

HA-GGE 双标图在长江流域棉花品种区域试验中的应用

许乃银¹, 金石桥², 张国伟¹, 李健¹

(1. 江苏省农业科学院经济作物研究所 / 农业部长江下游棉花与油菜重点实验室, 南京 210014;

2. 全国农业技术推广服务中心, 北京 100125)

摘要: 本研究采用 HA-GGE 双标图对 2012 年长江流域国家棉花品种区域试验品种丰产性与稳定性、品种适宜种植区域划分、试点的代表性和鉴别力以及理想品种与环境筛选等进行全面评价, 以展示 HA-GGE 双标图在棉花区域试验中的应用效果。结果表明: (1) 皮棉产量的基因型、环境、基因型与环境互作效应均达极显著水平 ($P < 0.01$), 其中环境主效占处理变异平方和的 78.7%, 而基因型主效占 8.7%, 基因型与环境互作效应占 12.6%。(2) 借助双标图的“理想品种”和“理想试点”功能图筛选出最理想的品种中 CJ408(G2) 和南农 12 号(G9), 筛选出最理想的试点为慈溪和江陵。(3) 用“适宜品种与环境组合”功能图为各品种划分了适宜的种植区域。(4) 用“试点间关系”功能图将试点划分为 4 类, 其中位于四川盆地的射洪和成都试点聚为 1 类, 位于长江流域棉区北缘的河南南阳单独聚为 1 类, 说明试点聚类与地理环境密切相关。

关键词: 棉花 (*Gossypium hirsutum* L.); HA-GGE 双标图; 鉴别力; 代表性; 区域试验

中图分类号: S562.03 文献标志码: A

文章编号: 1002-7807(2013)06-0517-08

The Effectiveness of HA-GGE Biplot Application in Analyzing the Data from the National Cotton Cultivar Regional Trial in the Yangtze River Valley

XU Nai-yin¹, JIN Shi-qiao², ZHANG Guo-wei¹, LI Jian¹

(1. Institute of Industrial Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/ Key Laboratory of Cotton and Rapeseed, Ministry of Agriculture, Nanjing 210014, China; 2. National Agricultural Technology Extension and Service Center, Beijing 100125, China)

Abstract: A large number of regional crop trials have demonstrated the ubiquitous existence of genotype \times environment interactions (G \times E), which make it complicated to select superior cultivars and identify the ideal testing sites. The GGE (genotype main effect plus genotype \times environment interaction) biplot is the most powerful statistical and graphical displaying tool available for regional crop trial dataset analysis. The objective of the present study was to demonstrate the effectiveness of the biplot in evaluating the high and stable yields of candidate cultivars simultaneously, and in delineating the most adaptive planting region, analyzing trial location discrimination ability and representativeness, and identifying the ideal cultivar and trial locations. The lint cotton yield dataset with nine experimental genotypes and 17 test locations (three replicates in each) was collected from the national cotton regional trial in the Yangtze River Valley (YaRV) in 2012. The results showed that: (1) the effects of genotype (G), environment (E), and genotype \times environment interaction (G \times E) were significant ($P < 0.01$) for lint cotton yield. Differences among environments accounted for 78.7% of the treatment total variation in the sum of squares, whereas the genotype main effect accounted for 8.7%, and the genotype \times environment interaction accounted for 12.6%. (2) The “ideal cultivar” and “ideal location” view of the HA-GGE biplot identified Zhongcj408 (G2) and Nannon12 (G9) as the best ideal genotypes; Cixi in Zhejiang Province and Jiangling in Hubei Province were the most ideal locations. (3) The “which-won-where” view of the biplot outlined the adaptive planting region for each experimental cultivar. (4) The “similarity among locations” view clustered the trial locations into four groups, among of which the two outlier locations, Shehong (SH) and Chengdu (QBJ), located in Shichuan Basin in the upper reaches of YaRV, were clustered in one group, whereas the Nanyang (NY) of Henan Province at the northern edge

收稿日期: 2013-06-06 作者简介: 许乃银(1966-), 男, 博士, 研究员, naiyin@126.com

基金项目: 江苏省农业科技自主创新资金项目(CX-12-5035)

of YaRV was singled out as a sole group. Such location clustering results implied an apparent association with the geographical environment.

Key words: cotton (*Gossypium hirsutum* L.); HA-GGE biplot; discrimination ability; representativeness; crop regional trial

农作物品种区域试验中品种的生长发育过程和表型变异总是受基因型与环境互作效应的强烈影响^[1],研究基因型与环境互作效应有助于对参试品种和试点的科学评价与合理利用。Zobel 和 Gauch 等提出的主效可加互作可乘互作(Additive main effects and multiplicative interaction, AMMI)模型^[2-3]和 Yan 等提出的 GGE (Genotype main effect plus genotype by environment interaction)双标图分析方法^[4]是区域试验基因型与环境互作效应分析的最有效的统计分析方法。AMMI 模型和 GGE 双标图在区试数据分析中的适合性问题虽然目前尚有争议^[5-7],但 AMMI 模型只能分析抽象的互作效应,不能对基因型主效和互作效应同时分析,也不能进行试点评价,因而其实用性较差;而 GGE 双标图分析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 模型的改良,能更直观地评价和展示品种与环境的互作关系,是探索和研究利用作物基因型与环境互作的重要方法。

目前,GGE 双标图已经应用于燕麦^[8-9]、玉米^[10]、高粱^[11]、向日葵^[12]、甘蔗^[13-14]、豆类^[15]、麦类^[16-17]和棉花^[18-19]等作物的品种稳定性分析和品种适宜种植区域划分。Yan 和 Holland 最近在 GGE 双标图理论的基础上提出的遗传力校正的 GGE 双标图(Heritability adjusted GGE biplot, HA-GGE biplot)方法^[20],是最适合于品种评价和试点评价的双标图^[21],但尚没有在农作物区域试验中进行品种评价和综合应用的报道。本研究的目的是利用 HA-GGE 双标图对长江流域国家棉花品种区域试验的品种丰产性与稳定性、品种适宜种植区域划分、试点的代表性和鉴别力以及理想品种与环境筛选等进行全面评价,以展示 HA-GGE 双标图在棉花区域试验中的应用效果,为提高棉花区域试验效率提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

2012 年长江流域国家棉花区域试验在四川

省的成都(代号为 QBJ,下同)、射洪(SH)、湖南省的常德(CD)、益阳(DTH)、岳阳(YE)、湖北省的荆州(JZ)、江陵(JL)、襄阳(XY)、武汉(WH)、黄冈(HG)、河南省的南阳(NY)、江西省的九江(JJ)、安徽省的安庆(AQ)、江苏省的南京(NJ)、盐城(YC)、南通(NT)和浙江省慈溪(CX)共设置 17 个试点。各试点均采用随机区组排列,重复 3 次,小区面积 20 m²,植棉 3~6 行,行距 0.80~1.10 m,株距 0.30~0.40 m,平均种植密度 26423 株·hm⁻²。参试品种均为抗虫棉杂交种,分别为当杂 02-3、中 CJ408、湘丰棉 5 号、爱杂 13 号、川杂棉 33、鄂杂棉 10 号、同杂棉 8 号、sGKz35 和南农 12 号,依次编号为 G1~G9。

1.2 田间管理

安庆、慈溪和南通试点采用地膜直播方式,其余试点采用营养钵育苗移栽方式。各试点于棉花生育期间平均累计施用 N、P₂O₅ 和 K₂O 分别为 270 kg·hm⁻²、120 kg·hm⁻² 和 184 kg·hm⁻²,平均防治病虫 10.2 次,主要害虫为棉盲蝽、红蜘蛛、棉铃虫、蚜虫和斜纹夜蛾等。根据不同气候条件下棉花的长势长相喷施适量化学调节剂,确保棉花稳健生长。吐絮后分小区收获,收花截止日期为 11 月 20 日,到期不再采收青铃。各小区收获的子棉充分混匀后,从中随机抽取 1 kg 子棉,在皮辊机上轧花后称量皮棉重量,计算皮棉占子棉重量的百分率,取两次重复的平均值计算品种的衣分,再根据衣分和实收子棉产量计算皮棉产量。

1.3 统计分析方法

试验采用统计软件包 SAS V9.0 的广义线性模型程序对皮棉产量进行联合方差分析,其中基因型为固定因素,试点为随机因素。用 HA-GGE 双标图分析方法^[20]对环境中心化的皮棉产量进行奇异值分解(Singular value decomposition, SVD),得到环境和基因型的前两个主成分得分,并将前两个主成分作为 x 轴和 y 轴绘出 GGE 双标图。所用的数据未经转化(Transform=0),但进行了环境中心化(Centering=2)和遗传力平方根标准化(Scaling=2)。以环境为研究对象时采用环境聚焦

的奇异值分配方法(SVP=2),有利于双标图展示环境间的关系;以基因型为对象时则采用基因型聚焦的奇异值分配(SVP=1),以有利于展示品种间的关系^[22]。参照 Yan 和 Holland 的方法依据双标图中环境向量的长度、与平均环境轴的夹角大小评价环境的鉴别力、代表性和理想指数^[20]。

2 结果与分析

2.1 皮棉产量方差分析

联合方差分析结果表明(表 1),在皮棉产量表型变异来源中,环境主效应(E)、基因型主效应

(G)和基因型与环境互用效应(GE)均达极显著水平。其中,基因型主效应(G)、环境主效应(E)和基因型与环境互用效应(GE)的平方和分别占处理总变异平方和(SS_T)的 8.7%、78.7%和 12.6%。可见,环境主效应(E)很大,是产量变异的主要来源,但其对品种评价和环境评价无效,故需要采用 GGE 模型剔除。另一方面,基因型与环境互用效应(GE)对处理变异的贡献率大于基因型主效应(G),说明对基因型与环境互用效应(GE)的分析十分必要,也说明参试品种可能存在不同的适宜种植区域。

表 1 2012 年长江流域国家棉花区试品种皮棉产量的联合方差分析

Table 1 Combined analysis of variance for lint cotton yield from national cotton regional trials in YaRV in 2012

变异来源 Variation source	自由度 df	平方和 SS	均方 MS	F
总变异 Total	458	44378064.9	96895.3	
处理 Treatment	152	41543025.6	273309.4	35.6**
基因型 Genotype(G)	8	3618233.5	452279.2	58.9**
试点 Environment(E)	16	32690009.2	2043125.6	266.1**
基因型 × 环境(GE)	128	5234782.8	40896.7	5.3**
区组 Block	34	746383.5	21952.5	2.9**
误差 Error	272	2088655.8	7678.9	

注:**表示 0.01 显著水平。

Note:**indicate significant at level of 0.01.

2.2 品种丰产性和稳产性分析

HA-GGE 双标图的“丰产性与稳产性”功能图中的小圆圈代表“平均环境”,即各试点坐标的平均值(图 1a)。带箭头的直线通过双标图的原点和平均环境坐标称为平均环境向量或平均环境轴(Average environment abscissa, AEA),它的正方向是品种在所有环境下近似平均产量的高产方向,所以各品种在 AEA 轴上垂足的相对位置代表了品种的丰产性,越接近正方向其丰产性越好^[21,23]。与 AEA 轴垂直并通过原点的双箭头直线为平均环境轴的纵轴(Average environment coordinate, AEC),箭头偏离 AEA 轴的方向表示品种的不稳定性,越靠近 AEA 轴则越稳定^[24]。皮棉产量的丰产性分析表明(图 1a),鄂杂棉 10 号(G6)、中 CJ408(G2)、南农 12 号(G9)的丰产性最好,当杂棉 02-3(G1)和湘丰棉 5 号(G3)的丰产性较好,同杂棉 8 号(G7)略高于平均产量,而川杂棉 33(G5)低于平均产量,爱杂 13 号(G4)和 SGKZ35(G8)的丰产性最差。稳产性最好的是爱杂 13 号(G4),其次是当杂棉 02-3(G1)、南农 12 号(G9)

和中 CJ408(G2),而同杂棉 8 号(G7)、SGKZ35(G8)和鄂杂棉 10 号(G6)的稳产性较差。

2.3 理想品种筛选

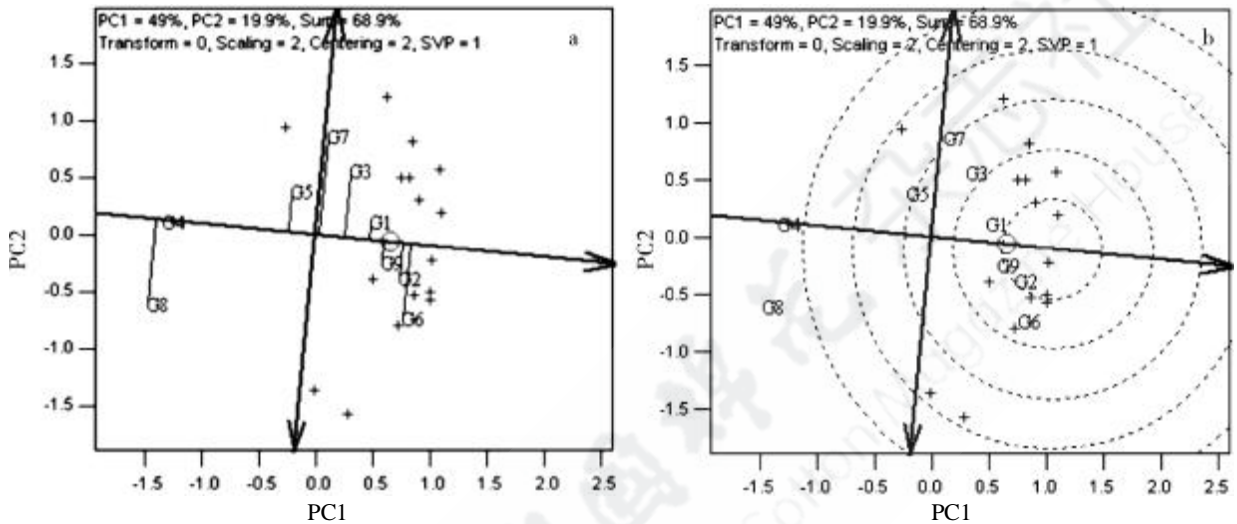
理想品种是既高产又稳产的品种,在 GGE 双标图中是指距原点距离等于各品种向量最长的投影长度,且位于 AEA 轴正方向上的品种。各参试品种与理想品种在双标图中的相对距离表示品种的理想程度,并以理想品种为圆心作若干个同心圆以便于直观比较和筛选相对理想的品种。各品种的理想程度分析表明(图 1b),中 CJ408(G2)和南农 12 号(G9)最理想,其次是当杂棉 02-3(G1)和鄂杂棉 10 号(G6),而 SGKZ35(G8)和爱杂 13 号(G4)的综合表现欠佳。

2.4 品种适宜种植区域划分

GGE 双标图的“适宜品种与环境组合”功能图最适合用于品种生态区探索与品种适宜种植区域划分。这种功能图首先连接双标图中最外围的基因型形成多边形,将所有的基因型均包围在多边形内,再从双标图的原点作多边形各边的垂线,将多边形划分为不同的扇区,在同一扇区内

的试点即构成了一个试点组合。每个扇区中位于多边形角顶上的品种就是在该扇区内各个试点上表现最好的品种，而参试品种所在扇区内的试点所代表的生态区域也就是其扇区内品种的最适宜种植区域^[25]。从图 2 可见，鄂杂棉 10 号(G6)、中 CJ408(G2)和南农 12 号(G9)的最适宜种植区域包括湖北的武汉、荆州、江陵、黄冈和襄阳，江西

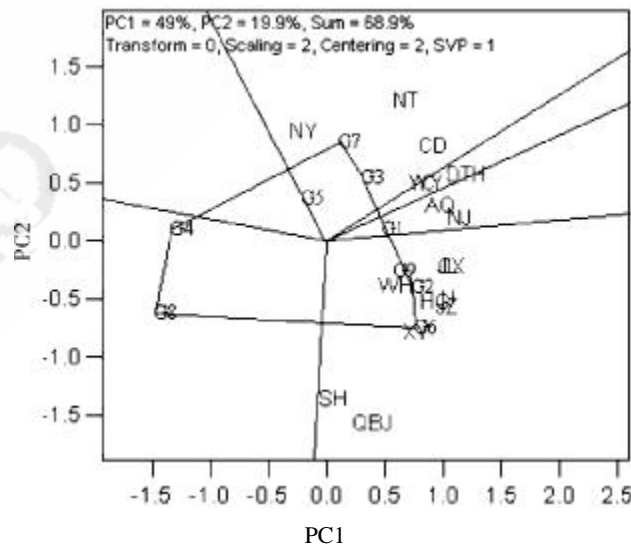
九江，浙江慈溪和四川成都与射洪植棉区。同杂棉 8 号(G7)、湘丰棉 5 号(G3)和川杂棉 33(G5)适宜在湖南常德、岳阳，江苏南通和河南南阳植棉区种植。当杂棉 02-3(G1)适合在江苏南京和安徽安庆所在棉区种植。而爱杂 13 号 (G4)和 SGKZ35(G8)不适宜在长江流域棉区种植。



注: G1~G9 为品种代号,详见表 2;加号(+)表示试点图标位置。

Note: G1-G9 were the cultivar codes, see table 2 for the detailed information; The plus sign (+) stands for the test location mark position.

图 1 2012 年长江流域棉花区试皮棉产量 GGE 双标图的“丰产性与稳产性”功能图(a)与“理想品种”功能图(b)
Fig. 1 The “mean vs. stability” view(a) and “ideal cultivar” view (b) of GGE biplot based on lint cotton yield in the national cotton regional trial in YaRV in 2012



注: QBJ、SH、CD、DTH、YY、JZ、JL、XY、WH、HG、NY、JJ、AQ、NJ、YC、NT 和 CX 为试点代码。

Note: QBJ, SH, CD, DTH, YY, JZ, JL, XY, WH, HG, NY, JJ, AQ, NJ, YC, NT and CX were test location code.

图 2 2012 年长江流域棉花区域试验皮棉产量 GGE 双标图的“适宜种植区域划分”功能图
Fig. 2 The “which-won-where” view of lint cotton yield GGE biplot depicting the best adaptive planting region for the cultivars in the national cotton regional trial in YaRV in 2012

2.5 试点鉴别力与代表性评价

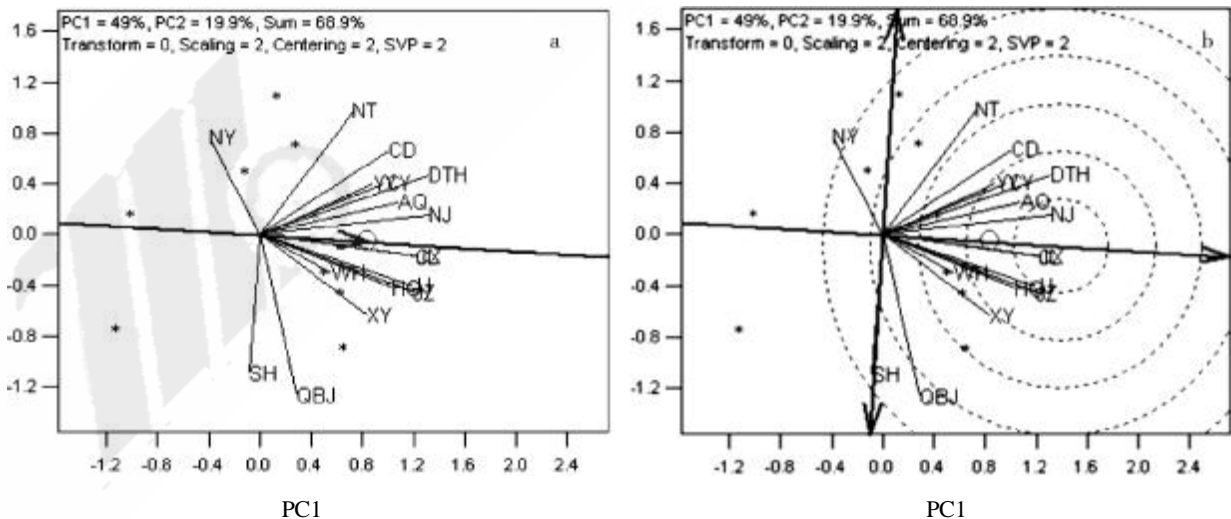
在 GGE 双标图中试点向量的长度表示其对参试品种间遗传差异的鉴别能力(Discrimination ability), 而试点向量与 AEA 轴的夹角大小表示对目标环境的代表性(Representativeness)强弱, 向量长度与鉴别力成正比, 而夹角大小与代表性成反比^[21]。图 3a 表明, 成都、益阳、南通等试点的鉴别力强, 而武汉试点的鉴别力差。江陵和慈溪试点的代表性强, 南京、九江、黄冈和荆州等试点次之, 南通和成都试点代表性稍差。射洪试点向量与 AEA 轴垂直, 表明该试点上品种的表现与平均表现无关, 即在该试点上针对整个目标环境的品种皮棉产量选择没有效果。南阳试点的向量与 AEA 轴之间为钝角, 即其品种排序与平均表现排序负相关, 故不适合作为针对长江流域的品种选择环境, 但可能适宜作为特殊适应性育种的选择环境。

2.6 理想试点筛选

理想试点应当具有最强的鉴别力和对目标环境的代表性。GGE 双标图中理想试点指位于 AEA 轴正方向上, 且向量长度等于最长试点向量的鉴别力和代表性最强的坐标位置, 用实际试点图标到理想试点距离评价试点的理想程度, 数值越小则试点的综合表现越好^[23]。GGE 双标图的

“理想试点”功能图中的同心圆的圆心即为理想试点坐标, 同心圆有助于试点的理想程度比较。图 3b 表明, 慈溪和江陵试点最理想, 南京、九江和安庆等试点次之, 而南阳、射洪和成都等试点不理想。

在遗传力校正的 GGE 双标图中, 试点鉴别力评价参数用近似等于试点向量长度的试点遗传力平方根(\sqrt{H})表示, 代表性评价参数用近似等于试点向量与 AEA 轴夹角余弦值的遗传相关系数(r)表示, 而试点的理想指数用近似等于试点向量在 AEA 轴上垂直投影长度的遗传力平方根与遗传相关系数的乘积($r\sqrt{H}$)表示^[19-20]。由表 2 可见:(1) 依据遗传力平方根大小可将试点按鉴别力排序为: 益阳 > 南京 > 成都 > 荆州 > 九江 > 江陵 > 慈溪 > 南通 > 常德 > 黄冈 > 安庆 > 射洪 > 襄阳 > 岳阳 > 盐城 > 南阳 > 武汉。(2) 依据遗传相关系数大小, 试点代表性强弱可依次排序为: 江陵 > 慈溪 > 南京 > 九江 > 安庆 > 荆州 > 黄冈 > 益阳 > 武汉 > 岳阳 > 盐城 > 襄阳 > 常德 > 南通 > 成都 > 射洪 > 南阳。(3) 依据理想指数对试点的综合评价优劣排序为: 南京 > 益阳 > 江陵 > 荆州 > 慈溪 > 九江 > 安庆 > 黄冈 > 常德 > 岳阳 > 襄阳 > 盐城 > 南通 > 武汉 > 成都 > 射洪 > 南阳。



注: QBJ、SH、CD、DTH、YY、JZ、JL、XY、WH、HG、NY、JJ、AQ、NJ、YC、NT 和 CX 为试点代码; 星号(*)表示品种的图标位置。

Note: QBJ, SH, CD, DTH, YY, JZ, JL, XY, WH, HG, NY, JJ, AQ, NJ, YC, NT and CX were test location code; The asterisk sign(*) stands for the cultivar mark position.

图 3 2012 年长江流域棉花区试皮棉产量 GGE 双标图的“鉴别力与代表性”功能图(a)和“理想试点”功能图(b)
Fig. 3 “Discrimination and representativeness” view (a) and “ideal location” view (b) of lint cotton yield GGE biplot in the national cotton regional trials in YaRV in 2012

表 2 2012 年长江流域国家棉花区域试点评价参数

Table 2 The Discrimination ability, representativeness and desirability parameters of the test locations of national cotton regional trials in YaRV in 2012

试点 Trial location	鉴别力		代表性		理想指数	
	Discrimination ability		Representativeness		Desirability index	
	\sqrt{H}	位次 Rank	r	位次 Rank	\sqrt{H}	位次 Rank
安庆 Anqin	1.109	11	0.958	5	1.063	7
常德 Changde	1.199	9	0.800	13	0.960	9
慈溪 Cixi	1.234	7	0.997	2	1.229	5
益阳 Yiyang	1.390	1	0.921	8	1.280	2
黄冈 Huanggang	1.112	10	0.946	7	1.052	8
九江 Jiujiang	1.261	5	0.965	4	1.216	6
江陵 Jiangling	1.237	6	0.997	1	1.233	3
荆州 Jingzhou	1.291	4	0.955	6	1.232	4
南京 Nanjing	1.330	2	0.984	3	1.309	1
南通 Nantong	1.214	8	0.548	14	0.666	13
南阳 Nanyang	0.863	16	-0.512	17	-0.442	17
成都 Chengdu	1.301	3	0.278	15	0.362	15
射洪 Shehong	1.106	12	-0.012	16	-0.014	16
武汉 Wuhan	0.638	17	0.904	9	0.577	14
襄阳 Xiangyang	1.057	13	0.832	12	0.880	11
盐城 Yancheng	0.974	15	0.881	11	0.858	12
岳阳 Yueyang	1.051	14	0.899	10	0.945	10

3 讨论

农作物品种区域试验中普遍存在的基因型与环境互作效应使农作物育种很难根据作物的表型变异选择可重复的遗传变异,并据此针对目标区域选择和推广应用最适宜的优良新品种。中国区域试验中品种评价主要依据品种的平均表现及其超过对照品种的增产率,而品种的稳定性常被忽视。只有充分研究分析和鉴别区域试验中品种的特殊适应性,将品种的适宜区域划分和稳定性参数纳入评价体系,品种评价和应用才能更加科学合理,与生产的联系才能更加紧密。

基因型与环境互作效应的表达既可能受到作物生长环境中土壤类型、经度、纬度、海拔高度等固定因子的影响,也可能受到病虫害发生情况、温度、湿度、降水量、田间管理措施等可变因子的影响。在可重复和不可重复外界因素的影响下,基因型与环境互作效应在年际间和试点间的

表现差异很大^[26-27]。基因型与环境互作效应在作物区域试验方差分析中占总变异的比例通常高于基因型主效。因而,通过分析基因型与环境互作将有助于了解基因型的广泛适应性和特殊适应性^[28],对基因型与环境的互作效应的估计和应用是作物品种区域试验中合理进行品种评价、试验环境评价和生态区划分的理论基础。前人比较和总结了多次试验中基因型与环境互作在年际间和试点间表现的规律和一般模式,以期利用可重复的基因型与环境互作来提高品种选择效率,主要方法包括方差分析、线性回归分析、互作方差分解法、移动乘式模型、AMMI 模型,以及与上述模型分析相关的聚类分析和排序等。Westcott 对分析基因型与环境互作的各种方法作了综合评价,认为在没有一个真正的环境估计值之前,直线回归法及其有关的稳定性参数都不能作为一种合适的方法推荐^[29]。

目前,区域试验中最常用的两种基因型与环

境互作效应分析方法是 AMMI 模型分析^[30-31]和 GGE 双标图分析^[24-25]。Zobel 等提出了加性主效应乘积互作效应(AMMI)模型,用传统的方差分析分解基因型与环境的加性主效应,并与用主成分分析(PCA)方法剖分残差的乘式互作效应相结合^[2]。通常方差分析是加性模型,可以有效地分解主效应,并能检测基因型与环境互作效应的显著性,但不能提供基因型与环境互作的具体模式。Yan 将依据 AMMI 模型产生的双标图称为 GE 双标图,并提出了将 G 与乘积项 GE 合并进行主成分分析的分析方法,而由此产生的双标图称为 GGE 双标图^[4]。GGE 双标图解释的平方和比例中同时包括基因型和基因型与环境互作效应,因而比 AMMI 双标图解释的百分比要高,比 AMMI 双标图更精确和实用^[5]。GGE 双标图作为探索和研究作物基因型与环境交互作用模式的重要方法,已经在作物区域试验数据分析中广泛地应用,而 HA-GGE 双标图是对 GGE 双标图的升级,更适合于在区域试验中进行品种和试点评价。本研究应用 HA-GGE 双标图方法全面分析了 2012 年长江流域棉花区试中的品种丰产性和稳产性、理想品种和试点筛选、品种适宜种植区域划分、试点代表性和鉴别力等实际问题,充分展示了 HA-GGE 双标图在棉花区试数据分析中的应用效果。研究表明,皮棉产量的基因型、环境、基因型与环境互作效应均达极显著水平,其中环境主效是处理变异的主要来源,而基因型与环境互作效应对变异的贡献大于基因型主效,从而证实了对棉花区域试验中基因型与环境互作效应研究和应用的必要性。本研究对其它作物区域试验中的应用也起到了示范作用,可为进一步完善和规范中国农作物品种区域试验的评价体系提供理论依据。

参考文献:

- [1] GAUCH H G, Zobel R W. Identifying mega-environments and targeting genotypes[J]. *Crop Science*, 1997, 37(2): 311-326.
- [2] ZOBEL R W, Wright M J, Gauch H G. Statistical analysis of a yield trial[J]. *Agronomy Journal*, 1988, 80(3): 388-393.
- [3] GAUCH H G. Model selection and validation for yield trials with interaction[J]. *Biometrics*, 1988, 44(3): 705-715.
- [4] YAN W, Hunt L A, Sheng Q, et al. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot [J]. *Crop Science*, 2000, 40(3): 597-605.
- [5] YAN W, Kang M S, Ma B, et al. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data [J]. *Crop Science*, 2007, 47(2): 643-655.
- [6] GAUCH H G. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE[J]. *Crop Science*, 2006, 46(4): 1488-1500.
- [7] GAUCH H G, Piepho H, Annicchiarico P. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: further considerations [J]. *Crop Science*, 2008, 48(3): 866-889.
- [8] 张志芬, 付晓峰, 刘俊青, 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 [J]. *作物学报*, 2010, 36(8): 1377-1385.
ZHANG Zhi-feng, Fu Xiao-feng, Liu Jun-qin, et al. Yield stability and testing-site representativeness in national regional trials for oat lines based on GGE-biplot analysis [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2010, 36(8): 1377 - 1385.
- [9] YAN W, Pageau D, Fregeau-Reid J, et al. Oat mega-environments and test-locations in Quebec [J]. *Canadian Journal of Plant Science*, 2011, 91(1): 1-7.
- [10] BADU-APRAKU B, Oyekunle M, Obeng-Antwi K, et al. Performance of extra-early maize cultivars based on GGE biplot and AMMI analysis [J]. *The Journal of Agricultural Science*, 2012, 150(4): 473-483.
- [11] RAKSHIT S, Ganapathy K N, Gomashe S S, et al. GGE biplot analysis to evaluate genotype, environment and their interactions in sorghum multi-location data [J]. *Euphytica*, 2012, 185(3): 465-479.
- [12] 孙敏, 蒋文敏, 李慧英, 等. 应用 GGE 双标图进行向日葵杂交种产量稳定性分析 [J]. *黑龙江农业科学*, 2010(9): 11-13.
SUN Min, Jiang Wen-min, Li Hui-ying, et al. Analysis of stable-production character by GGE biplot on sunflower hybrids [J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2010(9): 11-13.
- [13] 罗俊, 张华, 邓祖湖, 等. 应用 GGE 双标图分析甘蔗品种(系)的产量和品质性状 [J]. *作物学报*, 2013, 39(1): 142-152.
LUO Jun, Zhang Hua, Deng Zu-hu, et al. Analysis of yield and quality traits in sugarcane varieties (lines) with GGE-biplot [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2013, 39(1): 142-152.
- [14] RAMBURAN S, Zhou M, Labuschagne M T. Investigating test site similarity, trait relations and causes of genotype × environment interactions of sugarcane in the Midlands region of South Africa [J]. *Field Crops Research*, 2012, 129(1): 71-80.
- [15] SPJVASTAVA R K, Rathore A, Vales M I, et al. GGE biplot based assessment of yield stability, adaptability and mega-environment characterization for hybrid pigeonpea (*Cajanus cajan*) [J]. *The Indian Journal of Agricultural Sciences*, 2012, 82(11): 20-25.

- [16] 常磊, 柴守玺. GGE 双标图在我国旱地春小麦稳产性分析中的应用[J]. 中国生态农业学报, 2010, 18(5): 988-994.
CHANG Lei, Chai Shou-Xi. Application of GGE biplot in spring wheat yield stability analysis in rainfed areas of China[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2010, 18(5): 988-994.
- [17] SHARMA R C, Rajaram S, Alikulov S, et al. Improved winter wheat genotypes for Central and West Asia[J]. Euphytica, 2013, 190(1): 19-31.
- [18] BAXEVANOS D, Goulas C, Rossi J, et al. Separation of cotton cultivar testing sites based on representativeness and discriminating ability using GGE biplots[J]. Agronomy Journal, 2008, 100(5): 1230-1236.
- [19] 许乃银, 张国伟, 李健, 等. 长江流域棉花纤维比强度选择的理想试验环境筛选[J]. 棉花学报, 2013, 25(2): 121-128.
XU Nai-yin, Zhang Guo-wei, Li Jian, et al. Identifying ideal test environments for cotton fiber strength selection in the Yangtze River Valley[J]. Cotton Science, 2013, 25(2): 121-128.
- [20] YAN W, Holland J B. A heritability-adjusted GGE biplot for test environment evaluation[J]. Euphytica, 2010, 171(3): 355-369.
- [21] 严威凯. 双标图分析在农作物品种多点试验中的应用[J]. 作物学报, 2010, 36(11): 1805-1819.
YAN Wei-kai. Optimal use of biplots in analysis of multi-location variety test data[J]. Acta Agronomica Sinica, 2010, 36(11): 1805-1819.
- [22] YAN W. Singular-value partitioning in biplot analysis of multi-environment trial data[J]. Agronomy Journal, 2002, 94(5): 990-996.
- [23] YAN W. GGE biplot - A windows application for graphical analysis of multi-environment trial data and other types of two-way data[J]. Agronomy Journal, 2001, 93(5): 1111-1118.
- [24] YAN W, Tinker N A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications[J]. Canadian Journal of Plant Science, 2006, 86(3): 623-645.
- [25] YAN W, Kang M S. GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists [M]. Boca Raton, FL.: CRC Press, 2003.
- [26] ABAY F, Bjørnstad A. Specific adaptation of barley varieties in different locations in Ethiopia[J]. Euphytica, 2009, 167(1): 181-195.
- [27] BERGER J D, Ali M, Basu P S, et al. Genotype by environment studies demonstrate the critical role of phenology in adaptation of chickpea (*Cicer arietinum* L) to high and low yielding environments of India[J]. Field Crops Research, 2006, 98(2/3): 230-244.
- [28] COOPER M, Woodruff D R, Eisemann R L, et al. A selection strategy to accommodate genotype-by-environment interaction for grain yield of wheat: managed-environments for selection among genotypes[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 90(3): 492-502.
- [29] WESTCOTT B. Some methods of analysing genotype-environment interaction[J]. Heredity, 1986, 56(2): 243-253.
- [30] GAUCH H G. Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs[M]. Amsterdam, The Netherlands: Elsevier, 1992.
- [31] 曾献英. AMMI 模型在棉花区域试验中的应用[J]. 棉花学报, 2004, 16(4): 233-235.
ZENG Xian-ying. Application of AMMI model to analyze regional trial data of cotton[J]. Cotton Science, 2004, 16(4): 233-235.
-