

应用 AMM 模型分析安徽省油菜区试品种的稳定性

林凯, 江莹芬, 郑冬梅, 余华胜, 汤继保, 陈峰 (1. 安徽省滁州市农业科学研究所, 安徽滁州239000; 2. 安徽省农业科学院作物研究所, 安徽合肥230031; 3. 安徽省滁州市农业技术推广中心, 安徽滁州239000)

摘要 通过将 AMM 模型应用于 2005~2006 年度安徽省油菜区试 C 组参试品种稳定性评价, 结果表明: AMM 模型优于传统的回归分析法, 10 个参试品种产量稳定性最好的是驰丰 1 号, 稳定性最差的为笑油 3 号。讨论 AMM 模型在分析品种稳定性时应注意的问题。

关键词 AMM 模型; 油菜; 基因型; 环境; 交互; 稳定性

中图分类号 S565.4 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2006)23-6091-02

Analysis of the Rape Variety Stability in Anhui Provincial Trial with the AMM Model

LIN Kai et al (Chuzhou Agricultural Science Research Institute, Chuzhou, Anhui 239000)

Abstract The AMM model was used in the analysis of variety stability from Anhui Provincial rape trial in 2005~2006. The result indicated the AMM model surpassed traditional analytic method. Chifeng No. 1 had the best yield stability and Xiaoyou No. 3 presented the lowest stability among all of varieties. The implications and relevant problems in the application of AMM analysis were also discussed.

Key words AMM model; Rape; Genotype; Environment; Interaction; Stability

作物品种区域化试验旨在鉴定品种的丰产性、稳定性和适应性。在区试中, 由于存在基因型与环境的交互, 使参试品种在不同地点的产量表现很不一致。进行品种的稳定性分析, 对于品种的准确筛选和正确应用有重要意义。近年来, AMM 模型已开始被应用于多点产量试验的分析, AMM 分析通过从加性模型的残差中分离模型误差与干扰, 可以提高估计的准确性, 并且借助于双标图可以直观地描绘和分析基因型与环境交互的模式, 笔者采用 AMM 模型对 2005~2006 年安徽省油菜区试产量资料进行品种的稳定性分析, 并且在 AMM 分析的基础上定量地比较参试品种的相对稳定性, 以期正确评价参试品种提供依据。

1 材料与方

资料来自 2005~2006 年度安徽油菜区试 C 组产量结果, 10 个油菜基因型依次为笑油 3 号、杂油 123、驰丰 1 号、F201、CNY0308、华油 2000、湘杂油 3 号、中油杂 8 号、中油 6306 和皖油 14, 同时在 8 个地点(五河县农科所、芜湖县农技推广中心、省农科院作物所、巢湖市农科所、滁州市农科所、六安市农科所、黟县农科所和怀宁县农科所)进行。以试点的产量作为分析指标。

AMM 模型是将方差分析和主成分分析综合在一起的, 且在一个模型中同时具有加性和倍加性参数的数学模型, 其模型方程为:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{s=1}^p \lambda_s \alpha_{is} \beta_{js} + \epsilon_{ij} \quad (1)$$

式中 $i = 1, 2, \dots, G; j = 1, 2, \dots, E; Y_{ij}$ 是第 i 品种在环境 j 的观察值。加性参数: μ 为总平均; α_i 为第 i 基因型与总平均的离差(即基因型主效应); β_j 为第 j 环境与总平均的离差(环境主效应)。倍加性参数: λ_s 为第 s 个交互作用主成分轴(PCA)奇异值的平方根。 α_{is} 为第 s 轴的基因型特征向量值, β_{js} 为环境特征向量值, 特征向量为标准向量, 而 λ_s 的单位与产量的单位相同。倍加性参数的方便取值为 $\lambda_s^{0.5} \alpha_{is}$ 和 $\lambda_s^{0.5} \beta_{js}$, 分别称为基因型 PCA(交互效应主成分)和环境 PCA; ϵ_{ij} 为提取 p 个 PCA 轴后留下的残差。 $\lambda_s^{0.5} \alpha_{is}$ 和 $\lambda_s^{0.5} \beta_{js}$ 的乘

积为基因型与环境的交互效应, 那么基因型(或环境)在其相应 PCA 轴上的得分就度量了其自身交互效应的大小。因此, 在 PCA 1~PCA 2 双标图上越接近坐标原点的基因型就越稳定。采用 $D_i = (\sum_{s=1}^p \alpha_{is}^2)^{0.5}$ 来度量基因型的相对稳定性。AMM 模型分析采用浙江大学唐启义教授的 DPS 数据处理系统 8.01 版分析试验数据。

2 结果与分析

2.1 线性回归分析与 AMM 分析的比较 表 1 为数学模型各效应的平方和分解。基因型 × 环境交互的变异是基因型产生的变异的 3 倍, 表明这种交互效应对产量有较大的影响。分别用线性回归模型和 AMM 模型分解基因型 × 环境交互效应, 结果如表 2 所示。回归模型对品种区域试验资料分析结果往往不尽人意, 基因型、环境和联合回归模型 3 者加起来才解释了交互效应作用平方和的 32.15%, 剩余残差仍然很大, 占 67.85%。而用 AMM 模型分析交互作用, 3 个交互效应主成分轴的平方和占整个交互效应平方和的 84.40%, 残差占 15.60%, 由此说明 AMM 模型在利用信息方面优于传统的回归模型, 这说明大多数品种对环境的反应可能不是线性关系, 线性回归分析方法在评价品种稳定性方面有一定的局限性, 而用 AMM 模型则充分地利用了交互作用所提供的信息。

表 1 AMM 模型分析总变异平方和分解

变异来源	总变异	基因型	环境	基因型 × 环境交互
DF	239	9	7	63
S^2	165.2124	7.7932	120.2652	22.9509

表 2 线性回归模型与 AMM 模型分析比较

项目	线性回归法			AMM 模型				
	联合回归	基因回归	环境回归	误差	PCA1	PCA2	PCA3	误差
DF	1	8	6	48	15	13	11	24
S^2	0.9413	2.7323	3.7067	15.5705	8.9658	7.0533	3.3499	3.5820
占交互平方比例	4.10	11.90	16.15	67.85	39.07	30.73	14.60	15.60

作者简介 林凯(1977-), 男, 安徽天长人, 农艺师, 从事油菜遗传育种、栽培技术研究及油菜区域试验汇总工作。

收稿日期 2006-09-11

2.2 品种稳定性分析 由于用试点数据进行分析, 无法对误差作出准确估计, 进而不能对基因型与环境交互主成分

轴 PCA 作显著性测验。但仍可根据基因型在主成分轴上的得分值进行品种的稳定性分析。10 个基因型在 3 个交互效应主成分轴上的得分如表 3 所示。而从表 3 的数据却难得到相对稳定性的比较结果。由表 2 可知,PCA1 和 PCA2 的平方和占交互平方和的 69.80%,表明整个互作的绝大部分变异集中在前面 2 个 PCA 轴。因此,据各基因型在 PCA1 (横轴) 和 PCA2(纵轴) 上得分可作双标图(图 1)。

表3 基因型在交互效应主成分轴上的得分

序号	基因型	交互效应主成分轴		
		PCA ₁	PCA ₂	PCA ₃
1	笑油3号	0.8136	0.7665	0.1336
2	杂油123	-0.4531	0.3345	0.3050
3	驰丰1号	0.0517	-0.2267	0.2142
4	F201	-0.2969	0.0594	0.3474
5	CNY0308	-0.5745	0.0344	-0.3606
6	华油2000	0.1340	-0.2935	-0.4314
7	湘杂油3号	-0.0916	-0.4505	0.5026
8	中油杂8号	-0.3424	0.4818	-0.3870
9	中油6306	0.3131	-0.4136	-0.2265
10	皖油14	0.4461	-0.2924	-0.0972

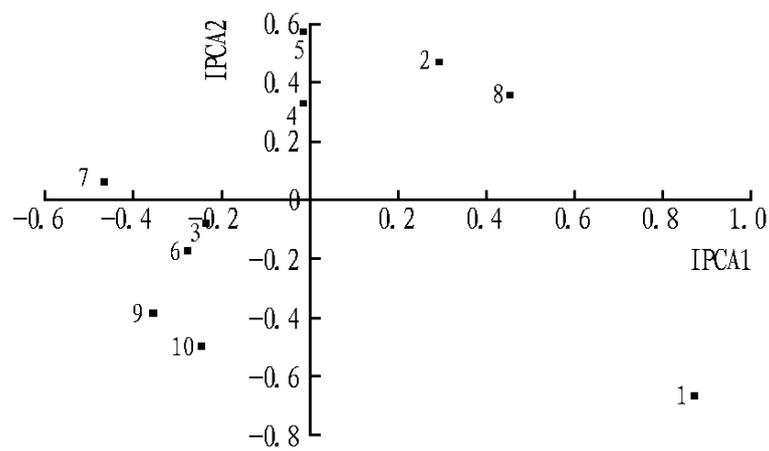


图1 各基因在PCA₁和PCA₂上的得分

从图1能够直观地看出每个基因型偏离坐标原点的距离。最靠近坐标原点是驰丰1号,而离坐标原点较远的是笑油3号,表明产量在各个环境中表现较稳定是驰丰1号,最不稳定是笑油3号,但图1只能作为品种稳定性评价的定性指标,并且当PCA轴多于3个以上时,不可能作出如图1那样直观的双标图来分析基因型的稳定性。

为了进一步定量评价基因型的稳定性,分别计算了基于PCA1~2轴和PCA1~3轴的稳定性参数 D_i ,同时也计算出传统的品种稳定性参数,结果如表4所示。各基因型基于PCA1~2轴估计的稳定性参数 $D_i(1)$ 的排序是驰丰1号>F201>华油2000>湘杂油3号>中油6306>皖油14>杂油123>CNY0308>中油杂8号>笑油3号;而基于PCA1~3轴估计的稳定性参数 $D_i(2)$ 的排序是驰丰1号>F201>华油2000>皖油14>中油6306>杂油123>CNY0308>湘杂油3号>中油杂8号>笑油3号。传统的线性回归分析是根据回归斜率的大小进行各基因型稳定性的排序,结果为笑油3号>华油2000>皖油14>中油6306>中油杂8号>杂油123>湘杂油3号>驰丰1号>F201>CNY0308,由于所有基因型离回归均方都极显著地大于0,各基因型对环境

的反应并不是线性关系,用回归系数的大小判断各基因型的稳定性是不适宜的。很容易看出,除了湘杂油3号和皖油14外,其余8个基因型的稳定性相对大小的排序在PCA1~2与PCA1~3空间中的结果存在较好的一致性。因此可以得到结论:驰丰1号产量稳定性最好,笑油3号产量稳定性最差。 $D_i(1)$ 和 $D_i(2)$ 的差异是由于在计算稳定性参数 D_i 时所利用的信息多少不同导致的,但从理论上来说, $D_i(2)$ 比 $D_i(1)$ 更能真实地反映品种间的稳定性差异。

表4 不同分析方法的基因型稳定参数

基因型	$D_i(1)$	$D_i(2)$	线性回归斜率
CNY0308	0.576	0.679	1.2995
F201	0.303	0.461	1.1284
驰丰1号	0.233	0.316	1.0954
湘杂油3号	0.460	0.681	1.0647
杂油123	0.563	0.640	1.0570
中油杂8号	0.591	0.706	1.0242
中油6306	0.519	0.566	0.9734
皖油14	0.533	0.542	0.8979
华油2000	0.323	0.539	0.8413
笑油3号	1.118	1.126	0.6182

3 讨论

(1) 基因型与环境互作是一个复杂的生物现象。人们在解决这类问题时,自然希望获得关于这一现象的实质性信息。与传统的回归模型相比较,AMM模型把方差分析和主成分分析结合于一个模型,具有这2种分析方法的优点。

(2) AMM是分析基因型与环境互作的一个有效方法,它能够估计出交互作用的特点,有助于建立可解释的非线性的生物学模型,并且可借助双标图直观形象地对品种的稳定性差异进行分析。

(3) AMM模型中的主成分轴的生物学意义至今还难以很好的解释^[4]。用双标图虽然形象直观,但是以丢失一些信息为代价,对分析结果往往会造成一定偏差^[4]。因此正确应用AMM模型,并结合各参试品种在区试中的实际表现,才能为育种项目和决策部门提供有价值的品种适应性信息。

(4) 试验用AMM模型对各参试种的稳定性进行了排序,但这种排序结果并不能作为衡量参试品种的优劣指标。不同年份气候的变化也会造成各参试品种的产量波动,因此还需进一步收集多年多点资料作分析,才能全面评价各参试品种的稳定性。

参考文献

- [1] 胡秉民,耿旭.作物稳定性分析[M].北京:科学出版社,1993.
- [2] 张泽,鲁成.基于AMM模型的家蚕品种稳定性分析[J].中国农业科学,1998,31(1):62-68.
- [3] CROSSA J, GAUCH H G. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials[J]. Crop Sci, 1990, 30:493-500.
- [4] 黄英姿,毛盛贤.基因型与环境互作研究的新进展[J].作物学报,1992,18(2):116-125.
- [5] 高驰 GAUCH H G JR. 产量区域试验统计分析[M].王磊,译.北京:中国农业科技出版社,2001.