

用 AMMI 模型分析作物区域试验中的地点鉴别力

李本贵^{1,2} 阎俊^{2,3} 何中虎^{2,4,*} 李仲来^{1*}

(¹北京师范大学数学系,北京 100875; ²中国农业科学院作物育种栽培研究所/国家小麦改良中心,北京 100081; ³中国农业科学院棉花研究所,河南安阳 455112; ⁴CIMMYT 中国办事处,北京 100081)

摘要 为了比较不同试验点在区域试验中鉴别力的大小,提出了 AMMI 模型中地点得分向量长度的衡量方法,并与传统联合线性回归模型中的斜率进行了比较。以 1995—1996 和 1997—2000 年度黄淮南片春水组小麦区域试验 4 年的产量数据为例进行了地点鉴别力分析。结果表明,AMMI 模型比联合线性回归模型能更好地解释基因型与环境互作效应;多年间地点鉴别力参数的可重复性分析表明,AMMI 模型中地点的得分向量长度比联合线性回归模型中斜率的可重复性程度更高,因此 AMMI 模型中地点得分向量长度可作为地点鉴别力的一个指标,也可以将其作为取舍试验地点的标准之一。

关键词 基因型与环境互作;AMMI 模型;联合线性回归;地点鉴别力
中图分类号:O212

Analyzing Site Discrimination in Crop Regional Yield Trials by AMMI Model

LI Ben-Gui^{1,2}, YAN Jun^{2,3}, HE Zhong-Hu^{2,4,*}, LI Zhong-Lai¹

(¹Math Department of Beijing Normal University, Beijing 100875; ²Institute of Crop Breeding and Cultivation, CAAS, Beijing 100081; ³Cotton Research Institute, Anyang, 455112, Henan; ⁴CIMMYT China Office, Beijing 100081, China)

Abstract To compare the discrimination of different sites in regional trials, the length of score vector in AMMI model was used as indicator for site discrimination and comparison was made between AMMI model and joint linear regression model. The yield data from South Yellow and Huai River Valley's wheat yield trials from 1995—1996 and 1997—2000 were used to illustrate the site discrimination. The results showed that the length of score vector in AMMI model was better to explain genotype by environment interaction than by joint linear regression model. The site discrimination analysis between years showed the length of score vector in AMMI model had higher repeatability than the slope of joint linear regression model. The length of score vector in AMMI model can be used as an index to measure the site discrimination and a criterion for judging testing location.

Key words Genotype and environment interaction; AMMI model; Joint linear regression model; Site discrimination

主效可加互作可乘模型 (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Model) 简称 AMMI 模型,是分析基因型与环境互作 ($G \times E$) 的有效方法,在作物区域试验的多点资料分析中应用相当广泛^[1~7]。双标图是用来解释 AMMI 模型中 $G \times E$ 模型的分析方法^[8]。在 AMMI 模型中,当互作效应显著的乘积项数目超过两个时,通过双标图来判断品种的稳定性和地点的鉴别力是不可靠的,有必要通过定义合

理的参数来衡量品种的稳定性和地点的鉴别力。Gauch 和 Zobel (1995)^[3]指出由 AMMI 模型中显著 IP-CA 构成的欧式空间中,地点和品种到原点的欧氏距离可以作为反映地点鉴别力和品种稳定性的指标,张泽等^[8]在作蚕茧量分析时就用欧氏距离来衡量家蚕产量的稳定性。在分析基因型与环境互作时,除了考察品种的稳定性的外,地点鉴别力也是育种工作者比较关心的问题。联合线性回归模型是分析地点

*基金项目:国家自然科学基金项目(39930110 和 30060043)资助。

作者简介:李本贵(1975-),男,山东淄博人,中国农业科学院作物育种栽培研究所和北京师范大学数学系联合培养硕士。

*通讯作者(Author for correspondence):何中虎。Tel: 010-68918547, E-mail: zhhe@public3.bta.net.cn

Received(收稿日期):2002-11-22, Accepted(接受日期):2003-06-27.

鉴别力的传统方法,利用回归模型的斜率可以判断地点的鉴别力,但由于其前提是假设互作部分是品种效应的线性函数,因而在实际应用中效果不太理想^[11]。本文利用 AMMI 模型中地点的得分向量长度来衡量地点鉴别力,并对 1995—1996 和 1997—2000 年度黄淮南片春水组小麦区域试验的产量数据中的参试地点进行了地点鉴别力分析,并与传统的联合线性回归模型的结果进行了比较,目的是为提高区域试验效率提供理论基础。

1 统计方法

1.1 地点鉴别力参数

AMMI 模型可以表示为 $Y_{ij} = \mu + g_i + e_j + \sum_{k=1}^m u_{ik} v_{jk} + \dots + \sum_{k=1}^m u_{im} v_{jm} + e_{ij}$, 其中, μ 表示总体均值, g_i 表示品种主效应, e_j 表示环境主效应, $(ge)_{ij}$ 表示第 i 个品种与第 j 个地点之间的互作, k 表示互作矩阵 $GE[(ge)_{ij}]$ 构成的第 k 个奇异值, u_{ik} 为 k 对应的第 i 个左奇异向量的第 k 个分量, v_{jk} 为 k 对应的第 j 个右奇异向量的第 k 个分量, e_{ij} 表示随机误差,且 $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$ 。按 Gollob(1968)的方法检验其乘积项显著性^[12]。

地点 j 的得分向量可表示为 $\sqrt{1} j_1, \sqrt{2} j_2, \dots, \sqrt{m} j_m$ 。设此向量的长度用 C_j 表示, 则 $C_j = \sqrt{\sum_{k=1}^m j_k^2}$ 。Cauch 和 Zobel(1995)^[3]指出品种在所有显著的 IPCA 上有较小值的环境中的差异较小, C_j 反映了地点 j 的鉴别力, C_j 值越大,说明品种与地点 j 的互作越大,品种在该地点的差异越明显; C_j 值越小,则说明品种与地点 j 的互作越小,品种在该地点的差异越不明显。

联合线性回归模型可表示为 $y_{ij} = \mu + e_j + b_j g_i + e_{ij}$, 其中 g_i 表示品种 i 的主效应, e_j 表示地点 j 的主效应, $b_j = \sum_i (Y_{ij} - Y_i) g_i / \sum_i g_i^2$, 表示互作效应对品种平均产量的回归系数, e_{ij} 表示随机误差。按照 Finlay 和 Wilkinson 的观点^[2], 当 b_j 接近 1 时,说明该地点鉴别力一般; b_j 显著大于和小于 1 分别预示高产品种和低产品种在某地点的特殊适应性,并表明

品种在该地点的差异较大,该点鉴别力较高^[13]。

1.2 解释基因型与环境互作的能力

为消除自由度的影响,本文利用 AMMI 模型各 IPCA 的均方 MS 来估计各 IPCA 项的方差,由于各 IPCA 之间的协方差为 0,所以可将各个显著 IPCA 项的方差相加,作为 AMMI 模型 $G \times E$ 互作的方差;利用联合线性回归模型回归项的均方和 MS 来估计回归项方差,作为联合线性回归模型 $G \times E$ 互作的方差。通过计算 AMMI 模型和联合线性回归模型互作部分的方差占总互作方差的比重来比较 AMMI 模型和联合线性回归模型解释 $G \times E$ 互作的能力。

1.3 地点鉴别力的可重复性分析

利用组内相关系数来估计不同年份间地点鉴别力参数的可重复程度^[1], $r = [MS(\text{组间}) - MS(\text{组内})] / [MS(\text{组间}) + (r - 1)MS(\text{组内})]$, r 表示每组观测的重复次数。越接近 1 说明地点鉴别力参数的可重复程度高;反之,说明地点鉴别力参数的可重复程度低。

2 应用实例

2.1 资料来源

采用黄淮南片春水组 1995—1996 和 1997—2000 年度 4 年小麦区域试验的产量资料,4 年的参试品种数目分别为 10、10、7 和 6,参试地点数目为 7。试验皆为随机区组设计,3 次重复,产量单位为 kg/hm^2 。试验数据由河南省农业科学院小麦研究所提供。

2.2 结果分析

分别采用 AMMI 模型和联合线性回归模型对黄淮南片春水组 4 年的区域试验产量数据进行分析,方差分析结果列于表 1。

从表 1 可以看出,1997—1998 年度的 AMMI 分析中显著的 IPCA 项达到了 4 个,利用 IPCA1-IPCA2 构成的双标图来做分析,只利用了 74.69% 的互作信息,剩余的两个坐标轴 IPCA3 和 IPCA4 包含的信息没有被利用,这时仅用双标图直观判断地点鉴别力会出现较大偏差,而 AMMI 分析中的地点得分向量长度可避免此缺陷。

表 1 黄淮南片春水组区试 1995—1996、1997—2000 年度的 AMMI 和联合线性回归分析的方差分析

Table 1 AMMI and joint linear regression model analysis of South Yellow and Hwai Valley yield trials during 1995 - 1996 and 1997 - 2000

年份 Year	模型 Model	变异来源 Variation source	自由度 <i>df</i>	平方和 <i>SS</i>	解释的互作 G × E explained (%)	<i>F</i>	<i>P</i>
1995 - 1996		地点 (Environment)	6	122625.00			
		品种 (Genotype)	9	55814.60			
		互作 (G × E)	54	62160.50			
	回归 Regression	回归 (Reg)	6	4700.90	16.04	0.65	0.69
		误差 (<i>SS E</i>)	48	57459.60			
	AMMI	第一乘积 (IPCA 1)	14	44062.50	64.42	6.96	0.00
		第二乘积 (IPCA 2)	12	8263.39	14.09	1.96	0.07
		第三乘积 (IPCA 3)	10	6058.25	12.40	2.89	0.02
		第四乘积 (IPCA 4)	8	2659.27	6.80	2.98	0.06
		互作残差 (Error)	10	1117.13			
1997 - 1998		地点 (Environment)	6	198574.00			
		品种 (Genotype)	9	122197.00			
		互作 (G × E)	54	51869.30			
	回归 Regression	回归 (Reg)	6	2464.45	9.69	0.40	0.88
		误差 (<i>SS E</i>)	48	49404.80			
	AMMI	第一乘积 (IPCA 1)	14	27010.40	45.50	3.10	0.00
		第二乘积 (IPCA 2)	12	14853.70	29.19	3.46	0.00
		第三乘积 (IPCA 3)	10	6069.16	14.31	2.78	0.03
		第四乘积 (IPCA 4)	8	2903.55	8.56	3.52	0.03
		互作残差 (Error)	10	1032.50			
1998 - 1999		地点 (Environment)	6	162472.00			
		品种 (Genotype)	6	17625.50			
		互作 (G × E)	36	37273.10			
	回归 Regression	回归 (Reg)	6	3087.11	12.52	0.45	0.84
		误差 (<i>SS E</i>)	30	34186.00			
	AMMI	第一乘积 (IPCA 1)	11	20549.80	45.46	2.79	0.02
		第二乘积 (IPCA 2)	9	10832.30	29.29	3.27	0.02
		第三乘积 (IPCA 3)	7	3209.80	11.16	1.54	0.27
		第四乘积 (IPCA 4)	5	1828.55	8.90	1.72	0.31
		互作残差 (Error)	4	852.57			
1999 - 2000		地点 (Environment)	6	274434.00			
		品种 (Genotype)	5	31748.20			
		互作 (G × E)	30	15242.60			
	回归 Regression	回归 (Reg)	6	934.15	8.60	0.26	0.95
		误差 (<i>SS E</i>)	24	14308.40			
	AMMI	第一乘积 (IPCA 1)	10	10897.10	60.21	5.02	0.00
		第二乘积 (IPCA 2)	8	2458.34	16.98	1.95	0.14
		第三乘积 (IPCA 3)	6	1103.06	10.16	1.41	0.34
		第四乘积 (IPCA 4)	4	651.70	9.00	2.462	0.31
		互作残差 (Error)	2	132.38			

从表 1 还可以看出,4 年度的联合线性回归分析只解释了 G × E 互作效应很小一部分,1995—1996 年度、1997—1998 年度、1998—1999 年度和 1999—2000 年度分别解释了 16.04%、9.69%、12.52% 和 8.60% 的互作信息。而在 AMMI 分析中,所有显著的 IPCA 乘积项解释的互作比例分别为 76.82%、97.57%、89.01% 和 60.21%,明显优于联合线性回

归模型的分析效果,这说明 AMMI 模型在解释 G × E 互作效应方面比联合线性回归模型具有优越性。

地点鉴别力的可重复性分析结果显示,AMMI 分析中地点鉴别力参数的可重复程度达到了 59.00%,而联合线性回归中地点鉴别力参数的可重复程度仅为 36.35%,说明用 AMMI 分析中地点的得分向量长度衡量地点鉴别力更合适。

表2 AMMI分析中每个地点的得分向量长度和回归分析中每个地点的斜率

Table 2 Length of score vector of AMMI and slope of joint linear regression model of each site

地点 Site	1995 - 1996		1997 - 1998		1998 - 1999		1999 - 2000	
	AMMI	回归 Regression	AMMI	回归 Regression	AMMI	回归 Regression	AMMI	回归 Regression
安徽阜阳 Fuyang, Anhui	4.47	0.84	6.30	0.92	9.32	0.70	6.24	0.94
江苏淮阴 Huaiyin, Jiangsu	9.36	0.59	7.57	0.86	1.25	1.00	0.71	0.70
河南漯河 Luohe, Henan	3.04	0.96	10.97	1.08	1.44	1.45	4.50	1.03
安徽涡阳 Guoyang, Anhui	4.95	1.23	5.56	1.02	6.66	1.51	3.66	0.87
河南新乡 Xinxiang, Henan	5.02	1.01	6.63	1.28	0.55	0.19	3.19	1.21
江苏徐州 Xuzhou, Jiangsu	3.08	0.81	4.87	0.83	3.72	1.04	3.91	1.03
河南郑州 Zhengzhou, Henan	10.58	1.56	10.10	1.01	9.93	1.12	2.41	1.23

由表2可知,除1999—2000年外,郑州点在1995—1996、1997—1998、1998—1999三年的AMMI分析的得分向量长度较大,分别为10.58、10.10和9.93,说明郑州点的鉴别力较高,而郑州点在1999—2000年的AMMI分析中得分向量长度却较小(2.41),可能与该年的AMMI分析解释的互作信息较少(只有60.21%)有关系。阜阳点的鉴别力也较高。徐州点、新乡点的鉴别力较差,漯河、淮阴点的鉴别力则不稳定。

3 讨论

通过比较各个参试地点的鉴别力,可以对试验点做出评判,有利于区域试验地点的取舍,筛选出鉴别力好的试验点,舍弃连续数年鉴别力均不高的点,提高区域试验的准确性和效率。因此,在安排区域试验试验点时,不仅要考虑地理分布和生态条件,同时还要求地点的鉴别力的可重复程度比较高。当然造成试验点鉴别力低的原因除了环境因素外,也不排除试验点疏于管理等人为因素的可能性。因此为了筛选鉴别力好的试验点,需要有更长时间的资料积累,或通过安排多年多点多品种试验。

References

- [1] Falconer D S. Introduction to Quantitative Genetics. 3rd ed. Longman, Harlow, United Kingdom, 1989
- [2] Finlay K W, Wilkinson G N. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Aust J Agric Res*, 1963, **14**:742 - 754
- [3] Gauch H G, Zobel R W. AMMI analysis of yield trials. In: Genotype-

- Environment Interaction. Kang M S, Gauch H G eds. CRC Press, Boca Raton, Florida, 1995
- [4] Gauch H G, Zobel R W. Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trials. *Theor Appl Genet* 1988, **7**:1 - 10
- [5] Gauch H G. Statistical Analysis of Regional Yield Trials. Amsterdam: Elsevier Publishing Company, 1992. 205 - 233
- [6] Zobel R W. A powerful statistical model for understanding genotype-by-environment interaction. In: Kang ed. Genotype-by-environment Interaction and Plant Breeding. Louisiana State University, Baton Rouge, Louisiana. 1990. 126 - 140
- [7] Zobel R W, Write M L, Gauch H G. Statistical analysis of a yield trial. *Agron J*, 1988, **80**: 388 - 393
- [8] Wang L (王磊), Yang S-H (杨仕华), Xie F-X (谢芙贤). Application of AMMI model on analyzing regional yield trial. *J of Basic Sci and Eng (应用基础与工程科学学报)*, 1997, **5**(1): 39 - 46
- [9] Eisenmann R L. Two methods of ordination and their application in analyzing genotype-environment interactions. In: Byth D E, Montgomery V E eds. Interpretation of Plant Response and Adaptation to Agricultural Environments. Brisbane: Queensland Branch, Australian Institute of Agricultural Science, 1981. 293 - 307
- [10] Zhang Z (张泽), Lu C (鲁成), Xiang Z-H (向仲怀). Analysis of variety stability based on AMMI model. *Acta Agronomica Sinica (作物学报)*, 1998, **24**(3): 304 - 309
- [11] Westcott B. Some methods of analyzing genotype-environment interactions. *Heredity*, 1986, **56**(2): 242 - 253
- [12] Gollob H F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. *Psychometrika*, 1968, **33**: 73 - 115
- [13] DeLacy I H, Basford K E, Cooper M, Bull J K, McLaren C G. Analysis of multi-environment trials—an historical perspective. In: Cooper M, G L Hammer eds. Plant Adaptation and Crop Improvement. CAB international, 1996. 739 - 125