms of biplot analysis may arise from incomplete understanding of the practitioners' research problems as well as of the biplot methodology. In this review, I summarize the experiences and understanding in biplot analysis of genotype-by-environment data achieved during the last decade and discuss the following issues: (1) how to choose a proper biplot; (2) how to choose a proper GGE (genotype + genotype-by-environment interaction) biplot; (3) how to use the key functions of a GGE biplot for genotype evaluation, test-environment evaluation, and mega-environment delineation; (4) how to judge the adequacy of a 2-D biplot; and (5) how to test the statistical significance of a biplot pattern.

**Keywords:** Biplot; Genotype-by-environment interaction; Genotype evaluation; Test-environment evaluation; Mega-environment delineation

### 1 问题的提出

#### 1.1 多点试验数据分析的三大目标

农作物多点试验(或区域试验)是最基础、最常用的农业试验。每年、每个省区市、每个育种单位及种子公司都要对各种作物进行品种多点试验,为品种的选育、审定和推荐提供依据。多点试验之所

以必要是因为品种与环境之间存在着相互作用(GE),即品种的排名因环境或试验点的不同而变化。由于同一原因,多点试验数据的分析也成为植物育种和品种推广的重要组成部分。多点试验数据通常包括多个性状(产量、品质、病虫害抗性、农艺性状等)的数据,本文中以产量数据为例。

在早期的品种-环境两向数据分析中,多把GE当作一个干扰因素,因为其主要目的是选育受GE影响较小的稳产品种。许多旨在避免GE的“稳定性”指标应运而生<sup>[1]</sup>。稍后,人们认识到一些品种与地点的互作在年际间可重复出现,因此是可以利用的<sup>[2]</sup>。为此, Gauch和Zobel<sup>[3]</sup>提出了按G和GE划分品种生态区(mega-environment)的概念和方法,目的是把目标环境分为不同的品种生态区,通过在不同的生态区内选育和部署不同的品种,把GE中可重复的部分利用起来,从而提高作物的总体生产力。再后来,人们认识到,多点试验数据不但可以用来评价品种,而且也是评价和选择适合于品种鉴定的试验点或环境的宝贵资料,由此确立了多点试验数据分析的三大目标,即品种评价、试验点评价和品种生态区划分<sup>[4-8]</sup>。从方法论的角度,划分品种生态区应在第一顺位,因为所谓优良品种和理想试验点都是针对特定品种生态区而言的<sup>[8]</sup>。

## 1.2 双标图分析简史与现状

“一图胜千言”。为帮助认识和理解多点试验数据,人们提出了多种图解方法。其中最著名的是Finlay和Wilkinson<sup>[9]</sup>的联合回归图, Gauch和Zobel等<sup>[3,10]</sup>创立的AMMI(加性主效应和积性互作效应)组图,和笔者等<sup>[4-8]</sup>创立的GGE双标图分析系统。AMMI分析问世后,联合回归图的使用越来越少。GGE双标图问世后,AMMI分析也逐渐被取代,尽管对于AMMI和GGE双标图孰优孰劣尚有争论<sup>[8,10-11]</sup>。

双标图(biplot)最初由Gabriel<sup>[12]</sup>提出,用来图解主成分分析(PCA)或特征值分解(SVD)两向数据表所得出的结果。“双标图”的字面意思,是指把两向表中每个行的名称(如品种名)和每个列的名称(如地点名)都标在同一个图上。与其他图解法相比,双标图有一个独特的“内积原理”。即双向表中的每一个数值(元素)都可从图上直观得出,因为它近似等于该数据所在行的向量长度、所在列的向量长度及行向量和列向量间夹角的余弦三者之积。由于这一特性,任意两向表或矩阵,只要能为一个2-D(二维)矩阵所近似,就可以用一个2-D双标图来同时直观分析各行之间的关系、各列之间的关系和行与列之间的交互关系。这在品种-环境两向数据的分析上分别对应于品种之间的相似性、试验点之间的相关性和品种与试验点之间的相互作用,即品种的一般适应性和特殊适应性。因此,正确使用双标图可能同时实现上述品种多点试验数据分析的三大目标。其他图解

法,包括AMMI组图<sup>[10]</sup>都不具备这个特性。

Bradu和Gabriel<sup>[13]</sup>最早把双标图用于分析农作物(棉花, *Gossypium* sp.)品种-环境两向数据。Kempton<sup>[14]</sup>首次把它用于分析小麦(*Triticum aestivum*)品种与环境的相互作用。Kroonenberg<sup>[15]</sup>以农业研究人员为对象写了一个系统介绍双标图分析的小册子,其主要内容稍后被收入<sup>[16]</sup>。“biplot”一词最早出现在美国农学会的杂志上,是由1988年Zobel等<sup>[17]</sup>介绍AMMI时提出。“GGE Biplot”一词由笔者等首次提出<sup>[18]</sup>。此后,“biplot”便越来越多地出现于这些杂志中(图1)。在中国,“biplot”一词首先由王磊等<sup>[19]</sup>在介绍AMMI分析时引入并被译为“双标图”。笔者等<sup>[20]</sup>在介绍GGE双标图时把“biplot”译为“叠图”,但“双标图”似乎更为贴切并已得到广泛认可。随着有关双标图文章的大量涌现,双标图分析越来越成为育种工作者和农业研究人员必不可少数据分析工具。

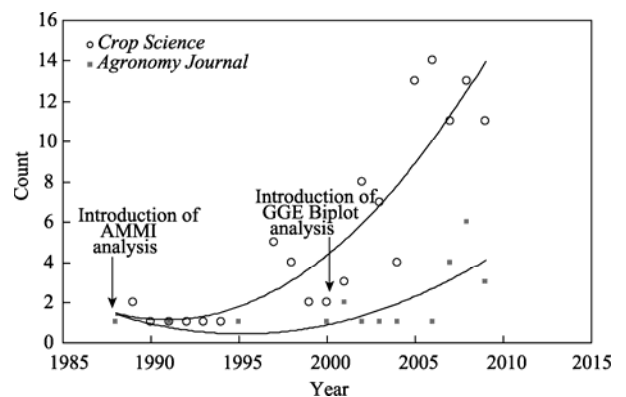


图1 含有“双标图”的文章在美国农学会杂志上逐年出现的次数

Fig. 1 Number of publications by year in the journals of *Crop Science* and *Agronomy Journal*

虽然许多育种工作者和农业研究人员对双标图在数据分析中的独到作用极为推崇,但也有一些学者把它视为旁门左道<sup>[21]</sup>。的确,关于双标图分析尚存许多模糊看法。诸如,学者之间对于某个图是不是双标图尚有争议<sup>[8,10]</sup>;双标图分析的使用者不一定总能正确地选择和确切地解释双标图;双标图分析的批评者未必对双标图分析的原理和实际应用有透彻了解。为了帮助研究者正确有效地使用双标图分析,使之在育种和农业研究中发挥最大作用,有必要对相关问题加以澄清。本文的目的是总结笔者近十年来在双标图分析上的探索,就双标图分析的若干问题进行梳理,以供以中文为第一语言的研究者参考。这些问题包括以下几个方面:(1)如何选择

适当的双标图(GGE双标图为其中一种), (2)如何选择适当的GGE双标图, (3)如何使用同一GGE双标图的4种重要功能形态, (4)如何判断2-D双标图是否充分表现数据中的规律, 和(5)如何对双标图上显示的关系作出统计检验。

## 2 如何建立双标图

进行双标图分析, 首先要将待分析的两向表数据进行特征值分解(Singular Value Decomposition, SVD)。特征值分解是进行主成分分析(Principal Component Analysis, PCA)的一个必要过程, 因而有时也被当作主成分分析的同义词<sup>[17]</sup>。特征值分解可从两个不同的角度来理解。其一, 它将两向数据分解为 $K$ 个由大到小排列的主成分(PC),  $K = (g-1, e)$ , 式中 $g$ 是数据中的行数,  $e$ 是列数。每一个主成分由3个部分组成, 即描述各行之间关系的行特征向量(eigenvalues), 描述各列之间关系的列特征向量, 和描述该主成分大小的特征值或奇异值(singular values)。解释变异最多的主成分叫第一主成分或PC1, 第二多的主成分叫第二主成分或PC2, 依此类推。从另一个角度, 主成分分析把两向数据分解为描述行之间关系的 $K$ 个行特征向量, 描述列之间关系的 $K$ 个列特征向量, 和表现各主成分(PC)大小的 $K$ 个特征值3个部分。

在主成分分析中, 通常用PC1的列向量和PC2的列向量作成关于列的2-D散点图, 来研究各列(如不同环境)之间的关系。偶尔, 也有用PC1的行向量和PC2的行向量作成关于行的2-D散点图, 来研究各行(如不同品种)之间关系的。若把这两种散点图相叠于同一个图上, 就成了类似双标图的散点图。我们说“类似”, 是因为这个图并不具有真正双标图的全部功能。

要做出真正意义上的双标图, 还有一个必要的步骤。就是通过适当的比例, 将每个主成分的特征值分配到相应主成分的行特征向量和列特征向量之间, 形成描写行之间关系的行PC值和描写列之间关系的列PC值。这个过程被称为特征值分配(Singular-Value Partitioning, SVP)。把特征值全部分配到行上叫以行为主的SVP, 适用于认识行之间的关系; 把特征值全部分配到列上叫以列为主的SVP, 适用于认识列之间的关系<sup>[22]</sup>。经过适当的特征值分配以后, 在同一个图上用行的PC1值对PC2值作关于行的散点图, 用列的PC1值对PC2值作关于列的

散点图, 就成了一个具有完全功能的2-D双标图。特征值分解、特征值分配、建立双标图以及在双标图上加上必要的辅助线, 都是较复杂繁琐的过程。所幸, 现在已有专门进行双标图分析的计算机软件包, 如“GGEbiplot”<sup>[4,6]</sup>(<http://www.ggebiplot.com/>)。很多著名的统计软件包, 如SAS、GENSTAT、SPSS等, 也可以进行双标图分析, 只是友好性较差。这些工具使得双标图分析变得十分简便。因此分析者应注重理解双标图分析的原理和功能, 不必拘泥于具体的计算过程。

## 3 5种可能的双标图

从多点试验得到的产量(或其他性状)结果可以整理成一个品种-地点两向表。其中每一个数值是相应品种在相应试验点内各重复的平均值。在数量遗传和生物统计上, 这个值被称为表现型(P), 按照线性统计模型,  $P = M + E + G + GE$ ; 式中 $M$ 代表多点试验产量的总平均值,  $E$ 代表环境主效应,  $G$ 代表品种主效益,  $GE$ 代表品种-环境互作效应。其中只有 $G$ 和 $GE$ 都带个“G”字, 因而与品种评价有关<sup>[23]</sup>。

通过数据中心化(data-centering), 可从数据中移除 $M$ 、 $E$ 和/或 $G$ 。从两向表的每个数据减去多点试验总平均值将去掉 $M$ , 形成一个总均值中心化的两向表。从两向表的每个数据减去相应环境下的平均值将去掉 $M$ 和 $E$ , 形成一个环境中心化的两向表。从两向表的每个数据减去相应品种的平均值将去掉 $M$ 和 $G$ , 形成一个品种中心化的两向表。从两向表的每个数据减去相应环境的平均值及相应品种的平均值后再加回一个总平均值, 将去掉 $M$ 、 $E$ 和 $G$ , 形成一个双向中心化的两向表。用不同中心化所形成的两向表, 可构建不同的双标图。这些双标图所含信息不同, 解释和用途也不同, 简述如下。

### 3.1 未中心化的双标图

基于原始的、未中心化的数据建立的双标图含有 $M$ 、 $E$ 、 $G$ 和 $GE$ 。 $M$ 和 $E$ 不含对品种评价或环境评价有用的信息, 但其存在通常会掩盖其他信息。因此双标图的创始人Gabriel<sup>[12]</sup>力戒使用这种双标图。但是, 当总平均值接近于0时, 这种双标图有一个独特的优点, 即它所近似显示的是原始的绝对数据(而非中心化后的相对数据)。Yan和Tinker<sup>[24]</sup>把这一特性用于直观研究QTL(数量性状位点)与环境的相互作用。

### 3.2 总均值中心化的双标图

这是Gabriel<sup>[12]</sup>提出双标图时所指的类型。对于多点试验数据,这种双标图含E、G和GE。由于E与品种评价无关且通常数倍于G和GE,致使对品种评价至关重要的G和GE被掩盖。所以,这种双标图不能用于品种评价。

### 3.3 环境中心化的双标图

这种双标图只含与品种评价有关的G和GE,而不含与品种评价无关的其他效应,因此称为“GGE双标图”<sup>[18]</sup>。值得强调的是,多点试验数据分析有两个重要原则:(1)只有G和GE与品种评价有关<sup>[23]</sup>;(2)评价品种时必须对G和GE同时考虑<sup>[8]</sup>。因此GGE双标图是分析多点试验数据最适当的双标图。GGE双标图不仅适用于品种评价,而且适用于试验环境(试验点)评价和品种生态区划分<sup>[8,18]</sup>。当把所有特征值都分配至环境特征向量时,GGE双标图有一个独特的性质,即任两环境间夹角之余弦近似等于该两环境间的遗传相关系数。这个特性被称为“余弦-相关系数等值原理”<sup>[15]</sup>;它是用双标图评价试验点的重要基础。正确而充分地使用GGE双标图是本文的主要目的。

### 3.4 品种中心化的双标图

基于品种中心化的双标图只含有E和GE。E大

而无用;G有用却被排除在外。因此这种双标图不能用于品种评价、试验环境(地点)评价或品种生态区划分。但是,这种双标图或许对以土壤或地点为主要研究对象的研究者有用。

### 3.5 双向中心化的双标图

基于双向中心化数据的双标图只含GE,因此应称之为“GE双标图”。在AMMI分析中,也被称为AMMI2双标图<sup>[10]</sup>。如果研究的焦点是GE(如文献[14]),这种双标图无疑是最合适的。但是,由于它不含G,所以不能用于品种评价、试验环境评价或品种生态区划分。事实上,使用GE双标图常会误导品种评价,因为一个与某环境有正向互作的品种不一定在这个环境下高产,反之亦然。有些文章专注于对GE的研究(例如文献[25])。这类研究或许对认识GE的成因有所帮助,但如何把这种认识用于对品种和试验地点的评价尚有疑义。应当指出的是,GE双标图特别适合于直观分析基因表达(gene expression)数据<sup>[26]</sup>,因为这类研究的焦点是各个基因在不同条件下表达的相对水平而不是其绝对水平。

综上所述,对于一套多点试验数据,按数据中心化方法的不同,可以建立5种不同类型的双标图(表1)。其中只有GGE双标图可以用于品种评价、试验点评价和品种生态区划分。

表1 不同类型双标图的用途比较  
Table 1 Five different types of biplots and their usefulness in genotype-by-environment data analysis

双标图类型 Type of Biplot	未中心化的双标图 Un-centered	总均值中心化的双标图 Grand mean-centered	环境中心化的双标图 Environment-centered	品种中心化的双标图 Genotype-centered	双向中心化的双标图 Double-centered
常见称谓			GGE 双标图		GE 双标图; AMMI2 双标图
涉及效应在品种和试验环境评价上的用途	E+G+GE 及总均值 无用,因G和GE通常被掩盖	E+G+GE 无用,因G和GE通常被掩盖	G+GE 有用	E+GE 无用,因不含G	GE 无用,因不含G
其他用途	分析 QTL-环境互作数据		分析品种-性状两向表及其他多元数据		分析基因表达数据
两环境间夹角之余弦的生物学解释			环境间的遗传相关系数		

## 4 GGE 双标图的 4 种重要功能图型

一个GGE双标图建立后,可以从很多不同的角度进行分析,以直观回答不同的问题<sup>[6-7]</sup>。这里简介4种最常用的功能形态或功能图型,即“哪个赢在哪里”(“Which-Won-Where” View)(图2)、“环境间关系”(“Environmental Vector” View)(图3),试验点的

“区分力和代表性”(“Discriminating Ability vs. Representativeness” View)(图4),和品种的“高产性和稳产性”(“Mean vs. Stability” View)(图5)。这些功能图专为解决多点试验数据分析中的三大问题,即品种生态区划分、品种评价和试验点评价而设计。它们虽然表现为不同的形态,其实都是由同一个GGE双标图加上不同的辅助线而成。本文中的双标图以表2中的

数据为例; 它是 1993 年加拿大安大略省冬小麦区域试验的产量数据, 包括 18 个冬小麦品种(g1 至 g18)和 9 个试验点(E1 至 E9)。数据是经过环境中心化的, 所以

在同一环境内, 大于 0 表示高于平均产量, 小于 0 表示低于平均产量。这套数据曾被作为例子在笔者<sup>[4,6-8]</sup>及一些批评者的文章<sup>[10,21]</sup>中讨论过。

表 2 18 个冬小麦品种(g1 至 g18)在 9 个安大略试验点上的平均产量  
Table 2 Location-centered mean yield of 18 winter wheat genotypes (g1 to g18) at nine Ontario test locations (t hm<sup>-2</sup>)

品种 Genotype	试验点 Test location									平均 Mean
	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8	E9	
g1	0.10	-0.29	-0.29	-0.41	0.26	-0.61	0.11	-0.32	-0.23	-0.19
g2	0.05	0.33	-0.23	0.01	0.02	0.09	0.72	0.03	0.04	0.12
g3	0.31	0.14	-0.04	-0.04	0.39	-0.04	0.49	-0.46	-0.28	0.05
g4	0.37	0.31	0.24	0.41	0.54	0.28	-0.01	0.53	0.55	0.36
g5	0.03	0.17	0.37	0.35	0.09	0.36	0.91	-0.26	-0.07	0.22
g6	0.82	0.04	-0.15	0.28	0.90	-0.02	-0.25	-0.09	-0.12	0.16
g7	-0.99	-0.26	-0.40	-0.34	-0.34	-0.79	-0.08	-0.30	-0.87	-0.48
g8	0.49	0.23	1.29	0.46	-0.15	0.77	-0.07	0.70	0.67	0.49
g9	0.68	0.30	0.37	-0.06	0.28	-0.20	0.74	0.15	-0.04	0.25
g10	0.83	0.22	0.46	0.26	0.25	0.29	-0.34	0.09	0.40	0.27
g11	-0.07	0.09	-0.38	-0.07	0.46	0.19	0.62	-0.22	0.25	0.10
g12	-1.21	-1.40	-0.75	-1.15	-1.45	-0.80	-0.85	-0.29	-0.80	-0.97
g13	-0.26	-0.56	-0.84	0.22	-1.13	0.09	-1.64	0.60	-0.01	-0.39
g14	-1.02	-0.58	-0.72	-0.71	-1.05	0.03	-0.96	-0.44	-0.34	-0.64
g15	0.01	0.26	0.52	0.10	0.51	0.08	-0.31	-0.15	0.03	0.12
g16	0.58	0.26	-0.19	0.40	0.38	0.27	0.06	-0.06	0.13	0.20
g17	-0.58	0.53	0.24	-0.14	-0.91	0.24	0.08	0.50	0.48	0.05
g18	-0.13	0.22	0.47	0.42	0.96	-0.23	0.78	0	0.21	0.30
标准差 SD	0.60	0.45	0.53	0.42	0.69	0.40	0.66	0.35	0.40	

表中数据是环境中心化后的数据。数据来源: 1993 年安大略冬小麦区域试验。  
Data from the 1993 Ontario Winter Wheat Performance trails.

#### 4.1 “哪个赢在哪里”功能图

图 2 的功能是按照品种-环境的相互关系来对试验点分组并揭示各组内最高产的品种<sup>[18]</sup>。图中的多边形由连接同一方向上距离原点最远的品种而成; 它把所有品种都框在其内。由原点发出的射线是对多边形各边的垂线。比如, 图中射线 1 是对连接品种 g8 和 g18 的那条边的垂线。射线 2 是对连接品种 g18 和 g7 的那条边的垂线, 余类推。这些垂线把整个双标图分成几个扇形区, 并由此把试验点分为不同的组。9 个试验点被分为两组, E5 和 E7 为一组, 其他 7 个试验点为另一组。这种功能图有一个有趣而重要的特性, 各区内位于多边形顶角上的品种恰好是本区内各环境下名义上最高产的品种。本例中, 品种 g18 在试验点 E5 和 E7 最高产, 是“赢家”, 品种 g8 在另 7 个试验点最高产, 是“赢家”。这种环境分组与各试验点地气候条件相吻合: E5 和 E7 位于安大

略省东部, 冬季较长, 气候较冷; 其他地点(E1 除外)则位于安大略省西南部, 冬季较短, 气候较温和。E1 亦属东部, 但位于圣劳伦斯河边, 因而气候较 E5 和 E7 温和。由于气候条件的不同, 适应于两个地区的冬小麦品种也不同, 形成了不同的品种生态区。图 2 所展示的最高产品种因地区而异的现象称为交叉性互作(crossover GE)。它的存在是划分品种生态区的重要依据<sup>[3]</sup>。

#### 4.2 “环境间关系”功能图

图 3 可用于直观分析各试验点之间在品种评价上的相似性。图中连接原点和各环境的直线称为“向量”。向量的长度和向量间的夹角都有生物学上的解释。两环境向量间夹角的余弦近似于它们之间的遗传相关系数。夹角小于 90°表示正相关, 大于 90°表示负相关, 接近 90°表示无相关。正相关说明两环境对品种的排序相似; 负相关说明两环境对品

种的排序相左。本图中，多数环境之间存在正相关；许多环境之间存在紧密正相关，如在E1、E2、E3和E4之间。少数环境之间存在微弱负相关，如在E7和E8之间。无相关或负相关意味着可能存在不同品种生态区。紧密正相关则意味着有一些试验点可能是重复设置的；去掉一些试验点可以减少试验成本而不影响对品种的评价。这一特性被用以选择在加拿大东部选育燕麦品种所必要的试验点<sup>[27]</sup>。

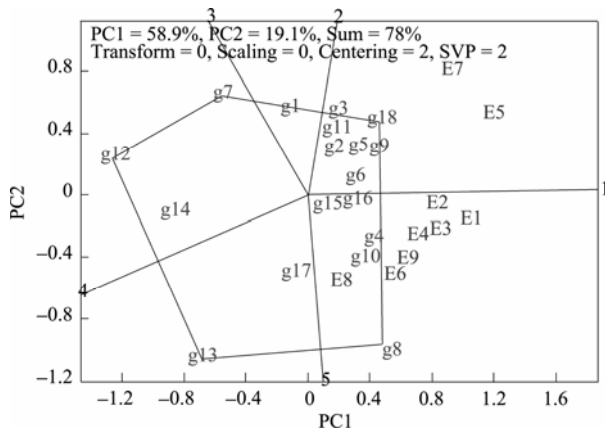


图 2 GGE 双标图的“哪个赢在哪里”功能形态

Fig. 2 Which-won-where view of the GGE biplot

此图是基于环境-中心化的(Centering = 2)、未定标的(Scaling = 0)的品种-环境双向表。采用聚焦环境的特征值分配方法(SVP = 2)。品种以 g1 至 g18 表示，环境以 E1 至 E9 表示。

The biplot is based on environment-centered (Centering = 2) and un-scaled data (Scaling = 0), using environment-focused singular value partitioning (SVP = 2) method. The genotypes are from g1 to g18 and the environments are from E1 to E9.

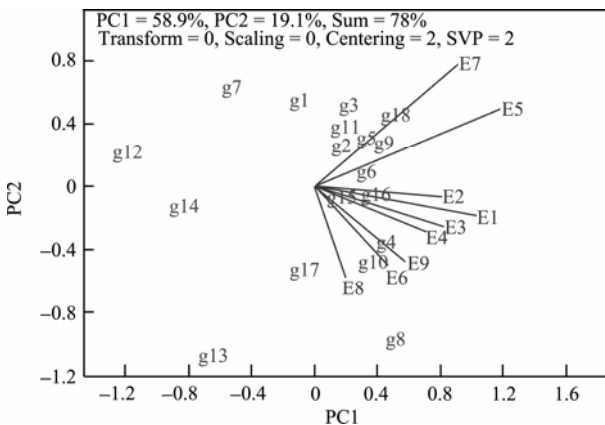


图 3 GGE 双标图的“环境间相关性”功能形态

Fig. 3 Environmental vector view of the GGE biplot

此图基于环境-中心化的(Centering = 2)、未定标的(Scaling = 0)的品种-环境双向表。采用聚焦环境的特征值分配方法(SVP = 2)。

品种以 g1 至 g18 表示，环境以 E1 至 E9 表示。

The biplot is based on environment-centered (Centering = 2) and un-scaled (standardized) data (Scaling = 0), using environment-focused singular value partitioning (SVP = 2) method. The genotypes are from g1 to g18 and the environments are from E1 to E9.

环境向量的长度是试验点对品种区分能力的度量。图 3 中，东部地点(E5 和 E7)看起来比其他地点有较强的区分能力。对 GGE 双标图上环境向量长度的解释因数数据定标方法不同而异，详见“不同类型的 GGE 双标图”一节。

### 4.3 “区分力和代表性”功能图

理想的试验地点应当具备两个条件，一是对参试品种有较强的区分能力，二是对目标生态区有较强的代表性。GGE双标图之“区分力和代表性”功能图(图 4)专为直观评价试验点的这两个方面而设计<sup>[4]</sup>。它在图 3 的基础上加了一个“平均环境轴”。图中的小圆圈代表“平均环境”。它的位置取决于各试验环境坐标的平均值。我们用这个平均环境来代表目标环境。带箭头的直线通过双标图的原点和平均环境，称为平均环境向量或平均环境轴(Average Environment Axis或AEA)。如上所述，各试验点向量的长度是其区分能力的度量。而试验点向量与平均环境向量的角度是其对目标环境的代表性的度量。角度越小，代表性越强。角度越大，代表性越弱。如果一个试验点与平均环境向量的夹角是钝角(本例中没有这样的环境)，则它不适合作为试验点。平均环境轴箭头所指方向是对试验点区分力和代表性两方面的综合评价<sup>[28]</sup>。就区分能力而言，E5 和 E7 最好。就代表性而言，E1、E2、E3、E4 最好。综合起来，E1 和 E5 最好。没有区分能力的试验点是无用的。有区

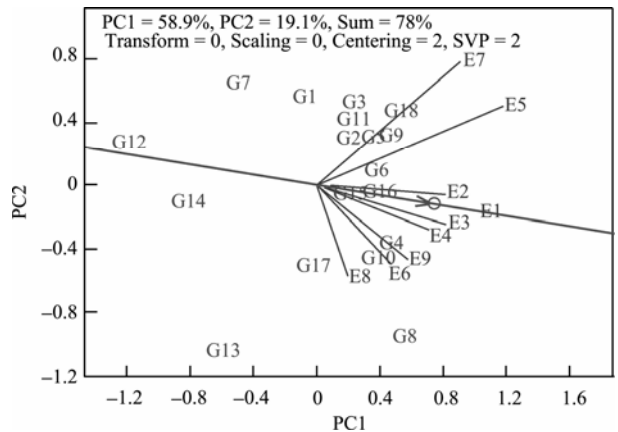


图 4 GGE 双标图的“区分力与代表性”功能形态

Fig. 4 Discrimination and representativeness view of the GGE biplot

此图基于环境-中心化的(Centering = 2)、未定标的(Scaling = 0)的品种-环境双向表。采用聚焦环境的特征值分配方法(SVP = 2)。

品种以 g1 至 g18 表示，环境以 E1 至 E9 表示。

The biplot is based on environment-centered data (Centering = 2) and is un-scaled (standardized) (Scaling = 0), using environment-focused singular value partitioning (SVP = 2) method. The genotypes are from g1 to g18 and the environments are from E1 to E9.

分能力但没有代表性的试验点可用于淘汰不稳定的品种,但不能用于选择优良品种。只有既有区分力又有代表性的试验点才能用来有效地选择高产稳产的品种。育种点的选定是育种工作成败的重要因素。

#### 4.4 “高产性和稳产性”功能图

在特定品种生态区内,理想的品种应当既高产又稳产。GGE双标图之“高产性和稳产性”功能图(图5)专为同时了解品种的高产性和稳产性而设计<sup>[4]</sup>。与图4一样,图中的小圆圈代表“平均环境”。带单箭头的直线是平均环境轴。它所指的方向是品种在所有环境下的近似平均产量。g8 平均产量最高,接着是g4、g10、g18,依此类推。产量最低的是g12,次低者依次是g14、g7、g13、g1等等。品种g17的平均产量接近试验总平均。与平均环境轴垂直并通过原点的、带有双箭头的直线代表各品种与各环境相互作用的倾向性;箭头向外指向较大的不稳定性。越偏离平均环境轴越不稳定。所以,本例中最不稳定的品种是g13。而g15、g16、g6、g4等则较稳定。其中,g4可算作一个既高产又稳产的品种。由图还可看出,g13之所以不稳定,是因为它在南部一些试验点(如E6、E8、E9)表现尚可但在东部(E5和E7在原点的另一面)表现很差。高产品种g8也不太稳定;它在西南部(E1~E4、E6、E8、E9)表现特别好但在东部(E5和E7)的产量只有中等偏下水平。由此可见,GGE双标图不但可以同时显示各品种的高产性和稳

产性,而且还保留了各品种在各环境下产量的原始信息。

应当指出,稳产性或稳定性只在与高产相结合时才有意义。比如,品种g12也可以说是“稳定的”,但它是“稳定地”低产,因此就产量而言毫无价值。那种认为g12携带有价值的“稳产基因”的观点是荒唐的;这是过去品种-环境互作研究和稳定性分析中的一个误区。还应当指出,品种评价必须针对特定的品种生态区才有意义。因此,高产性和稳产性这一功能图应当在所有试验点属于同一品种生态区时使用<sup>[8]</sup>。顺便指出,与前3个功能图(图2~图4)不同,图5是基于聚焦品种的特征值分配(SVP = 1),因为这里关注的焦点是品种。在前3个功能图中采用了聚焦环境的特征值分配(SVP = 2),因为研究的焦点是试验点。对特征值分配的选择不影响图2“哪个赢在哪里”的模式和结论<sup>[22]</sup>。

### 5 如何判断双标图是否充分体现数据中的规律

#### 5.1 “拟合度”和“信息比”

以上对双标图的解释中,有一个隐含的假设,就是所讨论的2-D双标图可以充分近似所代表的两向表数据。但是,如何知道这个假设是否满足,首先要看双标图的拟合度(Goodness of Fit),即前两个主成分(PC1和PC2)所解释的两向表中总变异的百分数。如果拟合度高,则双标图能较好地近似实际数据。本例中(图2~图5),双标图的拟合度是78%,属于中等偏好。因此,从图中所看到的关系或规律应当是接近真实的。

当拟合度较低时,双标图仍有可能很好地表现了数据中隐含的规律。假定待分析数据中有g个品种和e个环境(地点)。本例中,g = 18, e = 9。那末百分之百表现这套数据所需要的最大主成分数目是 $K = \min(g-1, e)$ 。本例中 $K = 9$ 。如果数据中品种间和环境间没有任何关系或规律,每个主成分所解释的变异应当都是总变异的1/K。如果数据中存在一些关系或规律,那么有些主成分所解释的变异的比列就会大于1/K,而其他的主成分所解释的比列则小于1/K。按此推理,Yan和Tinker<sup>[7]</sup>提出了“信息比”(IR)的概念,它是各主成分所解释总变异的份额乘以K。这样,对于一个主成分,IR > 1表示含有规律性信息,IR = 1表示含有独立性信息,IR < 1则表示不含任何规律或重要信息。对于一套数据,有几个主成分具有IR ≥ 1,

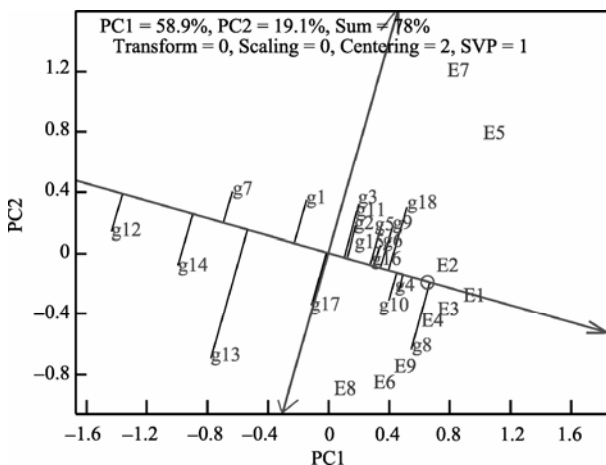


图5 GGE双标图的“高产性与稳定性”功能形态  
Fig. 5 Mean vs. stability view of the GGE biplot

此图基于环境-中心化的(Centering = 2)、未定标的(Scaling = 0)的品种-环境两向表。采用聚焦品种的特征值分配方法(SVP = 1)。

品种以g1至g18表示,环境以E1至E9表示。

The biplot is based on environment-centered data (Centering = 2) and is un-scaled (standardized) (Scaling = 0), using genotype-focused singular value partitioning (SVP = 1) method. The genotypes are from g1 to g18 and the environments are from E1 to E9.

就需要几个主成分来充分近似之。如果只需要 1 个主成分,那么双标图分析就是多余的。如果需要 2 个主成分,则 2-D 双标图足以表现数据中规律。如果需要 3 个主成分,则 2-D 双标图不足以表现数据中所有规律,但 3-D 双标图则可。如果需要 3 个以上主成分,说明数据中规律复杂但没有突出规律。以表 2 数据为例,前 6 个主成分的 IR 值列于表 3。由于只有前 2 个主成分满足  $IR > 1$ ,可以认为图 2 中的双标图充分体现了表 2 数据中的规律。第 3 个主成分(PC3)的  $IR = 0.9$ ,说明它不含重要关系。

表 3 前 6 个主成分的特征值、解释总变异的百分数及信息比  
Table 3 Singular value, proportion explained, and information ratio (IR) of the first six principal components (PC)

主成分 PC	特征值 Singular value	解释变异 Variation explained (%)	信息比 IR
1	5.0	58.9	5.3
2	2.9	19.1	1.7
3	2.1	10.0	0.9
4	1.1	2.9	0.3
5	0.9	1.8	0.2
6	0.3	0.3	0.0

### 5.2 2-D 双标图不能充分表现数据时怎么办?

经验表明,多数情况下,2-D GGE 双标图足以充分近似一年内多点试验的数据<sup>[8,18,29]</sup>。但在数据较大(同时有很多品种和很多环境)或涉及到广泛的地理分布,或把不同年份的数据放在一起分析时,情况可能不同。2-D 双标图不能充分近似数据时,可以考虑采取以下方法。

第 1 种方法是使用 3-D 双标图。无论数据中所含的规律有多复杂,数据分析的目的是得出相对简单的、可操作的结论。从这个意义上讲,3-D GGE 双标图在大多数情况下都是足够的和适用的。需要指出的是,3-D 双标图必须是动态的、旋转的。一个静止的 3-D 双标图所展示的信息量恒小于一个 2-D 双标图所含的信息量,不但无益,反而可能误导。GGEbiplot 软件包<sup>[4]</sup>具有旋转 3-D 双标图的功能;其他软件包似乎暂无此功能。

第 2 种方法是把试验点分组并分别进行研究。按照 2-D 双标图表现出的环境间关系把环境分组,然后按组分别研究,是解决数据较大、关系较复杂的有效途径。例如,按图 2 显示的关系,可把除 E5 和 E7 以外的环境拿出来单独分析<sup>[8]</sup>。当然本例不是一个最好的例子,因为图 2 已经足以概括整个数据集。一个更恰当的例子是文献<sup>[30]</sup>,其中包含了 145

个大麦基因型和 25 个试验环境,试验点横跨美国北部及加拿大且历时 3 年。

第 3 种方法是去掉数据中的低产品种。2-D 双标图不能充分表现数据中的规律多是因为数据中的 GE 关系复杂而得不到充分表现;后者又可能是因为品种主效益较强所致。在这个前提下,去掉一些在所有或多数环境下都低产的品种,可以减少双标图中 G 的分量,使较多的 GE 得以在双标图上表现,从而取得对环境更好的区分。图 6 是在去掉较低产品种 g12、g13、g14、g1、g7 和 g17 后的 GGE 双标图。由于提高了 GE/G 比,9 个地点被分成了 3 组,而不是图 2 中的两组,E7 单独为第一组,E1 和 E5 为第二组,其他 6 个地点为第 3 组。各组名义上的最高产品种分别为 g5、g6 和 g8。需要指出的是,去掉普遍低产的品种后使数据中的规律性变弱。因此,若按上面提到的信息比(IR)来判断,只含高产品种的子集反而需要比原数据更多的主成分来充分展示其品种间及环境间较弱的关系。

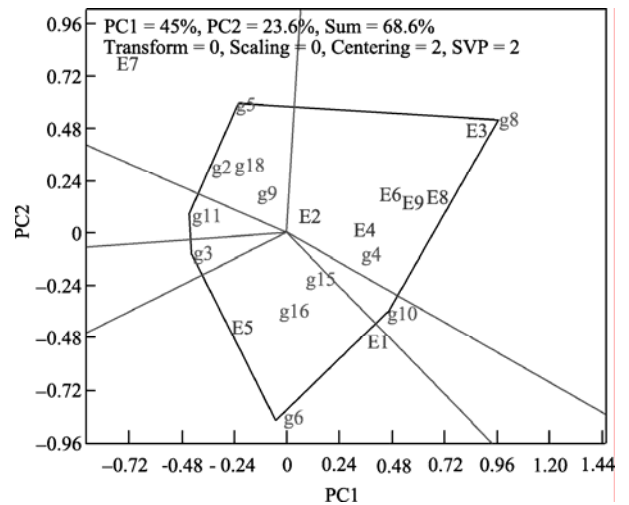


图 6 只包含较高产品种的 GGE 双标图  
Fig. 6 GGE biplot excluding some low yielding genotypes  
其他设置如图 2。All settings are the same as Figure 2.

应当强调,一个双标图即便不能展示数据中的全部关系,仍然是有用的。理由是无论数据多么复杂,2-D 或 3-D 双标图所显示的规律总是数据中最重要、易于操作的结论。为此研究者必须认识到并接受这样的事实,即许多较不重要的规律或关系必须暂时地被忽略掉。从这个意义上,双标图分析是一个对试验资料去粗取精,去枝蔓显主干的有效技术。



## 6 如何检验双标图上关系的显著性

上面所讨论是关于双标图是否充分表现数据和是否真实反映实际数据。而看到的规律在统计学上是否显著是另一个不同的问题。拟合度高说明图上显示的关系对于本套数据是真实的,但它不一定在统计上显著,反过来也一样。比如,如果数据中只有 3 个品种,那么双标图一定 100%地反映数据。但由于品种数太少,图中显示的环境间遗传相关很可能在统计上并不显著。反过来,如果有几百个品种,虽然双标图只解释了总变异的一小部分,图上显示的一些环境间关系却可能是高度显著的。

由于双标图本身没有一个判断显著性的尺度,在按照双标图做出重要决定之前需要进行统计检验。因此,原则上应当把双标图当作一个建立假说的工具而不是作出最终结论的工具<sup>[5]</sup>。当然,实际工作中,不是所有决定和行动都是按统计显著性作出的。比如,育种家通常要选择一定比例的品系作进

一步试验;种植者通常只能选用一个或少数几个品种。这种情况下,重要的是对品种按优劣排序,然后在其他性状相同的情况下取排名靠前的品种,而不是看哪个品种是否比其他品种显著地好或差。在确实需要对某个假说进行检验时,可以采用以下几种方法。

### 6.1 用原始两向表数据进行验证

图 2 揭示, g8 和 g18 与两组环境(E5 和 E7 相对于 E1-E4、E6、E8 和 E9)存在交叉性互作。这个观察可以归纳成一个可检验的假说:“g18 在安大略东部(由 E5 和 E7 代表)比 g8 高产,在安大略西南部(由其他 7 个试验点代表)则相反”。由原表抽出的数据(表 4-a)可见,的确在东部的每个试验点都是 g18 高于 g8,而在西南部的每个试验点都是 g8 高于 g18。因此,不需计算任何统计值就知道这个假说在统计上是可靠的。表 4-b 数据可用于验证图 6 的试验点分组。

表 4 由表 2 抽提出的部分数据以验证双标图所揭示的交叉互作

Table 4 Data extracted from Table 2 to test the crossover genotype-by-location interactions revealed from the biplot

a) 试验点分为 2 组 When the locations are divided into two groups											
品种 Geno- type	安大略东部 Eastern Ontario			安大略西南部及 E1 Southwestern Ontario plus E1							
	E5	E7	平均 Mean	E1	E2	E3	E4	E6	E8	E9	平均 Mean
g8	-0.15	-0.07	<b>-0.11</b>	0.49	0.23	1.29	0.46	0.77	0.70	0.67	<b>0.66</b>
g18	0.96	0.78	<b>0.87</b>	-0.13	0.22	0.47	0.42	-0.23	0.00	0.21	<b>0.14</b>

b) 试验点分为 3 组 When the test locations are divided into three groups											
品种 Genotype	安大略东部 Eastern Ontario		安大略东部 Eastern Ontario			安大略西南部 Southwestern Ontario					
	E7	E1	E5	平均 Mean	E2	E3	E4	E6	E8	E9	平均 Mean
g5	<b>0.91</b>	0.03	0.09	<b>0.06</b>	0.17	0.37	0.35	0.36	-0.26	-0.07	<b>0.15</b>
g6	<b>-0.25</b>	0.82	0.90	<b>0.86</b>	0.04	-0.15	0.28	-0.02	-0.09	-0.12	<b>-0.01</b>
g8	<b>-0.07</b>	0.49	-0.15	<b>0.17</b>	0.23	1.29	0.46	0.77	0.70	0.67	<b>0.69</b>

### 6.2 用原始重复数据进行统计检验

若有重复数据,可对假说进行更严格的统计检验。2 个品种与 2 个(组)环境的互作是 $(Y_{11} - Y_{21}) + (Y_{22} - Y_{12})$ 。其中“ $Y_{11}$ ”是品种 1 在环境 1 中的产量,“ $Y_{21}$ ”是品种 2 在环境 1 中的产量,余类推。由表 4-a 中,互作量是 $(0.66 - 0.14) + [0.87 - (-0.11)] = 1.50 \text{ t hm}^{-2}$ ,而本试验的误差是 $0.42 \text{ t hm}^{-2}$ ,误差自由度是 459。因此这个互作无疑是显著的。需要检验的交叉性互作假说是 $D_1 = Y_{11} - Y_{21} > 0$ 且 $D_2 = Y_{22} - Y_{12} > 0$ 。由表 4-a 的实际数据得出, $D_1 = 0.66 - 0.14 = 0.52$ , $D_2$

$= 0.87 - (-0.11) = 0.98$ 。检验的误差项是 $SE/\sqrt{s \times n}$ ,其中 $SE = 0.42$ , $n = 4$ 是每试验点内重复数, $s (= 7 \text{ 或 } 2)$ 是对比所涉及的试验点数。因此 $t$ 值分别为 $t_1 = D_1/SE_1 = 0.52/(0.42/\sqrt{5.29}) = 6.55$ , $t_2 = D_2/SE_2 = 0.98/(0.42/\sqrt{2.83}) = 6.60$ 。显然这些 $t$ 值都是极显著的,假说由此得证。

另一个检验双标图假说的例子是图 3 显示多数试验点有正的遗传相关(锐角),但 E5 和 E7 与 E6、E8 和 E9 则呈负相关(钝角)或无相关(接近直角)。这些关系可由环境间相关系数表(表 5)中得到验证。

表 5 不同试验点间的遗传相关系数  
Table 5 Correlation coefficients among test locations

试验点 Test location	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7	E8
E2	0.65**							
E3	0.55*	0.69**						
E4	0.75**	0.75**	0.62**					
E5	0.74**	0.66**	0.48*	0.65**				
E6	0.52*	0.61**	0.56*	0.70**	0.20			
E7	0.36	0.64**	0.46	0.32	0.64**	0.11		
E8	0.29	0.34	0.43	0.51*	-0.10	0.54*	-0.18	
E9	0.58*	0.71**	0.66**	0.72**	0.36	0.83**	0.22	0.71**

\*, \*\*: 分别在 0.05 和 0.01 概率水平上显著。

\*, \*\*: significant at the 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

### 6.3 以试验小区为基本单位作双标图进行验证

由双标图提出的假说也可由以试验小区(重复)为基本单位的双标图来验证(图 7)。图 7 中把试验点内的重复作为“环境”。如果图 2 中的交叉性互作属实,那么 g18 在 E5 和 E7 的多数重复的产量都应高于 g8,在其他试验点则相反。图 7 说明确实如此,E5 和 E7 内的所有重复都落在同一区域,以 g18(以及与其接近的 g5 和 g9 等)为赢家。其他试验点的所有重复则落在另一区域,以 g8 为赢家,且两组“环境”没有重叠。图 2 的交叉性互作由此得到印证。

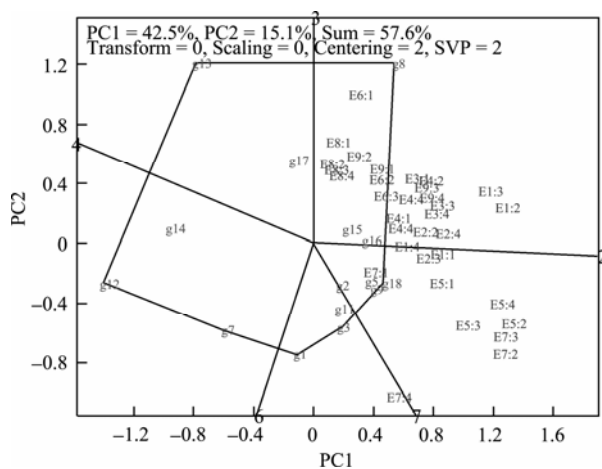


图 7 以环境内重复为基本数据的 GGE 双标图

Fig. 7 Genotype by replication-within-environment biplot  
“E1: 1”表示环境 E1 中的第一重复,余类推。

The four replications within each location are represented by the location code plus the replication code.

### 6.4 用多年数据进行验证

在作出具有长远影响的决定时,由一年数据得出的结论,不管是用双标图分析还是其他分析,都需要用多年数据来验证。用多年数据来决定一个目标地区可否分为若干品种生态区已经成为一个原则

和惯例,例如对安大略冬小麦<sup>[18]</sup>、安大略大豆<sup>[31]</sup>、阿根廷花生<sup>[32]</sup>、美国棉花<sup>[33]</sup>、加拿大东部燕麦<sup>[27]</sup>等各生态区的研究。考虑到一年内的数据多是平衡的(相同的品种出现在所有试验点),而年间数据大多不平衡,这些研究都采取“逐年分析,然后综合”的策略<sup>[16]</sup>。应当指出,相对于用多年数据相互验证,对一年内数据的统计检验变得无关紧要。

分析多年数据的另一种策略是把年份和地点的组合作为环境,从而把多年数据放在同一个 GGE 双标图上来分析。最理想的情况是各年参试品种或基因型完全相同。这在常规品种试验中几不可能,只在专门的遗传或生理研究中才会有。例如对北美大麦品种生态区的分析,用的是 145 个大麦双二倍体在北美 25 个地点-年份组合的产量数据<sup>[30]</sup>。在常规多点试验中,如果有一定数目的品种(如 10 个以上)参加了多年的试验,也可以把由这些品种组成的平衡数据抽提出来作类似分析。分析的原理是,如果品种和地点间存在可重复的交叉性互作,那么环境就会主要以地点聚类<sup>[30]</sup>。据此可以把目标地区划分为不同品种生态区,并针对性地选择特适性品种;反之,则说明 GE 是随机的,不可利用的,不能把所涉及的目标环境划分为不同的品种生态区。在这种情况下,必须选用数个(而不是一个)普适性的稳产品种。

### 6.5 一种检验双标图上交叉互作之真实性的错误方法

双标图因在直观分析品种多点试验数据以及其他两向数据上的强大功能受到育种家和农学家们的青睐,同时也招致一些学者的批评。迄今对双标图分析持最激烈否定观点的是 Yang 等<sup>[21]</sup>。他们使用一种“自拔”模拟(bootstrap simulation)的方法对表 2 数

据进行重新分析后, 认为图 2 所展示的交叉性交互是虚假的, 并由此建议: “未来 *Crop Science* 杂志或其他农业科学杂志接受有关双标图的论文时, 应以其是否对双标图进行了适当的统计学检验 (比如用“自拔”模拟) 为条件”。遗憾的是, 他们所用的方法存在严重问题, 因此得出的结论是误导的<sup>[47]</sup>。

## 7 不同类型的 GGE 双标图

前面指出, GGE 双标图是唯一适合分析品种多点试验数据的双标图。每一个双标图有 4 个重要的功能形态或图型, 分别适用于品种评价、试验点评

价和品种生态区划分。本节将进一步指出, 按照数据定标方法(data scaling)的不同, 对同一套试验数据, 可以作出几种不同类型的 GGE 双标图。数据定标是把同一环境内各品种的数值除以(或乘以)某个能够表征该环境的量(表 6), 以便把各环境放在同一尺度下比较。

这里介绍 4 类常用的数据定标方法及相应的 GGE 双标图<sup>[28]</sup>。不同的数据定标方法实质上是给不同试验点在品种评价上以不同的权重; 这会或多或少地影响到对品种和试验点的评价。基于不同数据定标的 GGE 双标图各有优缺点, 简介如下。

表 6 各试验点主要参数(基于 1993 年安大略冬小麦区域试验)

Table 6 Parameters characterizing the test-environments (based on the 1993 Ontario winter wheat performance trials)

试验点 Test location	平均产量 Mean yield (t hm <sup>-2</sup> )	标准误差 SE (t hm <sup>-2</sup> )	标准差 SD (t hm <sup>-2</sup> )	遗传力 Heritability (h <sup>2</sup> )	<i>h</i>	变异系数 Coefficient of variation (%)
E1	4.36	0.59	0.62	0.78	0.88	13
E2	4.44	0.29	0.47	0.90	0.95	7
E3	3.14	0.31	0.54	0.92	0.96	10
E4	3.50	0.24	0.43	0.92	0.96	7
E5	5.68	0.65	0.71	0.79	0.89	11
E6	5.06	0.32	0.41	0.84	0.92	6
E7	4.24	0.59	0.68	0.81	0.90	14
E8	4.36	0.21	0.36	0.92	0.96	5
E9	2.90	0.33	0.42	0.84	0.92	12

### 7.1 未定标的 GGE 双标图

未定标的 GGE 双标图是不经过数据定标, 直接将环境中心化的数据(表 2)进行特征值分解而建立的。前面谈到的双标图(图 2~图 7)均属此类(“Scaling = 0”)。与其他数据定标方法相比, 其特点是, 在采用聚焦环境的特征值分配(“SVP = 2”)时, 图中各环境向量的长度与各环境内品种均值间的标准差(standard deviation of means, SD, 等于环境内表型方差的平方根 $\sigma_p$ )呈近似直线关系。近似的程度与双标图的拟合度有关。某试验点内 SD 的大小可以作为衡量该试验点对品种的表现区分能力的指标, 如在针对图 3 和图 4 所谈到的。图 3 中 E5 和 E7 的向量较长, 体现了其 SD 较大的事实(表 6)。

但是, SD 并不是区分能力的最好指标, 因为  $\sigma_p^2 = \sigma_g^2 + \sigma_e^2/n$ , 即表型方差由基因型方差( $\sigma_g^2$ )和试验误差方差( $\sigma_e^2$ )共同决定, 而与环境的区分能力直接有关的是基因型方差。式中  $n$  是环境内重复数。因此, 用未定标 GGE 双标图对试验点进行有效评价是有条件的, 即各试验点的试验误差相同或相近

(称为误差同质性原则); 而这个条件在实际中不一定能满足(表 6)。因此有必要探索其他的数据定标方法。

### 7.2 标准误差定标的 GGE 双标图

用环境内标准误差(SE,  $=\sigma_e$ )对环境定标, 即以环境 SE 去除两向表中相应环境内各品种的数值, 可以在一定程度上消除试验点之间误差的不同质(图 8)。在 SE-定标的 GGE 双标图中, 各环境向量的长度与统计值  $1/\sqrt{(1-h^2)}$  成正比, 其中  $h^2$  是产量在某环境下的遗传力(heritability)(或叫重复性, repeatability)。图 8 中 E2、E3、E4 和 E8 的向量比其他环境的向量明显较长, 因为它们的遗传力较高(表 6)。但是, 由式  $1/\sqrt{(1-h^2)}$  可知, 图上向量长度与遗传力的关系是曲线关系, 而非直线关系。因此这种定标方法也不是最理想的。

### 7.3 标准差定标的 GGE 双标图

用环境内品种均值间的标准差(SD)对各环境进行定标, 即以环境 SD 去除两向表中相应环境内各品种的数值, 可以消除各环境在 SD 上的差异。因此,

在SD-定标的GGE双标图上, 在拟合度较高的前提下, 各个环境之向量的长度应当是相同或相近的(图9)。这一特性有两个用途。第一, 由于各环境的向量长度相近, 此图更便于直观分析各环境在品种排序上的相似性。第二, 可据以判断双标图是否充分表现数据。如果双标图上各环境的向量长度显著不同, 则说明该双标图不能充分体现数据中环境间的关系。图9中各环境向量长度基本相同, 印证了上节的结论, 即2-D双标图可以充分表现本套数据。如果有些环境的向量比其他环境的向量明显短, 则说明与这些环境有关的关系在双标图上没有得到充分表现, 后者又说明这些环境与其他环境没有紧密关系<sup>[35]</sup>。与这些优点相伴而来的缺点是, 此双标图上环境向量的长度不再是其对品种区分能力的度量。

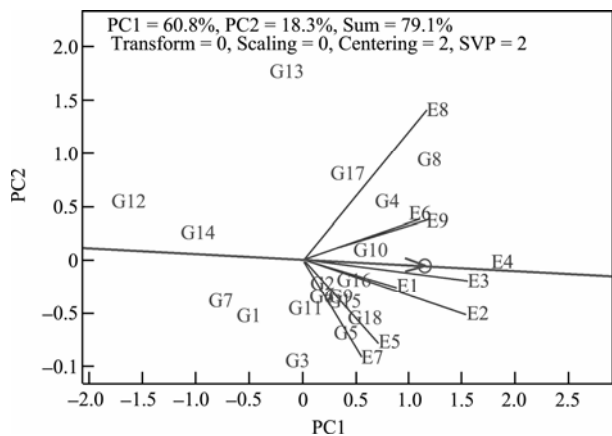


图8 SE-定标的GGE双标图  
 Fig. 8 SE-scaled GGE biplot ("Scaling = 3")  
 除SE-定标("Scaling = 3")外, 其他设置同图4。  
 Other settings are the same as in Figure 4.

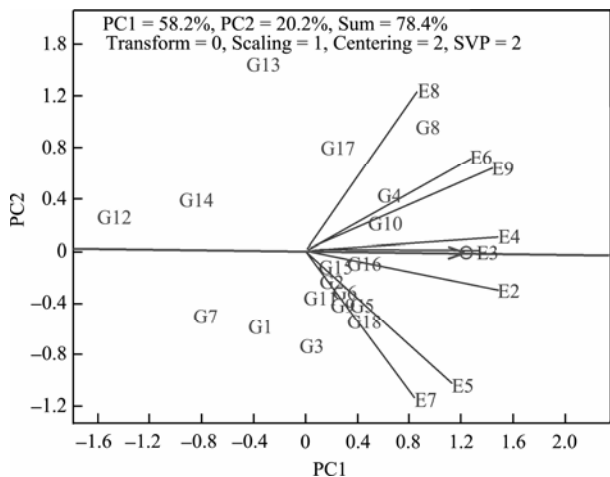


图9 SD-定标的GGE双标图  
 Fig. 9 SD-scaled GGE biplot ("Scaling = 1")  
 除SD-定标("Scaling = 1")外, 其他设置同图4。  
 Other settings are the same as in Figure 4.

SD-定标的GGE双标图与多元分析中常用的主成分分析模型相一致<sup>[16]</sup>, 因而在多元数据(如品种-性状两向表, 品种-遗传标记两向表, 等等)分析中有广泛应用。在需要把各环境看得同等重要时, SD-定标的GGE双标图应当是第一选择。

7.4 遗传力平方根校正的GGE双标图

根据数量遗传学上关于间接选择的理论, 评价一个环境(或试验点, 或性状)在间接选择上的价值时必须考虑两个方面: (1)该环境与目标环境的遗传相关( $r_g$ ), 即代表性; (2)该环境下的遗传力之平方根( $h$ ), 即区分力; 而二者之乘积( $r_g h$ )则是一个综合的指标<sup>[36-37]</sup>。据此, Yan和Holland<sup>[28]</sup>提出了一个遗传力平方根( $h$ )校正后的GGE双标图。此图与SD-定标的GGE双标图相同, 只是把SD-定标后的数据乘以相应环境的 $h$ 值。由此得到的GGE双标图(图10)有以下解释: (1)各环境向量的长度近似于相应环境的 $h$ 值, (2)各环境向量与平均环境之间夹角的余弦近似于相应环境与平均环境之间的遗传相关 $r_g$ , (3)各环境向量在平均环境轴上的投影长度近似于 $r_g h$ 。这样,  $h$ -校正的GGE双标图把双标图分析与间接选择理论完美地结合了起来, 因此是在试验点评价和品种评价上最理想的双标图。按照图10, 最理想的试验点应是E2和E4, 而不是图4中所建议的E1和E5。因为E1虽然有较大的表型方差, 但其遗传力却较低(表6)。值得注意的是, 图10与图9看起来几乎完全相同。这是因为各环境的 $h$ 值差别有限(表6)。由此推论, SD-定标的GGE双标图在各试验点遗传力差别小时, 可以很好地替代 $h$ -校正的GGE双标图,

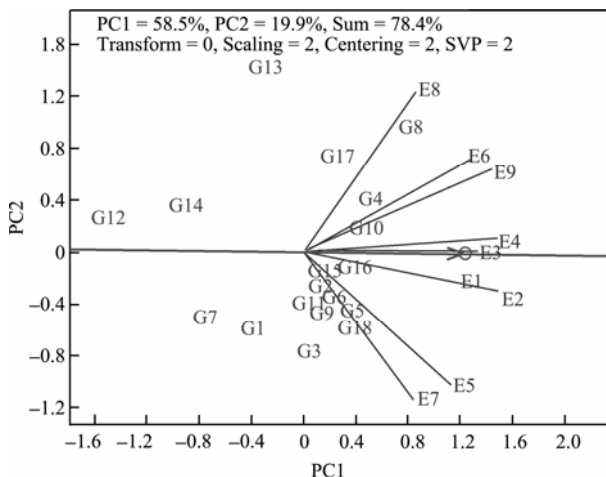


图10  $h$ -校正的GGE双标图  
 Fig. 10  $h$ -adjusted GGE biplot ("Scaling = 2")  
 除 $h$ -校正的定标("Scaling = 2")外, 其他设置同图4。  
 Other settings are the same as in Figure 4.

而 SD-定标的 GGE 双标图是最简单的 GGE 双标图。

不同数据定标方法的实质是按不同试验点(环境)的特点, 给予其在品种评价上不同的权重或发言权。例如,  $h$ -定标的 GGE 双标图是按试验点的遗传力平方根来权重; 遗传力高的试验点在评价品种上得到较大的发言权。SE-定标的双标图有相似的性质。

SD-定标的双标图是给所有试验点(环境)以相同的权重。未定标 GGE 双标图则是按试验点上表型方差的大小来权重。此外, 所有 GGE 双标图有一个共同特点, 就是在品种评价中把各试验点与平均环境的遗传相关(即对目标环境的代表性)作为一个权重因素。不同类型的 GGE 双标图的优缺点总结于表 7。

表 7 不同类型的 GGE 双标图  
Table 7 Properties of different types of GGE biplot

类型 Type of GGE biplot	未定标 Un-scaled	SD-定标的 SD-scaled	SE-定标的 SE-scaled	$h$ -校正的 $h$ -adjusted
定标方法	—	环境内品种均值间标准差( $SD = \sigma_p$ )	环境内试验误差 ( $SE = \sigma_e$ ) 或其变种	环境内 SD 及遗传力之平方根( $\sigma_p / h$ )
环境向量的长度近似于	$SD = \sigma_p$	1	$1 / \sqrt{(1-h^2)}$	$h (= \sigma_g / \sigma_p)$
环境间夹角之余弦表示环境间遗传相关(前提是采用聚焦环境的特征值分配)	$r_g$	$r_g$	$r_g$	$r_g$
各环境对品种评价的权重	$r_g \sigma_p$	$r_g$	$r_g / \sqrt{(1-h^2)}$	$r_g h$
关于试验点评价	适用于环境间的试验误差同质时	适用于各环境同等重要时	普遍适用	最适
关于品种评价	适用于环境间的试验误差同质时	适用于各环境同等重要时	普遍适用	最适
是否要求重复数据?	否	否	是	是
可否用于分析品种-性状双向表及其他多元数据?	否	是	是	是

### 7.5 基于随机效应模型的 GGE 双标图

迄今所讨论的双标图(以及 AMMI 有关的功能图)都是基于传统的固定效应模型。近 20 年来, 随着计算机容量和计算速度的大幅提高, 基于随机效应的统计模型得到越来越多的重视和应用。使用固定效应模型有一些假设和局限性。其一, 它要求平衡数据, 即同一套品种在同一套试验点上试验, 而且每个试验点上重复数目也相同。这个要求虽然在每年内的试验设计阶段可能得到满足, 但由于各种自然或人为的原因, 总会出现一些缺区。在把不同年份的数据放在一起统一分析时, 要求平衡数据更是几不可能。在缺区较少时, 可设法填入“估计”数据, 使得双标图分析得以进行。缺区太多时也可设法填入估计数据, 但双标图上规律的可信度就大打折扣。其二, 固定效应模型假定各试验点上各区组内条件完全一致。在区组较大时(如大于 10), 这个假设很难满足。其三, 固定效应模型假定各试验环境的试验误差同质, 这个要求通常不能满足。上面谈到的用环境内试验误差或遗传力定标的方法可以部分解决第三个问题。在作双标图分析之前对各环境进行田间变异校正(spatial analysis)可以解决第二个

问题。若把分析限定在一年内多点试验, 则第一个问题基本上不是问题。

据信, 使用基于随机效应模型的析因分析法(FA), 可以同时解决这些问题<sup>[29,38-40]</sup>。概念上, 用 FA 分析多点试验数据包括以下几个步骤。首先是诊断各试验内的田间变异(spatial variation)模式, 然后将其作为随机效应模型的组成部分, 估计各品种在各环境下的随机效应(BLUP)。其次是在此基础上进行析因分析。这相当于主成分分析; 一个“因子”相当于一个“主成分”。每一个因子由一套环境载荷(loadings)和一套品种评分(scores)组成。由第一和第二因子做出的双标图称为 FA 双标图; 它实际上也是 GGE 双标图, 只是基于随机效应模型。因此本文所述之 GGE 双标图的功能也适用于 FA 双标图。但是, 在现有介绍 FA 分析的文章中, 很少用到双标图, 而是限于关于环境的散点图, 侧重于认识环境之间的遗传相关关系<sup>[29,39]</sup>。这大概是因为品种太多、缺区太多和把品种-环境互作作为随机效应, 因而双标图的功能大打折扣。这些文章中也采用了 GGE 双标图分析中“平均环境”的概念, 并由此计算品种的总体排序。在 FA 散点图上, 环境向量

的长度代表其遗传方差之平方根( $\sigma_g$ ), 而环境之间夹角的余弦表示环境间的遗传相关系数<sup>[29]</sup>。介于传统GGE双标图与FA双标图分析之间的另一种作法, 是先用随机效应模型估计出各品种在各环境下的无偏预测值(BLUP), 然后以此品种-环境两向表为基本数据进行GGE双标图分析<sup>[41]</sup>。

## 8 结语

双标图分析法是用图解的形式表现和分析双向数据的独特方法。用 GGE 双标图分析品种-环境双向数据可以达到 3 方面目的。第一, 直观地把环境分为若干品种生态区(如果存在不同品种生态区的话), 并同时揭示各生态区内最适应的品种。第二, 在一个生态区内, 同时显示各品种的高产性和稳定性。第三, 同时显示各试验环境(试验点)对品种的分力和对目标环境(目标地区)的代表性。这些功能都是育种工作者和农业研究人员长期以来孜孜以求的, 对品种生态区的划分, 对新品种的选育、评价和推广, 以及对试验点的评价和选用, 具有显见的实用价值。特别是在适当计算机软件的帮助下, 双标图的应用十分简单便利, 可大大提高研究的时效。本文就双标图的主要变种, 双标图分析的基本方法和注意事项作了简要介绍。双标图分析正在成为育种家和其他农业研究人员日常必备的统计分析工具; 正确地使用双标图分析将会提高育种和农业研究的效率。

双标图的应用不限于多点试验数据的分析, 也不限于农业或生物学数据的分析。基本上, 任何数据, 只要能够整理成双向表的形式, 就可以用双标图进行直观分析。农业方面常见的数据类型, 除了本文中提到的品种-环境双向表、QTL效应-环境双向表<sup>[24]</sup>、品种-性状双向表<sup>[35]</sup>、基因表达数据<sup>[26]</sup>外, 还有双列杂交双向表<sup>[42-43]</sup>、寄主-病原体双向表<sup>[44]</sup>、基因型-遗传标记数据<sup>[6]</sup>、环境条件-作物性状双向表<sup>[45]</sup>、试验地点-气候土壤因素双向表<sup>[46]</sup>等等。双标图也被广泛用于医学、社会学、商业和市场学等方面的数据分析。本文对双标图在这些领域的应用也具有参考价值。

## References

[1] Lin C S, Binns M R. Concepts and methods of analyzing regional trial data for cultivar and location selection. *Plant Breed Rev*, 1994, 12: 271-297

[2] Cooper M, DeLacy I H. Relationship among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by-environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. *Theor Appl Genet*, 1994, 88: 561-572

[3] Gauch H G, Zobel R W. Identifying mega-environments and targeting genotypes. *Crop Sci*, 1997, 37: 311-326

[4] Yan W. GGEbiplot—a Windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data. *Agron J*, 2001, 93: 1111-1118

[5] Yan W, Hunt L A. Biplot analysis of multi-environment trial data. In: Kang M S ed. *Quantitative Genetics, Genomics, and Plant Breeding*. CAB International, Wallingford, Oxon, UK. 2003. pp 289-303

[6] Yan W, Kang M S. *GGE Biplot Analysis: A Graphical Tool for Breeders, Geneticists, and Agronomists*. Boca Raton, FL: CRC Press, 2003

[7] Yan W, Tinker N A. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Can J Plant Sci*, 2006, 86: 623-645

[8] Yan W, Kang M S, Ma B L, Woods S, Cornelius P L. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Sci*, 2007, 47: 643-655

[9] Finlay K W, Wilkinson G N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Aust J Agric Res*, 1963, 14: 742-754

[10] Gauch H G Jr, Piepho H P, Annicchiarico P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations. *Crop Sci*, 2008, 48: 866-889

[11] Gauch H G Jr. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE. *Crop Sci*, 2006, 46: 1488-1500

[12] Gabriel K R. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis. *Biometrika*, 1971, 58: 453-467

[13] Bradu D, Gabriel K R. The biplot as a diagnostic tool for models of two-way tables. *Technometrics*, 1978, 20: 47-68

[14] Kempton R A. The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. *J Agric Sci*, 1984, 103: 123-135

[15] Kroonenberg P M. *Introduction to Biplots for GE Tables*. Leiden University, 1995 (<http://three-mode.leidenuniv.nl/document/biplot.pdf>)

[16] DeLacy I H, Basford K E, Cooper M, Fox P N. Retrospective analysis of historical data from multi-environment trials—Theoretical development. In: Cooper M, Hammer G L, eds. *Plant Adaptation and Crop Improvement*. Wallingford: CAB International/IRRI/ICRISAT, 1996. pp 243-267

[17] Zobel R W, Wright M J, Gauch H G Jr. Statistical analysis of a yield trial. *Agron J*, 1988, 80: 388-393

[18] Yan W, Hunt L A, Sheng Q L, Szlavnic Z. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on GGE biplot. *Crop*

- Sci*, 2000, 40: 596–605
- [19] Wang L(王磊), McLaren C G, Yang S-H(杨仕华). Use of biplot in the analysis of G×E interactions. *Sci-Tech Commun (科技通报)*, 1997, 13(5): 275–280 (in Chinese)
- [20] Yan W-K(严威凯), Sheng Q-L(盛庆来), Hu Y-G(胡跃高), Hunt L A. GGE biplot—an ideal method for analyzing genotype by environment interaction patterns. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2001, 27(1): 21–28 (in Chinese with English abstract)
- [21] Yang R C, Crossa J, Cornelius P L, Burgueño J. Biplot analysis of genotype × environment interaction: proceed with caution. *Crop Sci*, 2009, 49: 1564–1576
- [22] Yan W. Singular value partitioning for biplot analysis of multi-environment trial data. *Agron J*, 2002, 94: 990–996
- [23] Gauch H G Jr, Zobel R W. AMMI analysis of yield trials. In: Kang M S, Gauch H G, eds. Genotype-by-Environment Interaction. Boca Raton, FL: CRC Press, 1996. pp 85–122
- [24] Yan W, Tinker N A. A biplot approach to the investigation of QTL-by-environment patterns. *Mol Breed*, 2005, 15: 31–43
- [25] Vargas M, Crossa J, van Eeuwijk F A, Ramirez M E, Sayre K. Using partial least squares regression, factorial regression, and AMMI models for interpreting genotype × environment interaction. *Crop Sci*, 1999, 39: 955–967
- [26] Chapman S, Schenk P, Kazan K, Manners J. Using biplots to interpret gene expression patterns in plants. *Bioinformatics*, 2002, 18: 202–204
- [27] Yan W, Frégeau-Reid J A, Pageau D, Martin R, Mitchell-Fetch J, Etienne M, Rowsell J, Scott P, Price M, de Haan B, Cummisskey A, Lajeunesse J, Durand J, Sparry E. Identifying essential test locations for oat breeding in eastern Canada. *Crop Sci*, 2010, 50: 504–515
- [28] Yan W, Holland J B. A heritability-adjusted GGE Biplot for test environment evaluation. *Euphytica*, 2010, 171: 355–369
- [29] Smith A, Cullis, B R, Thompson R. Exploring variety- environment data using random effects AMMI models with adjustment for spatial field trends: Part 1: Theory. In: Kang M S ed. Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding. Wallingford, Oxon, UK: CABI Publishing, 2003. pp 323–336
- [30] Yan W, Tinker N A. An integrated system of biplot analysis for displaying, interpreting, and exploring genotype-by-environment interactions. *Crop Sci*, 2005, 45: 1004–1016
- [31] Yan W, Rajcan I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci*, 2002, 42: 11–20
- [32] Casanoves F, Baldessari J, Balzarini M. Evaluation of multi-environment trials of peanut cultivars. *Crop Sci*, 2005, 45: 18–26
- [33] Blanche S B, Myers G O. Identifying discriminating locations for cultivar selection in Louisiana. *Crop Sci*, 2006, 46: 946–949
- [34] Lebart L. Which bootstrap for principal axes methods. In: Vrito P, Bertrand P, Cucumel G F, de Carvalho F, eds. Selected Contributions in Data Analysis and Classification, Part VII. Berlin, Heidelberg: Springer, 2007. pp 581–588
- [35] Yan W, Frégeau-Reid J A. Breeding line selection based on multiple traits. *Crop Sci*, 2008, 48: 417–423
- [36] Allen F L, Comstock R E, Rasmusson D C. Optimal environments for yield testing. *Crop Sci*, 1978, 18: 747–751
- [37] Falconer D S, Mackay T F C. Introduction to Quantitative Genetics, 4th edn. Harlow, Essex: Longman Scientific and Technical, 1996
- [38] Gilmour A R, Cullis B R, Verbyla A P. Accounting for natural and extraneous variation in the analysis of field experiments. *J Agric Biol Env Stat*, 1997, 2: 269–293
- [39] Kelly A M, Smith A B, Eccleston J A, Cullis B R. The Accuracy of varietal selection using Factor Analytic models for multi-environment plant breeding trials. *Crop Sci*, 2007, 47: 1063–1070
- [40] Stefanova K T, Buirchell B. Multiplicative mixed models for genetic gain assessment in Lupin breeding. *Crop Sci*, 2010, 50: 880–891
- [41] Pswarayi A, van Eeuwijk F A, Ceccarelli S, Grando S, Comadran J, Russell J R, Francia E, Pecchioni N, Li Destri O, Akar T, Al-Yassin A, Benbelkacem A, Choumane W, Karrou M, Ouabbou H, Bort J, Araus J L, Molina-Cano J L, Thomas W T B, Romagosa I. Barley adaptation and improvement in the Mediterranean basin. *Plant Breed*, 2008, 127: 554–560
- [42] Yan W, Hunt L A. Biplot analysis of diallel data. *Crop Sci*, 2002, 42: 21–30
- [43] Shang Y(尚毅), Li S-Q(李少钦), Li D-R(李殿荣). GGE biplot analysis of diallel cross of *B. napus* L. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2006, 3(2): 243–248 (in Chinese with English abstract)
- [44] Yan W, Falk D E. Biplot analysis of host-by-pathogen interaction. *Plant Dis*, 2002, 86: 1396–1401
- [45] Chen S-L(陈四龙), Li Y-R(李玉荣), Cheng Z-S(程增书), Liu J-S(刘吉生). GGE biplot analysis of effects of planting density on growth and yield components of high oil peanut. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2009, 35(7): 1328–1335 (in Chinese with English abstract)
- [46] Ma B L, Yan W, Dwyer L M, Frégeau-Reid J A, Voldeng H D, Dion Y, Nass H. Graphic analysis of genotype, environment, nitrogen fertilizer and their interactions on spring wheat yield. *Agron J*, 2004, 96: 169–180
- [47] Yan W, Glover K D, Kang M S. Comment on “biplot analysis of genotype × environment interaction: proceed with caution”. *Crop Sci*, 2010, 50: 1121–1123