

随机区组产量比较试验综合分析软件

孙志强 田佩占 王继安 阎日红

(吉林省农业科学院大豆研究所)

完全随机区组试验是高级产量比较试验中最常用的试验设计。为了满足人们对随机区组产量试验资料进行统计分析的需要,我们编制了一组试验分析软件。应用该软件,可以迅速准确地对单一试点,单一年份多个试点或多年份多试点资料进行综合分析,充分发掘试验数据提供的信息,对试验材料作出全面客观的评价。

一、软件的组成及其功能

软件的源代码是用 TURBOC 语言写成,在长城系列微机上编译调试通过。软件由 2 个可执行文件和其它示范数据文件组成。

REGINAL1.EXE 适用于多试点及多年份多试点试验资料的分析,输出方差分析,基因型×年份(多年份资料),基因型×地点效应分析,稳定性方差分析(多年份资料),基因型稳定性参数和产量多重比较结果。

REGINAL2.EXE 可用于单一试点资料的分析,输出方差分析和多重比较结果。

DATA1 多年份多试点试验数据示范文件。

DATA2 多试点试验数据示范文件。

DATA3 单一试点试验数据示范文件。

RESULT1 DATA1 的运算结果示范文件。

RESULT2 DATA2 的运算结果示范文件。

RESULT3 DATA3 的运算结果示范文件。

REGINAL.DOC 软件使用说明。

程序最多可以对 4 个年份,10 个试点,每个试点 30 个基因型,重复 5 次的随机区组试验进行分析。

二、数学过程和统计模型

(一)单位面积产量的标准化

原始数据可能是以测产面积的产量表示的,不同试验环境的测产面积也有可能各不相同,为了对试验资料进行分析,必须将结果矫正到统一的单位面积产量,本软件是将产量矫正到公斤/公顷。假定原始数据的产量是 x 公斤,测产面积 y 平方米。那么,矫正后的产量为:

$$y_1 = 10\,000x/y$$

实际分析时,如果数据需要标准化,使用者只需保证原始数据文件的产量单位是公斤,并在程序运行过程中按照计算机给出的提示消息以平方米为单位输入各试验环境的测产面积,计算机就会将各试验环境的产量数据标准化。

(二)单一试验地点资料的分析

假定有 v 个基因型参加试验,重复 r 次,软件按固定模型对资料进行方差分析(表 1)。

表1 单一试验地点资料的方差分析

变异来源	自由度(DF)	均方(MS)	期望均方(EMS)
区组间	$r-1$	MS_r	$\sigma_e^2 + vk^2$
基因型间	$v-1$	MS_v	$\sigma_e^2 + rk^2$
误差	$(r-1)(v-1)$	MS_e	σ_e^2
总变异	$rv-1$		

用 LSD 法对产量平均数进行多重比较:

基因型 a 和 b 间产量差异标准误:

$$S_{y_a - y_b} = (2MS_e/r)^{0.5}$$

$$LSD_{0.05} = t_{0.05} \times S_{y_a - y_b}$$

$$LSD_{0.01} = t_{0.01} \times S_{y_a - y_b}$$

$t_{0.05}$ 和 $t_{0.01}$ 需要在程序运行过程中根据提示信息输入。其自由度是误差均方的自由度。

(三) 单一年份多个试点资料的分析

1. 方差分析

假定试验在 u 个试验环境进行, 有 v 个基因型参加试验, 每个试验环境设 r 次重复。软件假定环境和区组为随机效应, 品种为固定效应进行方差分析(表 2)。

$$Y_{ijk} = \mu + \tau_i + v_j + (\tau v)_{ij} + b_{jk} + e_{ijk}$$

Y_{ijk} 是第 i 个基因型在第 j 个环境第 k 次重复的观察值; μ 是总平均数; τ_i 是第 i 个基因型效应; v_j 是第 j 个环境效应; $(\tau v)_{ij}$ 是第 i 个品种和第 j 个环境的互相效应; b_{jk} 是第 j 环境第 k 次重复的效应; e_{ijk} 是误差效应。

表2 单一年份多试验地点资料的方差分析

变异来源	自由度(DF)	均方(MS)	期望均方(EMS)
环境内区组间	$u(r-1)$	MS_r	$\sigma_e^2 + v\sigma_e^2$
环境间	$u-1$	MS_u	$\sigma_e^2 + r\sigma_u^2 + rv\sigma_e^2$
基因型间	$v-1$	MS_v	$\sigma_e^2 + ruk^2$
环境×基因型	$(u-1)(v-1)$	MS_{uv}	$\sigma_e^2 + r\sigma_{uv}^2$
误差	$u(r-1)(v-1)$	MS_e	σ_e^2
总变异	$ruv-1$		$\sigma_e^2 + r\sigma_u^2$

注: $k^2 = \sum \tau_i^2 / (v-1)$

2. 互作效应分析

假定试验总平均值为 Y , 基因型平均值为 Y_i , 环境平均值为 Y_j , i 基因型在 j 环境的平均值为 Y_{ij} , 那么,

$$Y = \sum_{i=1}^v \sum_{j=1}^u Y_{ijk} / (vur); Y_i = \sum_{j=1}^u \sum_{k=1}^r Y_{ijk} / (ur); Y_j = \sum_{i=1}^v \sum_{k=1}^r Y_{ijk} / (vr); Y_{ij} = \sum_{k=1}^r Y_{ijk} / r.$$

$$\text{基因型效应 } \tau_i = Y_i - Y \quad \text{环境效应 } v_j = Y_j - Y$$

$$\text{基因型} \times \text{环境效应 } (\tau v)_{ij} = Y_{ij} - Y_i - Y_j + Y$$

3. 适应性分析

品种对地点的适应性可以用基因型×环境互作效应方差及其相对变异系数来估计, 这两个参数越小, 品种的适应性就越好。

第 i 个基因型的互作效应方差 ik_{uv}^2 可以用下面的公式估计:

$$ik_{uv}^2 = (rv \sum_{j=1}^u (\tau v)_{ij}^2 - (v-1)(u-1)\sigma_e^2) / rv(u-1)$$

第 i 个基因型的基因型×环境互作变异系数为:

$$i_{uv}^2(\%) = (ik_{uv}^2)^{0.5} / Y_i \times 100$$

4. 稳定性参数

目前, 对基因型的稳定性有许多种估计参数, 本软件根据 Eberhart 等(1966)和 Tai (1971)提出的模型分别估计了基因型稳定性参数, 供用户参考。

(1) Eberhart 和 Russell 模型。 $Y_{ij} = \mu_i + \beta I_j + \delta_{ij}$ ($i=1, 2, \dots, v; j=1, 2, \dots, u$)

Y_{ij} 是第 i 个基因型在第 j 个环境下的品种平均数; μ_i 是该品种在所有环境下的平均数; β 是衡量该品种对各种环境反应的回归系数; I_j 是环境指数, 实际上等价于前面估计的环境

效应 v_j , 满足 $\sum I_j = 0$; δ_{ij} 是该基因型在 j 环境的回归离差。

Eberhart 等人提出的第一个稳定性参数是 b_i , 它是 β 的估计值。根据上面的模型:

$$b_i = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2}$$

每个基因型的表现可以用 $Y'_{ij} = Y_i + b_i I_j$ 估计。于是, 模型中的离差 δ_{ij} 为: $\delta_{ij} = Y_{ij} - Y'_{ij}$, 这些离差的平方和就是 Eberhart 等提出的另一个稳定性参数 $S_{\delta_i}^2$, 即离差的方差, 其估计值为:

$$S_{\delta_i}^2 = \frac{\sum_j \delta_{ij}^2}{(v-2)} - S_e^2/r$$

式中的 $\sum_j \delta_{ij}^2$ 可以按下面的公式计算:

$$\sum_j \delta_{ij}^2 = \left[\sum_j Y_{ij}^2 - Y_i^2/n \right] - \frac{(\sum_j Y_{ij} I_j)^2}{\sum_j I_j^2}$$

Eberhart 和 Russell 关于“稳定品种”的定义是, 在不良条件下表现相对较好, 但是在适合条件下并不一定是最好的。育种家的目的是选育在所有环境下产量均高于总平均的品种, 因此, 要求 $b_i = 1.0$, 并且 $S_{\delta_i}^2$ 尽可能小。

(2) Tai 模型。 $Y_{ijk} = \mu + \tau_i + v_j + \alpha_i v_j + b_{jk} + e_{ijk}$

Y_{ijk} 是第 i 个基因型在第 j 个环境第 k 次重复的观察值; μ 是总平均数; τ_i 是第 i 个基因型效应; v_j 是第 j 个环境效应; α_i 是直线响应系数; δ_{ij} 是第 i 个品种的直线响应离差; b_{jk} 是第 j 环境第 k 次重复的效应; e_{ijk} 是误差效应。假定品种为固定效应, 重复和环境为随机效应, 那么, 在统计上满足:

$$\sum_{i=1}^m \tau_i = 0, \sum_{i=1}^m (\tau v)_{ij} = 0, \sum_{j=1}^v v_j \neq 0, \sum_{j=1}^v (\tau v)_{ij} \neq 0, \sum_{j=1}^v \sum_{k=1}^r b_{jk} \neq 0$$

上面的 $(\tau v)_{ij} = \alpha_i v_j + \delta_{ij}$ 。

Tai 根据上述统计模型定义了稳定性参数 α_i 和 λ_i ; α_i 是第 i 个基因型对环境的直线响应, λ_i 是直线响应的离差。一个完全稳定性的品种的 $\alpha_i = -1, \lambda_i = 1$; 而一个具有平均稳定性的品种的 $\alpha_i = 0, \lambda_i = 1$ 。只有基因型 \times 环境互作效应显著时, 稳定性分析才有实际意义。

根据 Tai 的定义, 第 i 个品种的稳定性参数 α_i 和 λ_i 可以用下面的公式估计:

$$\alpha_i = vr S_{v \cdot (\tau v)_i} / (MS_e - MS_r)$$

$$\lambda_i = vr (S_{v \cdot (\tau v)_i}^2 - \alpha_i S_{v \cdot (\tau v)_i}) / [(v-1)MS_e]$$

$S_{v \cdot (\tau v)_i}$ 是环境效应与互作效应的样本协方差; $S_{v \cdot (\tau v)_i}^2$ 是第 i 个品种的互作效应的样本方差。实际计算时:

$$S_{v \cdot (\tau v)_i} = \sum_{j=1}^v [v_j \times (\tau v)_{ij}] / (u-1)$$

$$S^2(\tau v)_i = \sum_{j=1}^v (\tau v)_{ij}^2 / (u-1)$$

5. 产量的多重比较

用 LSD 法对基因型间的产量差异进行多重比较。基因型间产量差异标准误:

$$S_{y_a - y_b} = [2MS_e / (ru)]^{0.5}$$

$$LSD_{0.05} = t_{0.05} \times S_{y_a - y_b}$$

$$LSD_{0.01} = t_{0.01} \times S_{y_a - y_b}$$

t 值的自由度是 MS_e 的自由度, 既: $DF_e = u(r-1)(v-1)$ 。

(四) 多年份多试点试验资料的分析

1. 方差分析

假定试验共进行 w 个年份, 每年在 u 个试验环境进行, 有 v 个基因型参加试验, 每个试

验环境设 r 次重复。软件假定环境和基因型为固定效应,年份和区组为随机效应进行方差分析(表 3)。

表 3 多年份多试验地点资料的方差分析
(地点、基因型固定,年份随机)

变异来源	自由度(DF)	均方(MS)	期望均方(EMS)
环境内区组间	$u(r-1)$	MS_r	
年份间	$w-1$	MS_w	$\sigma_e^2 + r\nu\sigma_v^2$
地点间	$u-1$	MS_u	$\sigma_e^2 + r\nu\sigma_u^2 + r\nu w k_u^2$
地点×年份	$(w-1)(u-1)$	MS_{uw}	$\sigma_e^2 + r\nu\sigma_{uw}^2$
基因型间	$v-1$	MS_v	$\sigma_e^2 + r\nu\sigma_v^2 + r\nu w k_v^2$
基因型×年份	$(v-1)(w-1)$	MS_{vw}	$\sigma_e^2 + r\nu\sigma_{vw}^2$
基因型×地点	$(v-1)(u-1)$	MS_{vu}	$\sigma_e^2 + r\nu\sigma_{vu}^2 + r\nu w k_{vu}^2$
基因型×地点×年份	$(v-1)(u-1)(w-1)$	MS_{vuw}	$\sigma_e^2 + r\nu\sigma_{vuw}^2$
误差	$u(r-1)(v-1)$	MS_e	σ_e^2
总变异	$ruvw-1$		

注: $k_i^2 = \sum r_i^2 / (v-1)$, $i=1, 2, \dots, v$. $k_u^2 = \sum u_j^2 / (u-1)$, $j=1, 2, \dots, u$.
 $k_{vu}^2 = \sum (\tau\nu)_{ij}^2 / (u-1)(v-1)$.

线性统计模型为:

$$Y_{ijkl} = \mu + \tau_i + \nu_j + (\tau\nu)_{ij} + \omega_k + (\tau\omega)_{ik} + (\nu\omega)_{jk} + (\tau\nu\omega)_{ijk} + \rho_{\mu l} + \epsilon_{ijkl}$$

Y_{ijkl} 是第 i 个基因型在第 k 年份第 j 个环境第 l 次重复的观察值; μ 是总平均数; τ_i 是第 i 个基因型效应; ν_j 是第 j 个环境效应; $(\tau\nu)_{ij}$ 是第 i 个基因型和第 j 个环境的互作效应; ω_k 是第 k 个年份的效应; $(\tau\omega)_{ik}$ 是第 i 个基因型与第 k 个年份的互作效应; $(\nu\omega)_{jk}$ 是第 j 个环境与第 k 个年份的互作效应; $(\tau\nu\omega)_{ijk}$ 是基因型×地点×年份互作效应; $\rho_{\mu l}$ 是区组效应; ϵ_{ijkl} 是机误效应。

2. 互作效应分析

假定试验总平均值为 Y , 基因型平均值为 Y_i , 环境平均值为 Y_j , 年份平均值为 Y_k , 第 i 基因型在 j 环境的平均值为 Y_{ij} , 第 i 基因型在第 k 年份的平均值为 Y_{ik} , 那么,

$$Y = \frac{\sum_i \sum_j \sum_k \sum_l Y_{ijkl}}{(vuw)}; Y_i = \frac{\sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}}{(uwr)}; Y_j = \frac{\sum_i \sum_j \sum_k Y_{ijk}}{(vwr)};$$

$$Y_k = \frac{\sum_i \sum_j \sum_l Y_{ijkl}}{(vur)}; Y_{ij} = \frac{\sum_l Y_{ijkl}}{(wr)}; Y_{ik} = \frac{\sum_l Y_{ijkl}}{(ur)}.$$

基因型效应的估计值 $\tau_i = Y_i - Y$ 环境效应的估计值 $\nu_j = Y_j - Y$

年份效应的估计值 $\omega_k = Y_k - Y$

基因型×环境效应的估计值 $(\tau\nu)_{ij} = Y_{ij} - Y_i - Y_j + Y$

基因型×年份效应的估计值 $(\tau\omega)_{ik} = Y_{ik} - Y_i - Y_k + Y$

3. 适应性分析

(1) 基因型对不同地点的适应性。品种对地点的适应性可以用基因型×地点互作效应方差及其相对变异系数来估计。

第 i 个基因型的互作效应方差 ik_{vu}^2 可以用下面的公式估计:

$$ik_{vu}^2 = rvw \sum_1^v (\tau\nu)_i - (v-1)(u-1)\sigma_e^2 / rvw(u-1)$$

第 i 个基因型的基因型×环境互作变异系数为:

$$icv_{vu}(\%) = (ik_{vu}^2)^{0.5} / Y_i \times 100$$

(2) 基因型对不同年份的适应性。品种对地点的适应性可以用基因型×年份互作效应方差及其相对变异系数来估计。

第 i 个基因型的互作效应方差 ik_{vw}^2 可以用下面的公式估计:

$$ik_{vw}^2 = rvu \sum_1^v (\tau\omega)_i - (v-1)(w-1)\sigma_e^2 / tvu(w-1)$$

第 j 地点 U_j 的第 1 次重复的观察值为 Y_{ijk} ($i=1, 2, \dots, V; j=1, 2, \dots, u; k=1, 2, \dots, w; l=1, 2, \dots, r$), 那么, 数据在文件中的排列顺序如下:

```

W1  W2  ...Ww
U1  U2  U3..... Uu
V1  V2  V3..... Vv
Y1111...Y111r Y2111...Y211r.....Yv111...Yv11r
Y1211...Y121r Y2211...Y221r.....Yv211...Yv21r
.....
Y1uw1...Y1uwr Y2uw1...Y2uwr.....Yvuw1...Yvuwr

```

四、程序的运行

(一) 命令行参数

确认执行文件和数据文件在同一个目录或子目录下, 根据试验类型选用相应的可执行程序, 在 DOS 提示符下, 按照下面的格式输入命令, 然后回车。

```

单一试点试验      C:\reginal2 data3 result3
单一年份多试点试验 C:\reginall data2 result2
多年份多试点试验  C:\reginall data1 result1

```

命令行的第一个参数是执行文件名, 第二个参数是输入数据文件名, 第三个参数是输出数据文件名。除执行文件外, 其它两个文件名都是用户自己确定的。

(二) 程序运行过程中的人机对话

在程序运行过程中, 计算机会在屏幕上显示一系列提示信息, 需要用户作出相应的答复。下面是可能出现的提示及其说明:

1. 请输入试验年份、地点、材料和重复数:

```

年份数 = :
地点数 = :
材料数 = :
重复数 = :

```

依次从键盘回答年份数、地点数、基因型数和区组数。

2. 各试验地点产量是否需要矫正为标准产量—公斤/公顷(y/n)?

如果原始数据的单位是公斤/公顷, 数据不需要矫正, 回答“n”; 否则回答“y”。

3. 各试点测产面积是否相同(y/n)?

该提示是当提示 2 的答复是“y”时才出现。如果各试点的测产面积相同, 回答“y”; 否则回答“n”。

4. 请输入测产面积(平方米):

当提示 3 的答复是“y”时出现该提示信息。以平方米为单位从键盘输入测产面积。

5. 请输入各试点的测产面积(平方米):

当提示 3 的答复是“n”时出现该提示信息。以平方米为单位从键盘按照数据文件中各试验地点的顺序依次输入测产面积。如果以 S_{ij} 表示第 i 个年份第 j 个地点的测产面积, 其中, $i=1, 2, \dots, w$ 为年份; $j=1, 2, \dots, u$ 为地点; 那么, 从键盘上输入数据的顺序是: $S_{11} S_{12} \dots S_{1u} S_{21}$

$S_{22} \dots S_{2n} \dots S_{w1} \quad S_{w2} \dots S_{wn}$

6. 请输入 $t_{0.05(df)}$ 和 $t_{0.01(df)}$ 的值:

 $t_{0.05(df)} = :$
 $t_{0.01(df)} = :$

$t_{0.05(df)}$ 和 $t_{0.01(df)}$ 是自由度为 df 的 0.05 和 0.01 概率水平的 t 值。自由度 df 的值因试验和统计模型而异, 用户可以根据提示显示的自由度从键盘依次输入。

7. 运算结果已经存放在“result”。

谢谢使用本分析软件。

这是运算结束信息, 告诉用户分析结束, 结果已经以文本格式存入用户指定的输出数据文件。用户可以将输出结果直接调入其它文字编辑软件根据需要进行删改和加入文字材料, 编写试验总结或将其打印出来。

五、一个分析实例

1987~1989年5个大豆品种在四个地点的随机区组试验产量结果列于表4。

表4 5个大豆品种在3个年份4个地点的产量结果 (kg/40m²)

年 份	地 点	品种 1		品种 2		品种 3		品种 4		品种 5	
		区组 1	区组 2	区组 1	区组 2	区组 1	区组 2	区组 1	区组 2	区组 1	区组 2
1987	地点 1	6	7	9	8	7	8	11	9	8	6
	地点 2	7	8	9	9	3	4	12	12	9	5
	地点 3	9	8	9	10	4	5	10	10	8	8
	地点 4	5	6	8	9	5	4	10	10	7	6
1988	地点 1	5	6	7	8	9	9	9	9	7	8
	地点 2	7	6	14	11	3	5	12	11	8	8
	地点 3	10	9	10	10	6	4	11	11	6	7
	地点 4	6	6	10	11	3	4	10	11	9	8
1989	地点 1	6	4	10	11	7	7	10	9	6	8
	地点 2	8	6	10	11	3	3	12	11	7	6
	地点 3	9	10	9	10	4	5	12	11	8	4
	地点 4	7	5	10	10	4	4	12	12	8	6

(一) 建立数据文件

按软件要求建立一个数据文件 datal。datal 中的数据排列如下:

```

1987   1988   1989
地点 1 地点 2 地点 3 地点 4
品种 1 品种 2 品种 3 品种 4 品种 5
6  7  9  8  7  8  11  9  8  6  7  8  9  9  3  4  12  12  9  5
9  8  9  10  4  5  10  10  8  8  5  6  8  9  5  4  10  10  7  6
5  6  7  8  9  9  9  9  7  8  7  6  14  11  3  5  12  11  8  8
10 9  10  10  6  4  11  11  6  7  6  6  10  11  3  4  10  11  9  8
6  4  10  11  7  7  10  9  6  8  8  6  10  11  3  3  12  11  7  6
9  10  9  10  4  5  12  11  8  4  7  5  10  10  4  4  12  12  8  6

```

(二)运行程序

确认可执行文件和数据文件在同一目录下后(如根目录),输入命令:

C:\reginall datal resultl

回车后程序开始运行,按提示信息从键盘依次输入年份数、地点数、品种数、区组数、测产面积、 $t_{0.05(8)}$ 、 $t_{0.01(8)}$ 。运行结束后,结果存放在文件“RESULT1”中。

(三)运算结果

用文字编辑软件将输出数据文件“RESULT1”调入,可以得到如下输出结果:

表5 方差分析表
(模型:年份随机,地点、品种固定)

变异来源	自由度	平方和	均方	F值
区组	12	431250.000	35937.500	
年份	2	201041.667	100520.833	1.622
地点	3	497395.833	165798.611	2.885
地点×年份	6	344791.667	57465.278	0.927
品种	4	31701041.667	7925260.417	74.958
品种×年份	8	845833.333	105729.167	1.706
品种×地点	12	8286458.333	690538.194	7.562
品种×地点×年	24	2191666.667	91319.444	1.473
试验误差	48	2975000.000	61979.167	
总变异	119	47474479.167		

品种间差异标准误=93.865669

地点间差异标准误=64.280203

品种在地点间差异标准误=157.453697

表7 品种×年份互作效应 (公斤/公顷)

品种	1987	1988	1989	品种效应
品种1	68.750	-62.500	-6.250	-243.750
品种2	-160.417	52.083	108.333	454.167
品种3	49.917	41.667	-89.583	-722.917
品种4	-4.167	-104.167	108.333	704.167
品种5	47.917	72.917	-120.833	-191.667
年份效应	-47.917	52.083	-4.167	总平均=1972.917

表10 各品种的品种×地点及品种×年份互作方差

品种	平均值	品种×地点		品种×年份	
		互作方差	变异系数(%)	互作方差	变异系数(%)
品种1	1729.17	106521.99	18.87	-1861.98	0.00
品种2	2427.08	24722.22	6.48	13893.23	4.86
品种3	1250.00	241938.66	39.35	-169.27	0.00
品种4	2677.08	38611.11	7.34	5104.17	2.67
品种5	1781.25	7245.37	4.78	4908.85	3.93

表6 品种×地点互作效应 (公斤/公顷)

品种	地点1	地点2	地点3	地点4	品种效应
品种1	-289.583	-6.250	477.083	-181.250	-243.750
品种2	-195.833	212.500	-95.833	79.167	454.167
品种3	731.250	-402.083	-168.750	-160.417	-722.917
品种4	-279.167	212.500	-54.167	120.833	704.167
品种5	33.333	-16.667	-158.333	141.667	-191.667
地点效应	-22.917	27.083	85.417	-89.583	总平均=1972.92

表8 地点平均值 (公斤/公顷)

地点	地点1	地点2	地点3	地点4
平均值	1950.000	2000.000	2058.333	1883.333

表9 年份平均值 (公斤/公顷)

年份	1987	1988	1989
平均值	1925.000	2025.000	1968.750

表11 稳定性方差分析表

(模型:重复和环境随机,品种固定)

变异来源	自由度	平方和	均方	F值
区组	12	431250.000	35937.500	
环境	11	1043229.167	94839.015	0.101
品种	4	31701041.667	7925260.417	8.398
品种×环境	12	11323958.333	943663.194	15.225
试验误差	48	2975000.000	61979.167	
总变异	119	47474479.167		

表 12 品种稳定性参数

品 种	Eberhart		Tai	
	b(i)	离差方差	a(i)	$\lambda(i)$
品种 1	2.391	71328.814	2.240	3.300
品种 2	1.780	49895.339	1.256	2.824
品种 3	-0.359	202037.439	-2.189	8.114
品种 4	0.851	31633.669	-0.240	2.291
品种 5	0.337	5716.295	-1.068	1.243

表 13 产量的多重比较

品 种	平均 产量	产量差异(公斤/公顷)			
		品种 4	品种 2	品种 5	品种 1
品种 4	2677.1				
品种 2	2427.1	250.0*			
品种 5	1781.2	895.8**	645.8..		
品种 1	1729.2	947.8**	697.9**	52.1	
品种 3	1250.0	1427.1**	1177.1**	531.2**	479.2**

LSD_(0.05) = 216.45, LSD_(0.01) = 314.92

参 考 文 献

- (1)莫惠栋,《农业试验统计》,上海科学技术出版社,1984。
 (2)马育华,《植物育种的量遗传学基础》,江苏科学技术出版社,1982年。
 (3)徐金梧等编译,《Turbo C 使用大全》(第一、二册),北京科海培训中心,1990年。
 (4)Eberhart, S. A. and W. A. Russell. 1966. *Crop Science* 6, 36~40。
 (5)Lin, C. S. 1986. *Crop Science* 26(5), 894~900。
 (6)Tai, G. C. C. 1971. *Crop Science* 11, 184~190。

A SOFTWARE FOR ANALYZING DATA FROM YIELD TEST OF RANDOMIZED BLOCK DESIGN

Sun Zhiqiang, Tian Peizhan, wang Jian and Yan Rihong

(Soybean Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences)

ABSTRACT

A set of software for analyzing the data from yield tests of randomized block design were developed with TURBO C language. The programs were compiled and tested on Great Wall series of personal computers. The software can be used to analyze the data collected from different experiment of randomized block designs including single environment, multi-location, multi-year and multi location tests. The output of the software includes variance analysis, effects of genotype \times environment, parameters of adaptability and genotypic stability in terms of yield. It is useful in helping the users to fully exploit the information and to make object decisions from the experiment data.