

## 非介量穩定性分析法之研究

### I. 非介量與介量穩定性測量值間的比較<sup>1</sup>

呂 秀 英<sup>2</sup>

**摘要** 變異係數 (cv) 與直線迴歸係數 (b) 為目前用來評價各基因型之穩定性的方法中最常用且有效的穩定性介量,但是在實際應用上,不但須滿足一些統計前提,同時,在樣本數少時,其估計值亦容易受離值的影響而造成甚大的變異。基此,本研究即就 Nassar 及 Hühn 在1987年所提出的以順位觀點為主之非介量統計分析法的理論,配合 Yates 和 Cochran (1938) 之 5 個大麥品種在 6 種相異環境下的收量試驗資料作為應用上分析的材料,分別就全部資料及刪除高產區或低產區的離值資料進行分析,並與cv及b之評估結果作一比較,以測試該非介量法用以解釋穩定性問題的可靠性與適用性。

其結果顯示:非介量法較少受統計前提之限制,操作簡便,且增添或刪除一個以上的觀測值也不會造成估計值太大的變異,而其所表達的穩定性意義偏重於生物觀點。cv及b兩種穩定性介量之估計值間存在顯著正相關,但其與非介量穩定性測量值之間則無顯著相關。

穩定性為品種特徵之一,可有兩種不同的意義:(-)從純粹生物在自然界中生存的觀點,一個穩定的基因型係其表現型在所有變動環境下,均無大改變;(-)就農作物生產的立場,所謂穩定品種,是其在有利環境中產量可獲得增進,而在惡劣環境下也不致表現太差。表示穩定性的大小,由於著眼點之不同,有關的測定方法也往往不同。其中,變異係數 (coefficient of variation, cv) 是第一種意義下最具代表性的穩定性統計量,可用以測試各基因型在整個環境範圍內的穩定程度; cv 值小者,表示不論外在環境如何改變,其均能保持一致的表現<sup>(5)</sup>。但是就人類的經濟立場而言,當以育成具有高度穩定性及高生產力的品種為主要目標,因此根據第二種意義的農業觀點穩定性所提出的評價方法甚多,其中則以直線迴歸分析 (linear regression analysis) 為目前最常用且有效的方法。直線迴歸分析法係最早由 Yates 和 Cochran<sup>(10)</sup> (1938) 將大麥品種的平均產量,隨某環境下之平均產量作迴歸,而發現其可應用於評估基因型的穩定程度,繼之 Finlay 和 Wilkinson<sup>(4)</sup> (1963) 則在參試基因型甚多的前提下,將各基因型收量隨環境指標<sup>(3)</sup> (environment index, 以各環境之平均收量與整個試驗的總平均收量之偏差估計之) 作迴歸;該直線迴歸係數可以同時作為評價基因型是否符合生物或農業兩種不同觀點之穩定性的依據:就生物學觀點而言,迴歸係數 b 值接近 0,表示該基因型不論環境如何改變,均能保持其一一致的表現,倘若迴歸係數 b 值接近 1,則該基因型會隨著環境改善而表現增進,但也會因為環境不利而表現變差,基此,一般多以各基因型之表現平均值 (m) 與迴歸係數來選出產量高 (m值大於總平均值) 且最穩定 (b=1) 的品種,以符合農業觀點上穩定的要求。

以上方法均是在母族羣的分布已知或作特別的假設下進行擬定,屬於介量統計分析法 (parametric method)。其中,利用直線迴歸分析法來解釋穩定性的問題,不但性狀觀測值要服從常態分

1. 臺灣省農業試驗所 研究報告第 1463 號。

2. 本所農藝系副研究員。臺灣省 臺中縣 霧峰鄉。

布，尚須滿足兩個前提：(i) 直線關係成立，(ii) 所有基因型之迴歸剩餘機差均方互為均質 (homogeneous) <sup>(7)</sup>。當這些任一條件不符合時，所求得之穩定性介量的估計值便不足以代表基因型對環境之適應能力。除此外，如參試基因型與環境數不够多時，增添或刪除一個以上的觀測值，也容易造成估計值上極大的變異 <sup>(9)</sup>。基此，最近 Nassar 及 Hühn <sup>(8)</sup> (1987) 嘗試以非介量統計分析法 (non-parametric method) 來評價不同基因型的穩定性。一般而言，非介量統計分析具有計算簡便及毋需對母族羣的分布型作特別假設的特性，特別是樣本數少時，無法推定其分布型，也無法確知其介量，其測定結果為順序 (位) 或等級的大小關係，此時利用非介量統計分析法，其效率可比介量法為高；而即使已知母族羣為常態，該小逢機樣本採用以順位觀念為主之非介量法進行檢定，較利用一般常態檢定法所損失的效率也不致太大 (相對效率為 0.95, Conover <sup>(2)</sup> 1980)。但是，將非介量統計分析的觀念引用到穩定性分析，其實際應用上是否仍具有變異係數及直線迴歸分析法同樣的優點：操作簡單與符合生物解釋，並從而改善它們的缺點，實尚有待進一步考權與評鑑。

因此本研究之目的即針對此問題，利用 Yates 和 Cochran <sup>(10)</sup> 之 5 個大麥品種在 6 種相異環境下的產量區域試驗資料，配合 Nassar 及 Hühn 的非介量統計分析法，分別就全部資料及刪除離值 (高產區或低產區) 後的資料進行分析，並將其估得結果與變異係數、直線迴歸分析法所評估者作一比較，以測試該法的可靠性與適用性。

### 統計方法

#### 非介量統計分析法 <sup>(8)</sup>

此法係在各逢機樣本須滿足獨立性之前提下，設定虛無擬說 (null hypothesis) 為  $H_0$ ：所有基因型均具有相等的穩定性，即不同基因型在相異環境下都有相等的表現，因此，若是就每一環境內按不同基因型之性狀觀測值大小，由小到大給予順位 (rank)，則所有基因型在不同環境中的順位應無顯著之差異，在此觀點下，該相等穩定性之虛無擬說實包含了兩層涵義：基因型間沒有差異且基因型與環境間之交感效應不存在，但一般穩定性大小，是僅以基因型與環境之交感效應一項為分析對象，交感效應不存在，表示基因型穩定，其不易受外在環境的影響，並不包含基因型本身之間遺傳上的差異；為保證基因型間穩定程度不等係純粹由於交感效應的作用所引起，故須首先將基因型  $i$  ( $i=1 \cdots K$ ) 在環境  $j$  ( $j=1 \cdots N$ ) 之性狀觀測值  $x_{ij}$  減去基因型效應 ( $\bar{x}_i - \bar{x}..$ ) 以進行矯正，然後就每一環境內按不同基因型之矯正值  $x^*_{ij} (= x_{ij} - (\bar{x}_i - \bar{x}..))$  大小，決定順位  $r_{ij}$ ，並利用此結果定義兩個非介量穩定性測量值 (nonparametric measures of stability)：

$$\text{絕對順位差 } S_i^{(1)} = 2 \sum_{j=1}^{N-1} \sum_{j'=j+1}^N |r_{ij} - r_{ij'}| / [N(N-1)] \dots\dots\dots (1)$$

$$\text{及順位變方 } S_i^{(2)} = \sum_{j=1}^N (r_{ij} - \bar{r}_i.)^2 / (N-1), \dots\dots\dots (2)$$

其中  $\bar{r}_i. = \sum_{j=1}^N r_{ij} / N$ 。當  $S_i^{(1)}$  及  $S_i^{(2)}$  均等於 0 時，表示該基因型具有最大的穩定度。由於對一給定基因型  $i$  而言，在上述虛無擬說下，其順位  $r_{ij}$  為範圍自 1 到  $K$  之分立一致分布 (discrete uniform distribution) 的一個逢機樣本，故該兩個統計量近似於常態分布 <sup>(1)</sup>。所以可再利用統計量

$$S^{(m)} = \sum_{i=1}^K Z_i^{(m)} = \sum_{i=1}^K [S_i^{(m)} - E(S_i^{(m)})]^2 / \text{Var}(S_i^{(m)}), \quad m=1, 2 \dots\dots\dots (3)$$

而以自由度為  $K$  的  $\chi^2$  (chi-square) 分布進行擬說測驗。式中  $S_i^{(m)}$  的期望值 (平均值)  $E(S_i^{(m)})$  及變方  $\text{Var}(S_i^{(m)})$  則利用分立一致分布求得如下：

$$E[S_i^{(1)}] = (K^2 - 1) / (3K), \dots\dots\dots (4)$$

$$E[S_i^{(2)}] = (K^2 - 1) / 12, \dots\dots\dots (5)$$

$$\text{Var}(S_i^{(2)}) = \frac{m_4}{N} - \left[ \frac{N-3}{N(N-1)} (E[S_i^{(2)}])^2 \right], \dots\dots\dots (6)$$

其中  $m_4 = E[y - \mu]^4 = E[y^4] - 4\mu E[y^3] + 6\mu^2 E[y^2] - 3\mu^4, \dots\dots\dots (7)$

而  $y = S_i^{(2)}, \dots\dots\dots (8)$

$$\mu = E[y] = (K+1)/2, \dots\dots\dots (9)$$

$$E[y^4] = (K+1)(2K+1)(3K^2+3K-1)/30, \dots\dots\dots (10)$$

$$E[y^3] = K(K+1)^2/4, \dots\dots\dots (11)$$

$$E[y^2] = (K+1)(2K+1)/6, \dots\dots\dots (12)$$

但  $\text{Var}(S_i^{(2)})$  不易以公式求得，須利用 Nassar 及 Hühn<sup>(8)</sup> 經電腦模擬 (simulation) 所得的表 1 數值估計之。

**Table 1.\*** Variance of  $S_i^{(1)}$  for different combinations of K (number of genotypes) and N (number of environments) generated from a discrete uniform distribution (1, 2, ... K). Values are based on 5000 replications.

K	N																
	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
4	0.20	0.13	0.10	0.07	0.06	0.05	0.04	0.04	0.03	0.03	0.03	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02
5	0.31	0.21	0.16	0.12	0.10	0.09	0.07	0.06	0.05	0.05	0.05	0.04	0.04	0.03	0.03	0.03	0.03
6	0.46	0.30	0.23	0.18	0.15	0.13	0.11	0.09	0.08	0.07	0.07	0.06	0.06	0.05	0.05	0.05	0.04
7	0.61	0.42	0.32	0.25	0.20	0.16	0.14	0.13	0.12	0.11	0.09	0.09	0.08	0.07	0.07	0.07	0.06
8	0.81	0.56	0.42	0.33	0.26	0.22	0.20	0.18	0.16	0.14	0.12	0.12	0.11	0.10	0.09	0.09	0.08
9	1.04	0.72	0.53	0.40	0.35	0.29	0.25	0.22	0.19	0.17	0.16	0.15	0.14	0.12	0.12	0.11	0.10
10	1.25	0.87	0.65	0.53	0.44	0.37	0.32	0.25	0.26	0.21	0.19	0.19	0.16	0.16	0.14	0.13	0.13
11	1.63	1.06	0.86	0.57	0.52	0.43	0.38	0.34	0.29	0.26	0.24	0.23	0.20	0.19	0.18	0.16	0.16
12	1.87	1.25	0.94	0.74	0.59	0.51	0.45	0.40	0.34	0.32	0.29	0.28	0.24	0.26	0.22	0.20	0.19
13	2.24	1.51	1.03	0.93	0.69	0.60	0.55	0.47	0.42	0.38	0.35	0.32	0.29	0.23	0.26	0.24	0.23
14	2.62	1.69	1.36	1.00	0.86	0.74	0.64	0.52	0.47	0.45	0.39	0.36	0.34	0.31	0.29	0.27	0.26
15	2.96	2.02	1.56	1.10	1.03	0.84	0.71	0.65	0.54	0.50	0.44	0.42	0.39	0.37	0.34	0.31	0.29
16	3.30	2.18	1.60	1.35	1.08	0.92	0.77	0.73	0.61	0.60	0.52	0.47	0.45	0.40	0.38	0.35	0.34
17	3.78	2.51	1.86	1.63	1.22	1.05	0.89	0.80	0.72	0.66	0.60	0.53	0.49	0.48	0.43	0.41	0.37
18	4.25	2.89	2.03	1.75	1.46	1.22	1.04	0.87	0.75	0.72	0.67	0.61	0.55	0.53	0.50	0.46	0.44
19	4.62	3.11	2.36	1.98	1.61	1.33	1.14	1.02	0.93	0.82	0.73	0.69	0.63	0.58	0.54	0.50	0.49
20	5.08	3.56	2.76	2.17	1.85	1.46	1.23	1.19	0.99	0.90	0.86	0.74	0.70	0.66	0.61	0.57	0.52
21	5.90	3.83	3.13	2.34	1.87	1.56	1.34	1.27	1.09	1.02	0.91	0.82	0.78	0.73	0.67	0.63	0.60
22	6.28	4.23	3.29	2.55	2.14	1.77	1.49	1.32	1.22	1.12	1.01	0.93	0.85	0.79	0.71	0.67	0.65
23	6.82	4.77	3.57	2.79	2.27	1.86	1.67	1.45	1.32	1.21	1.11	0.98	0.94	0.86	0.80	0.85	0.77
24	7.48	5.18	3.61	2.93	2.45	2.23	1.76	1.60	1.44	1.29	1.21	1.09	1.02	0.96	0.86	0.85	0.77
25	8.29	5.61	4.31	3.41	2.60	2.33	2.04	1.73	1.59	1.45	1.32	1.22	1.11	1.04	0.92	0.89	0.84
26	8.45	6.07	4.46	3.62	3.05	2.45	2.19	2.01	1.75	1.48	1.40	1.29	1.20	1.08	1.01	0.97	0.90
27	9.60	6.67	4.72	3.92	3.21	2.77	2.37	2.13	1.81	1.63	1.51	1.36	1.23	1.21	1.12	1.05	0.99
28	9.97	7.03	5.15	4.07	3.63	2.85	2.44	2.23	1.84	1.77	1.59	1.47	1.38	1.28	1.22	1.11	1.04
29	10.98	7.47	5.54	4.53	3.73	2.98	2.59	2.34	2.09	1.98	1.77	1.58	1.50	1.32	1.25	1.21	1.14
30	11.52	7.80	5.77	4.78	3.77	3.46	2.85	2.60	2.11	2.01	1.87	1.70	1.57	1.48	1.39	1.27	1.20

\*This table is taken from Nassar and Hühn (1987).

$S_i^{(m)}$  ( $m=1, 2$ ) 的測驗結果，如不顯著，表示接受虛無擬說，即所有基因型均具有相等的穩定性；若是顯著，則拒絕虛無擬說，即至少有一基因型與其他基因型之穩定性不等，因此可再進行  $S_i^{(m)}$  間的個別差異比較。由於  $S_i^{(m)}$  近似於常態分布，故可按照一般多變域比較法 (multiple comparisons) 來測驗其之間的差異，而測驗臨界值可利用顯著學生氏變域表 (Significant Studentized Ranges)

查得自由度為 $\infty$ ，顯著水準為 $\alpha\%$ 的顯著學生氏變域值以進行檢定。(因  $S_i^{(m)}$  之變方已知，故自由度為無限值)。

除此，若只著重於某一特定基因型  $i$  是否穩定的問題，而並非考慮不同基因型之間穩定性的差異，則採以近似於自由度為 1 之  $\chi^2$  (chi-square) 分布的  $Z_i^{(m)}$  值來檢定。但是，這種測驗法錯放棄真的擬說的機會比一般限定的 $\alpha\%$ 顯著水準為高。

直線迴歸分析法<sup>(4)</sup>

$$x_{ij} = m_i + b_i z_j + e_{ij}, \dots\dots\dots (13)$$

即基因型  $i$  在環境  $j$  的性狀觀測值  $x_{ij}$  隨環境指標  $z_j (= \bar{x}_{.j} - \bar{x}_{..})$  作迴歸，利用最小自乘法 (least square method) 可估得截距 (平均收量)  $m_i$  及迴歸係數 (穩定性係數)  $b_i$ ；而  $e_{ij}$  為迴歸剩餘機差項，滿足平均為 0，變方為  $\sigma^2$  之常態分布。當直線性顯著存在，且各基因型之迴歸剩餘機差均方互為均質時，該直線迴歸分析法始具利用價值，可用以評估不同基因型間穩定性的差異。

變異係數<sup>(5)</sup>

$$cv_i = \frac{s_i}{\bar{x}_i} \times 100 \dots\dots\dots (14)$$

式中  $s_i^2 = \sum_{j=1}^N (x_{ij} - \bar{x}_i)^2 / (N-1)$ ， $s_i$  為  $s_i^2$  之開根方值。

結 果

利用 Yates 和 Cochran 之 5 個大麥品種在 6 種環境下生長的 3 次重覆平均之試驗資料(表 2)，依照非介量統計分析法的估算步驟，首先將各觀測值予以矯正後，再決定順位，其矯正值及順位列於

**Table 2.** Data on five barley varieties grown in six sites, used by Yates and Cochran (1938).  
Totals of three plots, in bushels per acre.

Site	Variety						Site Effect
	1	2	3	4	5	Mean	
1	161.7	187.7	200.1	196.9	182.5	185.8	- 16.4
2	247.0	257.5	262.9	339.2	253.8	272.1	69.9
3	185.4	182.4	194.9	271.2	219.2	210.6	8.4
4	218.7	183.3	220.2	266.3	200.5	217.8	15.6
5	165.3	138.9	165.8	151.2	184.4	161.1	- 41.1
6	154.6	143.8	146.3	193.6	190.1	165.7	- 36.5
Mean	188.8	182.3	198.4	236.4	205.1	202.2	

**Table 3.** Corrected values and their ranks on barley varieties grown in six sites.  
Totals of three plots, in bushels per acre.

Site	Variety				
	1	2	3	4	5
1	175.1(2)	207.6(5)	203.9(4)	162.7(1)	179.6(3)
2	260.4(2)	277.4(4)	266.7(3)	305.0(5)	250.9(1)
3	198.8(2)	202.3(3)	198.7(1)	237.0(5)	216.3(4)
4	232.1(5)	203.2(2)	224.0(3)	232.1(4)	197.6(1)
5	178.7(4)	158.8(2)	169.6(3)	117.0(1)	184.4(5)
6	168.0(4)	163.7(3)	150.1(1)	159.4(2)	187.2(5)

**Table 4.** Computations of the  $S_i^{(m)}$  ( $m=1, 2$ ) statistics and the chi-square tests for 5 varieties of balrey grown in 6 sites. The expected mean and variance under the null hypothesis are presented for each  $S_i^{(m)}$  statistic.

Variety	$\bar{r}_i$	$S_i^{(1)}$	$Z_i^{(1)}$	$S_i^{(2)}$	$Z_i^{(2)}$
1	3.17	1.53	0.03	1.77	0.07
2	3.17	1.40	0.25	1.37	0.55
3	2.50	1.40	0.25	1.50	0.34
4	3.00	2.27	2.78	3.60	3.49
5	3.17	2.20	2.25	3.37	2.55
$S^{(m)}$ $H_0: E\{S_i^{(m)}\}$ $Var(S^{(m)})$		1.60 0.16	5.56	2.00 0.73	7.00

表 3。然後將這些順位值，利用上述(1)~(2)式的計算式，可求得各種統計量及其期望值於表 4。 $S^{(1)} = 5.56$  及  $S^{(2)} = 7.00$  均小於顯著卡方臨界值 ( $\chi^2_{5,0.05} = 11.1$ )，故整體言之，該 5 個大麥品種之穩定性並無顯著差異。同時，就各單一品種來看，因無一  $Z_i^{(1)}$  或  $Z_i^{(2)}$  大於顯著卡方臨界值 ( $\chi^2_{1,0.05} = 3.84$ )，故根據非介量法評估結果，該 5 個大麥品種都屬於穩定的品種。

由表 2 之各環境效應值 (site effect) 可知，以地點 2 的效應值 69.9 最大，為最有利於生產的地區，而地點 5 之 -41.1 值最小，為低產區；該兩個地點列入區域試驗與否，皆可能會引起穩定性估計值極大的變異。因此，本研究即就不考慮地點 2 或地點 5，分別利用 cv、b 及兩非介量穩定性測量值  $S^{(1)}$ 、 $S^{(2)}$  重新測定該 5 個大麥品種在 5 種相異環境下的反應，結果列於表 5。其中各基因型之迴歸係數均顯著異於 0，且其迴歸剩餘機差均方之缺適性 (lack of fit) 檢定亦不顯著，即直線關係存在，同時各基因型之迴歸剩餘機差均方亦互為均質 (表 6)，故在此試驗中，直線迴歸分析滿足統計

**Table 5.** Phenotypic mean(m), regression coefficient(b), coefficient of variation(cv) and two nonparametric measures of stability ( $S^{(1)}$ ,  $S^{(2)}$ ) for the yields of the barley varieties.

		Variety				
		1	2	3	4	5
m	All+	188.8	182.3	198.4	236.4	205.1
	-H	177.7	167.2	185.5	215.8	195.3
	-L	193.5	190.9	204.9	253.4	209.2
b++	All	0.84	0.99	0.95	1.61	0.61
	-H	0.87	0.79	1.00	1.92	0.43
	-L	0.93	0.96	0.99	1.46	0.65
cv	All	19.46	23.34	20.69	28.89	13.36
	-H	14.62	14.21	15.79	23.90	7.71
	-L	20.16	21.58	20.64	23.85	13.61
$S^{(1)}$	All	1.53	1.40	1.40	2.27	2.20
	-H	1.60	1.40	1.40	2.40	2.00
	-L	1.60	1.60	1.60	2.40	2.20
$S^{(2)}$	All	1.77	1.37	1.50	3.60	3.37
	-H	1.70	1.70	1.30	4.20	2.80
	-L	1.70	1.70	1.70	4.00	3.20

+ : All = All site  
 -H = Excluding highest yielding site.  
 -L = Excluding lowest yielding site.

++ : All regression coefficients are significant at 5% level under  $H_0: b=0$  and their residual error are also nonsignificant when test against the experimental error.

前提，其評估結果具有相當的可靠性。但，顯然  $cv$  及  $b$  若作為穩定性介量，極易因某一地區資料的刪除，而改變其數值，尤其是刪除高產區的變異最大，此係因為高產的地點 2 離總平均效應 (0) 較遠於低產的地點 5。這三種穩定性分析法估得之四種穩定性係數 ( $b$ ,  $cv$ ,  $S^{(1)}$  及  $S^{(2)}$ )，由於刪除某些地區的觀測值所造成的變異程度，若以變異係數表示，則如表 7 可獲知， $cv$  的變異最大，而  $S^{(1)}$ ， $S^{(2)}$  較  $cv$  及  $b$  都為小 (除品種 3)，顯示採用非介量統計分析法來評估基因型之穩定性，確不易因增添或刪除一個以上的觀測值而造成估計值太大的變異。

由表 8 之相關分析結果， $b$  及  $cv$ ， $S^{(1)}$  及  $S^{(2)}$  之間均存在顯著或極顯著正相關，但穩定性介量 ( $cv$  及  $b$ ) 與兩非介量穩定性測量值之間則無顯著關係存在，故其所評估之結果並不一致。另外，平均收量  $m$  與  $S^{(1)}$ ， $S^{(2)}$  之間可能存在正相關的關係，不過從本研究的結果中，由於相關性並非總是存在，所以尚無法完全確定。

**Table 6.** Bartlett's test of homogeneity of variance on the regression error mean squares.

	Variety					$\chi^2$
	1	2	3	4	5	
All	175.6	198.6	207.0	339.6	136.7	0.85
-H	233.4	213.6	272.6	332.5	139.6	0.72
-L	168.6	260.5	255.2	260.2	171.3	1.93

$\chi^2_{5,0.05}=9.488$ .

**Table 7.** Coefficient of variation of  $b$ ,  $cv$ ,  $S^{(m)}$  ( $m=1, 2$ ) for 5 varieties of barley.

	Variety				
	1	2	3	4	5
$b$	5.21	11.81	2.70	14.10	20.80
$cv$	16.69	24.58	14.78	11.33	28.86
$S^{(1)}$	2.56	7.87	7.87	3.18	5.41
$S^{(2)}$	2.35	11.98	13.33	7.77	9.37

**Table 8.** Correlation among  $m$ ,  $b$ ,  $cv$ ,  $S^{(1)}$  and  $S^{(2)}$ .

		$b$	$cv$	$S^{(1)}$	$S^{(2)}$
$m$	All	0.71	0.47	0.82	0.84
	-H	0.66	0.49	0.92*	0.89*
	-L	0.75	0.35	0.86	0.89*
$b$	All		0.95*	0.30	0.32
	-H		0.98**	0.57	0.64
	-L		0.88*	0.35	0.43
$cv$	All			0.03	0.04
	-H			0.40	0.48
	-L			-0.12	-0.04
$S^{(1)}$	All				1.00**
	-H				0.93**
	-L				1.00**

\*, \*\*=significant at 5% and 1% level, respectively.

## 討 論

根據上述結果得知，利用非介量統計分析法來評估各基因型的穩定性，可具下列優點：(一)性狀觀測值毋須服從常態分布，(二)操作簡便，(三)增添或刪除一個以上的觀測值不會引起估計值太大的變異。不過，非介量法一般僅適用於樣本少時，當樣本數多時，已趨於常態分布，同時，少數一、二個離值的影響也不致太大，這時，再用非介量法效率已降低，而且對大樣本排順位亦有失操作簡便、計算容易的特性。

兩個非介量穩定性測量值在統計意義之解釋上雖然不同，但其間則存在極顯著之正相關，其所表達的穩定性觀點，應屬於第一種意義的穩定性（生物觀點），即一個穩定的基因型之表現在所有變動環境下均無大改變（絕對順位差  $S^{(1)} = 0$  及順位變方  $S^{(2)} = 0$ ）。因此，非介量法與變異係數（ $cv$ ）較著重於測定各基因型在整個環境範圍內的穩定性，而無法如同直線迴歸係數（ $b$ ）一般，可觀察出各基因型隨環境變化的反應趨勢，使有利於選拔出符合生物觀點（ $b=0$ ）或農業觀點（ $b=1$ ）的理想品種。

利用介量法  $cv$  或  $b$  來評價各基因型的穩定性，由於一些統計前提的限制，如樣本數須甚多，直線關係存在，及環境指標之設定不符合直線迴歸中自變數為獨立變數等<sup>(6)</sup>，往往造成穩定性估計值的偏誤，因而，其評價結果會受離值之影響而有不同，換言之，其所表達者祇是一種相對穩定性的觀念，故無法將所得結果進行試驗以外的預測。反之，非介量法在獨立隨機樣本之前提下，不需要假定母族羣的分布為已知，其所檢定之假設亦不為族羣上之任何介量，故較少受統計前提之限制，尤其是在小樣本的場合，效率反可比一般介量法為高，其用以檢定之統計量的估計值變異性甚小，增添或刪除一個以上的觀測值也不致影響穩定性之評估結果，可近似於絕對穩定性的觀念。因為，一個相對穩定的基因型，不一定就是絕對穩定，而一絕對穩定的基因型，在與其他絕對穩定的基因型相比較時，可能相對地反呈不穩定（如本研究的品種 4），所以穩定性的介量（ $cv$  及  $b$ ）與非介量穩定性測量值所評估之結果不盡然一致。 $cv$  及  $b$  兩穩定性介量之擬定均係建立在以性狀觀測值之變方成份為主之基礎，基本上互為等義，其所得結論誠然一致。綜言之，利用非介量法來評估各基因型的穩定性，是針對介量法的限制多、估計值變異性高等的缺點而被提出的一個極新的統計方法，尤其是適用於小樣本的場合，同時，其所表達的穩定性觀點更為如何建立一預測性穩定模式提供了一個可能的解決方向；唯，若能將之應用於農業試驗資料，以選出符合農業觀點的理想品種，則更能提高實際的利用價值，此當值得進一步地研究。

## 參考文獻

1. Belz, M. H. and R. Hooke. 1954. Approximate distribution of the range in the neighbourhood of low percentage points. *J. Am. Stat. Assoc.* 49 : 620-636.
2. Conover, W. J. 1980. *Practical Nonparametric Statistics*. 2nd. ed. John Wiley & Sons, Inc. pp213.
3. Eberhart, S. A. and W. A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.* 6 : 36-40.
4. Finlay, K. W. and G. N. Wilkinson. 1963. The analysis of adaptation in a plant breeding program. *Aust. J. Agric. Res.* 14 : 742-754.
5. Francis, T. R. and L. W. Kannenberg. 1978. Yield stability studies in short-season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. *Can. J. Plant Sci.* 58 : 1029-1034.
6. Freeman, G. H. and J. M. Perkins. 1971. Environmental and genotype-environmental components of variability. VIII. Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. *Heredity* 27 : 15-23.
7. Lin, C. S., M. R. Binns, and L. P. Lefkovich. 1986. Stability analysis: Where do we stand? *Crop*

Sci. 26 : 894-900.

8. Nassar, R. and M. Hühn. 1987. Studies on estimation of phenotypic stability: tests of significance for nonparametric measures of phenotypic stability. *Biometrics* 43 : 45-53.
9. Westcott, B. 1986. Some methods of analysing genotype-environment interaction. *Heredity* 56 : 243-253.
10. Yates, F. and W. G. Cochran. 1938. The analysis of groups of experiments. *J. Agric. Sci.* 28 : 556-580.

## **Studies on Nonparametric Method of Phenotypic Stability. I. Comparison Between Nonparametric and Parametric Measures<sup>1</sup>**

Hsiu-Ying Lu<sup>2</sup>

### **Summary**

Coefficient of variation (cv) and linear regression (b) are useful to evaluate the phenotypic stability of genotypes over environments. However, a proper use of these two parametric measures requires some statistical assumptions, and their estimates can be unduly influenced by one or two outliers for small samples. A nonparametric method for stability based on the ranks of genotypes in each environment is proposed by Nassar and Hühn (1987). The purpose of this study is to test the reliability and applicability of the nonparametric method by comparing the nonparametric with the parametric stability measures. The comparison is made using data on 5 genotypes (varieties) of barley in 6 environments (sites) from the yield trials of Yates and Cochran (1938), with and without excluding the highest or lowest yielding site.

Nonparametric measures requires less statistical assumptions, and are easy to use. Furthermore, addition or deletion of one or a few observations is not as likely to cause great variations in the estimates as would be the case for parametric stability measures. The nonparametric measures correspond to a biological concept of stability. The results indicated significant positive correlation between the cv and b, and showed no correlation between nonparametric and parametric stability measures.

---

1. Contribution No. 1463 from Taiwan Agricultural Research Institute.

2. Statistician, Department of Agronomy, TARI. Wufeng, Taichung Hsien, Taiwan 41301, R. O. C.