



非等试验设计胚乳品质性状的遗传分析方法

左清凡^{1,3} 朱军² 刘宜柏³ 潘晓云³ 张建中¹

(1 湛江海洋大学 农学系, 广东 湛江 524088; 2 浙江农业大学 农学系, 浙江 杭州 310029;

3 江西农业大学 农学系, 江西 南昌 330045)

摘要: 根据朱军(1996)提出的包括基因型 × 环境互作的胚乳品质性状三倍体遗传模型, 运用蒙特卡罗模拟证明, 以混合线性模型统计分析的 MINQUE 法, 对非等试验设计获得的实验数据进行数量遗传分析是可行的. 蒙特卡罗模拟结果表明: 在样本群体大小基本一致条件下, 采用相等试验设计或非等试验设计所估算的遗传参数的偏差(Bias)和功效值(Power)没有明显差异, 表明以非等试验设计获得的非平衡数据也可用来进行遗传分析, 估算上述遗传模型中的各项遗传方差分量和协方差分量, 并且可以采用朱军(1993)提出的 AUP 法来预测遗传模型中的各项遗传效应值.

关键词: 品质性状; 非等试验设计; 遗传分析; 遗传模型; 基因型 × 环境互作

中图分类号: Q-332 **MR 分类号:** 62J10; 92D10 **文献标识码:** A

文章编号: 1001-9626(2001)01-0016-07

0 引言

长期以来, 对作物数量性状的遗传研究, 主要是应用 Fisher(1925)提出的方差分析方法, 以 Griffing(1956)双列杂交设计的遗传模型, 或 Mather 和 Jinks(1982)的世代平均数模型以及 Kearsey 和 Jinks(1968)提出的三重测交设计等遗传模型进行分析. 由于经典数量遗传分析的统计分析基础是 ANOVA 方法, 存在一些固有的局限性. 它不能无偏分析有不规则缺失的非平衡数据, 也无法分析具有生物学意义的复杂遗传模型. 近年来, 朱军和 Zhu(1992, 1994, 1996)结合我国的育种实践提出了一些新的遗传模型, 这些模型既可分析植株形态和种子数量性状, 也可以分析基因型 × 环境的互作效应. 但无论是植株形态或种子数量性状, 在分析基因型 × 环境互作效应时, 已有的报道都要求在不同的环境条件下具有相同的世代数(相等试验设计). 而由于在某些试验中难以保证不同环境条件下的相等试验设计, 即获得相同的世代数. 相反, 在不同环境下常会获得世代数不同的资料(称为非等试验设计), 这就给基因型 × 环境互作效应的分析带来不便, 也使遗传模型在实际应用中受到一定的限制.

收稿日期: 1998-12-11

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(39860036)

作者简介: 左清凡(1962-), 男, 江西安福人, 湛江海洋大学农学系副教授, 博士.

本研究根据包括基因型 × 环境互作的三倍体胚乳遗传模型运用蒙特卡罗模拟探讨不同环境条件下非等试验设计数量遗传分析的可能性. 证明利用在不同环境条件下, 获得的世代数不同的资料, 是否可以有效地估算包括基因型 × 环境互作遗传模型中各项方差分量和协方差分量.

1 非等试验设计三倍体胚乳性状遗传的模拟分析

作物品质性状大多是数量性状, 受环境条件的影响较大, 在不同环境下性状表现会有较大差异. 因此, 分析这些性状在不同环境下的遗传表现以及基因型 × 环境互作效应对于深入了解其遗传规律和选育优质作物新品种, 在理论上和实践上都具有重要意义. 显然, 在分析基因型 × 环境互作效应时, 须在不同的环境条件下实施遗传试验. 本研究以试验在各环境条件下获得相同世代数的资料称为相等试验设计, 相反, 在各环境条件下获得的世代数不同的资料称之为非等试验设计.

1.1 遗传模型与分析方法

当种子胚乳性状同时受到胚乳、细胞质和母体植株的基因控制, 同时还存在基因型 × 环境互作效应, 但不存在上位性效应和高价显性效应 (三个等位基因之间的互作) 时, 胚乳性状表现型值可由以下线性模型表示. 一组随机纯系亲本作遗传交配, 第 i 个母本与第 j 个父本的第 k 种交配类型在环境 h 的第 1 次重复的平均表现型值可以表示为

$$y_{hijk1} = \mu + E_h + G_{ijk} + GE_{hijk} + e_{hijk1}$$

其中, 群体平均数 μ 和环境效应 E_h 是固定效应; 剩余机误 e_{hijk1} 是随机效应, $e_{hijk1} \sim (0, \sigma_e^2)$; G_{ijk} 是世代平均数的遗传效应; GE_{hijk} 是基因型 × 环境互作效应. G_{ijk} 和 GE_{hijk} 的组成决定于不同亲本 (i, j) 及交配类型.

亲本遗传效应及其与环境互作的分量 ($k = 0, i = j$)

$$G_{ijk} + GE_{hijk} = 3A_i + 3D_{ij} + C_i + 2A_{mi} + D_{mij} + 3AE_{hi} + 3DE_{hij} + CE_{hi} + 2A_m E_{hi} + D_m E_{hij}$$

杂种一代 F_{1ij} 遗传效应及其与环境互作的分量 ($k = 1, i \neq j$)

$$G_{ijk} + GE_{hijk} = 2A_i + A_j + D_{ii} + 2D_{ij} + C_i + 2A_{mi} + D_{mii} + 2AE_{hi} + AE_{hj} + DE_{hii} \\ + 2DE_{hij} + CE_{hi} + 2A_m E_{hi} + D_m E_{hii}$$

杂种二代 F_{2ij} 遗传效应及其与环境互作的分量 ($k = 2, i \neq j$)

$$G_{ijk} + GE_{hijk} = 1.5A_i + 1.5A_j + D_{ii} + D_{jj} + D_{ij} + C_i + A_{mi} + A_{mj} + D_{mij} + 1.5AE_{hi} \\ + 1.5AE_{hj} + DE_{hii} + DE_{hjj} + DE_{hij} + CE_{hi} + A_m E_{hi} + A_m E_{hj} + D_m E_{hij}$$

以上各项效应分量均为随机效应, 其中直接加性效应 A_i 或 $A_j \sim (0, \sigma_A^2)$; 直接显性效应 D_{ii}, D_{jj} 或 $D_{ij} \sim (0, \sigma_D^2)$; 细胞质效应 $C_i \sim (0, \sigma_C^2)$; 母体加性效应 A_{mi} 或 $A_{mj} \sim (0, \sigma_{Am}^2)$; 母体显性效应 D_{mii}, D_{mjj} 或 $D_{mij} \sim (0, \sigma_{Dm}^2)$ 以及各项遗传效应与环境的互作相应为 AE_{hi}

或 $AE_{hj} \sim (0, \sigma_{AE}^2)$; DE_{hii}, DE_{hjj} 或 $DE_{hij} \sim (0, \sigma_{DE}^2)$; $CE_{hi} \sim (0, \sigma_{CE}^2)$; A_mE_{hi} 或 $A_mE_{hj} \sim (0, \sigma_{AmE}^2)$ 和 D_mE_{hii}, D_mE_{hjj} 或 $D_mE_{hij} \sim (0, \sigma_{DmE}^2)$. 由于胚乳基因的三分之二来自其母体植株, 因而直接遗传效应与母体遗传效应不是相互独立的, 存在加性遗传协方差 $Cov(A_i, A_{mi}) = \sigma_{A.Am}$ 和显性遗传协方差 $Cov(D_{ij}, D_{mij}) = \sigma_{D.Dm}$, 还存在加性 \times 环境的互作协方差 $Cov(AE_{hi}, A_mE_{hi}) = \sigma_{AE.AmE}$ 和显性 \times 环境的互作协方差 $Cov(DE_{hij}, D_mE_{hij}) = \sigma_{DE.DmE}$.

以上不同世代的包括环境互作效应的三倍体胚乳性状的遗传模型可以用以下混合线性模型表示

$$\begin{aligned} y &= Xb + U_A e_A + U_D e_D + U_C e_C + U_{Am} e_{Am} + U_{Dm} e_{Dm} + U_{AE} e_{AE} \\ &\quad + U_{DE} e_{DE} + U_{CE} e_{CE} + U_{AmE} e_{AmE} + U_{DmE} e_{DmE} + e_e \\ &= Xb + \sum_{u=1}^{11} U_u e_u \end{aligned}$$

其中 X 是固定效应向量 b 的系数矩阵, e_u 是第 u 项随机效应向量, $e_u \sim (0, \sigma_u^2 I)$; U_u 是随机效应向量 e_u 的系数矩阵 ($U = 1, 2, \dots, 10$), $U_{11} = I$ 是单位矩阵.

表现型向量 y 的方差 - 协方差矩阵为

$$\begin{aligned} Var(y) &= \sigma_A^2 V_1 + \sigma_D^2 V_2 + \sigma_C^2 V_3 + \sigma_{Am}^2 V_4 + \sigma_{Dm}^2 V_5 + \sigma_{AE}^2 V_6 + \sigma_{DE}^2 V_7 + \sigma_{CE}^2 V_8 + \sigma_{AmE}^2 V_9 \\ &\quad + \sigma_{DmE}^2 V_{10} + \sigma_{A.Am} V_{11} + \sigma_{D.Dm} V_{12} + \sigma_{AE.AmE} V_{13} + \sigma_{DE.DmE} V_{14} + \sigma_e^2 V_{15} \\ &= \sum_{u=1}^{15} \theta_u V_u \end{aligned}$$

其中 $V_u = U_u U_u^T$ ($u = 1, 2, \dots, 10$), $V_{11} = (U_1 U_1^T + U_4 U_4^T)$, $V_{12} = (U_2 U_5^T + U_5 U_2^T)$, $V_{13} = (U_6 U_9^T + U_9 U_6^T)$, $V_{14} = (U_7 U_{10}^T + U_{10} U_7^T)$, $V_{15} = I$; $\theta_1 = \sigma_A^2$, $\theta_2 = \sigma_D^2$, $\theta_3 = \sigma_C^2$, $\theta_4 = \sigma_{Am}^2$, $\theta_5 = \sigma_{Dm}^2$, $\theta_6 = \sigma_{AE}^2$, $\theta_7 = \sigma_{DE}^2$, $\theta_8 = \sigma_{CE}^2$, $\theta_9 = \sigma_{AmE}^2$, $\theta_{10} = \sigma_{DmE}^2$, $\theta_{11} = \sigma_{A.Am}^2$, $\theta_{12} = \sigma_{D.Dm}^2$, $\theta_{13} = \sigma_{AE.AmE}^2$, $\theta_{14} = \sigma_{DE.DmE}^2$, $\theta_{15} = \sigma_e^2$.

采用 MINQUE(0/1) 法 (朱军, 1992; Zhu & Weir, 1994a) 估算遗传模型中的各项方差和协方差分量 ($\hat{\theta}$), MINQUE(0/1) 方程组如下

$$[tr(Q_{(0/1)} V_u Q_{(0/1)} V_v)] [\hat{\theta}_u] = [y^T Q_{(0/1)} V_u Q_{(0/1)} y]$$

其中 $Q_{(0/1)} = V_{(0/1)}^{-1} - V_{(0/1)}^{-1} X (X^T V_{(0/1)}^{-1} X)^{-1} X^T V_{(0/1)}^{-1}$

$$V_{(0/1)} = \sum_{u=1}^{10} V_u + I = \sum_{u=1}^{10} U_u U_u^T + I$$

对于同样适用上述遗传模型的两个不同的胚乳性状 (a, b), 也可以应用 MINQUE(0/1) 法估算出它们之间的各项协方差分量 ($\hat{\theta}_{au/bu}$), MINQUE(0/1) 方程组如下

$$[tr(Q_{(0/1)} V_u Q_{(0/1)} V_v)] [\hat{\theta}_{au/bu}] = [y_a^T Q_{(0/1)} V_u Q_{(0/1)} y_b]$$

采用 AUP 法 (朱军, 1993, 1997) 预测上述遗传模型中的各项遗传效应值, 第 u 项遗传因素的效应值向量 e_u 的 AUP 预测值为

$$\hat{e}_u = k_u U_u^T Q_{(0/1)} y$$

其中调整系数 $k_u = \sqrt{(n_u - 1) \hat{\sigma}_u^2 / (y^T Q_{(0/1)} V_u Q_{(0/1)} y)}$.

根据以上遗传模型以及模拟参数的真实值, 首先产生区间 $(0, 1)$ 上具有均匀分布的伪随机数, 然后利用变换方法产生具有正态分布的伪随机数 (William et al, 1992), 再计算依遗传模型产生的理论观察值经 500 次模拟后各遗传参数的平均估计值及其偏差等。

对于遗传参数估计值的显著性检验, 可采用 Jackknife 重复抽样技术 (Miller, 1974; ZHu, 1992; 朱军等, 1993) 计算各估计值和预测值的标准误, 并用 t 测验进行检验。

1.2 试验设计与模拟结果

假定在环境 $h = 1$ 时只获得亲本或部分亲本以及各组合的正、反交 F_1 种子, 在环境 $h = 2$ 时获得亲本、 F_1 和 F_2 三个世代的种子 (见表 1 的设计 2); 或者当以水稻光、温敏核不育系为母本, 正常品种为父本作遗传实验时, 在不育期 ($h = 2$) 仅获得育性正常亲本和正交 F_1 (以不育系作母本, 育性正常品种作父本) 种子, 而不能得到不育系亲本种子, 在可育期 ($h = 1$) 时可进行反交配组, 因此可得到所有亲本和反交 F_1 种子 (如果得到的反交 F_1 种子量少, 可不用作测定), 第二年 ($h = 3$) 在不育期种植亲本并按交配设计使不育材料与正常早粳品种杂交得正交 F_1 种子, 同时也种植已获得的正、反交 F_1 可获得 F_2 种子 (试验设计方案见表 1 的设计 4)。

对上述两非等试验设计 (设计 2 和设计 4) 进行模拟, 在样本群体大小基本一致条件下, 以相等试验设计 (设计 1 和设计 3) 的模拟结果作比较, 通过蒙特卡罗模拟, 采用 MINQUE(0/1) 方法估算方差和协方差分量, 四种试验设计都分别以 500 次蒙特卡罗模拟的结果计算遗传参数 (θ) 的平均估计值 ($\hat{\theta}$)、遗传参数的估计偏差 (Bias = $\hat{\theta} - \theta$)、功效值 (Power) 以及效率系数 (CE) 等, 模拟结果表明 (见表 2); 当采用相等试验设计或非等试验设计时, 所估算的遗传参数及其偏差和功效值均不存在明显的差异, 这说明只要试验的遗传群体大小相似, 采用相等试验设计获得的非平衡数据与采用非等试验设计获得的非平衡数据进行遗传分析均可对遗传参数进行有效的估算。

表 1 四种试验设计方案各环境下观察个数及其组成

Table 1 Number and Composition of Each Sample for Four Kinds Experiment Design

项目	方案			
	试验包括二个环境		试验包括三个环境	
	设计 1(相等设计)	设计 2(非等设计)	设计 3(相等设计)	设计 4(非等设计)
环境 1 ($h = 1$)	$5P + 14F_1 + 14F_2$	$7P + 18F_1$	$4P + 6F_1 + 6F_2$	$7P$
环境 2 ($h = 2$)	$5P + 14F_1 + 14F_2$	$7P + 18F_1 + 18F_2$	$4P + 6F_1 + 6F_2$	$3P + 9F_1$
环境 3 ($h = 3$)			$4P + 6F_1 + 6F_2$	$9F_1 + 18F_2$
观察值总数目	66	68	48	46
涉及亲本数	5	7	4	7

P 为亲本, F_1 为杂种一代, F_2 为杂种二代。

表2 四种试验设计方案方案的蒙特卡罗模拟结果
Table 2 Results of Monte Carlo Simulation for Four Kinds of Experiment Design

遗传参数 (pa) ¹	参数值 (pv) ²	设计1(相等设计)			设计2(非等设计)			设计3(相等设计)			设计4(非等设计)		
		Bias	Power	CE	Bias	Power	CE	Bias	Power	CE	Bias	Power	CE
一个性状													
σ_A^2	20	1.60	0.58	1.85	-1.07	0.47	1.54	-0.45	0.46	1.73	1.19	0.48	2.32
σ_D^2	20	0.09	0.65	0.76	-0.33	0.54	0.66	-0.62	0.55	0.81	1.16	0.43	0.74
σ_C^2	20	-1.45	0.56	1.17	0.02	0.57	0.21	-0.01	0.47	1.16	-1.80	0.48	2.54
σ_{Am}^2	20	-0.08	0.68	1.51	0.63	0.56	1.37	1.08	0.56	1.15	-1.54	0.58	3.77
σ_{Dm}^2	20	0.68	0.72	0.91	-0.50	0.68	3.24	-0.94	0.75	0.90	2.07	0.48	1.67
σ_{AE}^2	20	1.01	0.58	1.33	0.98	0.46	1.06	-0.93	0.45	1.06	-0.99	0.37	0.60
σ_{DE}^2	20	-0.67	0.73	0.51	-0.24	0.64	0.47	0.54	0.63	0.48	0.21	0.53	1.61
σ_{CE}^2	20	-0.64	0.56	0.94	-0.53	0.48	2.11	0.35	0.54	0.94	0.69	0.48	2.17
σ_{AmE}^2	20	0.25	0.63	1.03	-0.90	0.55	1.21	-0.31	0.56	1.01	-1.59	0.59	3.75
σ_{DmE}^2	20	-1.44	0.78	0.67	0.06	0.68	3.32	-0.18	0.64	0.66	-1.92	0.58	2.25
$\sigma_{A.Am}$	10	0.07	0.46	2.60	-1.20	0.45	1.92	-0.99	0.36	1.94	-0.74	0.35	3.86
$\sigma_{D.Dm}$	10	0.80	0.53	1.56	-1.01	0.44	1.50	0.86	0.45	1.11	0.92	0.35	2.13
$\sigma_{AE.AmE}$	10	0.23	0.46	1.51	0.62	0.35	1.33	-0.91	0.44	1.38	1.09	0.36	3.40
$\sigma_{DE.DmE}$	10	0.53	0.51	1.63	0.81	0.34	1.06	0.90	0.44	1.03	0.89	0.35	1.97
σ_e^2	20	0.10	0.98	0.30	-0.14	0.92	0.33	-0.24	0.93	0.58	0.24	0.94	0.53
成对性状													
$\sigma_{A/A}$	10	1.25	0.46	1.93	-0.31	0.33	1.82	-0.02	0.41	1.87	-0.98	0.38	2.60
$\sigma_{D/D}$	10	-0.87	0.58	0.87	0.86	0.45	0.80	0.68	0.43	0.98	0.45	0.41	0.81
$\sigma_{C/C}$	10	-0.50	0.43	1.26	-0.90	0.49	2.62	-0.15	0.35	1.36	-0.51	0.36	2.56
$\sigma_{Am/Am}$	10	0.81	0.55	1.64	0.23	0.51	1.53	-0.82	0.43	1.26	-1.02	0.46	3.90
$\sigma_{Dm/Dm}$	10	-0.45	0.59	0.97	-1.13	0.58	2.60	-0.62	0.53	1.11	0.64	0.41	1.80
$\sigma_{AE/AE}$	10	0.90	0.45	1.33	0.52	0.41	1.20	0.75	0.38	1.26	0.98	0.28	0.90
$\sigma_{DE/DE}$	10	-0.83	0.56	0.65	0.52	0.51	0.58	0.75	0.58	0.56	-0.90	0.51	1.72
$\sigma_{CE/CE}$	10	-0.90	0.48	1.09	0.27	0.38	2.36	-0.30	0.41	1.44	1.14	0.40	2.30
$\sigma_{AmE/AmE}$	10	-0.91	0.53	1.13	1.16	0.46	1.33	0.22	0.55	1.21	1.00	0.58	3.91
$\sigma_{DmE/DmE}$	10	-0.54	0.63	0.77	-1.61	0.58	3.46	-0.81	0.51	0.86	0.86	0.45	2.37
$\sigma_{A/Am}$	10	-0.11	0.38	2.69	0.91	0.36	2.02	0.91	0.32	2.1	0.81	0.31	3.88
$\sigma_{D/Dm}$	10	0.46	0.46	1.69	-0.86	0.45	1.65	0.36	0.41	1.36	0.74	0.29	2.40
$\sigma_{AE/AmE}$	10	0.51	0.38	1.73	0.45	0.36	1.49	0.61	0.39	1.51	0.79	0.27	3.46
$\sigma_{DE/DmE}$	10	0.35	0.46	1.76	0.44	0.63	1.21	0.53	0.58	1.14	0.85	0.30	2.01
$\sigma_{e/e}$	10	0.06	0.92	0.51	-0.28	0.86	0.62	0.40	0.91	0.73	-0.80	0.93	0.72

1 genetic parameter; 2 value of parameter

从表 2 还可以看出, 非等试验设计某些参数估计值的 CE 稍大一些, 设计 4 与设计 3 相比较某些项的偏差也稍偏大, 即对某些项遗传参数的估算效果比相等试验设计要稍差一点, 但是非等试验设计方案需要做的杂交世代数少得多, 不必在每一环境下都作杂交, 因此杂交制种工作量大大减少. 更值得一提的是, 当某一环境下缺少某个世代 (如 F_2 世代), 甚至 F_1 和 F_2 世代都缺少的情况下仅获得亲本数据的资料同样可以加以利用 (见设计 4). 这就可以充分利用残缺不全的资料, 而不会因为某一环境下缺少某个世代, 而将此环境下的全部资料弃之不用. 因此, 对于某些特殊材料在进行遗传研究时无法保证各环境下具有相同的世代数, 采用非等试验设计估算包括基因型 \times 环境互作的胚乳数量性状的各项遗传参数也是可行的, 进而可利用 AUP 法预测遗传模型中的各项遗传效应值, 用 Jackknife 重复抽样技术计算各估计值和预测值的标准误, 并用 t 值测验对参数进行显著性检验.

2 讨论

近年来, 由于混合线性模型统计分析方法在数量遗传研究中的应用, 使以前 ANOVA 方法无法分析的复杂遗传模型迎刃而解. 使作物品质等重要经济性状的遗传规律能够在具有实际生物学意义的复杂遗传模型基础上进行探讨和研究, 从而有利于更加全面、正确地认识品质性状的遗传规律. 运用混合线性模型的 MINQUE 分析方法, 石春海和朱军采用三倍体胚乳性状的遗传模型分析了 6 个籼型不育系与 3 个恢复系杂交组合的碾磨、外观、蒸煮和营养品质性状 (石春海和朱军, 1992, 1993, 1994, 1995); 陈建国 (1996) 运用朱军提出的包括基因型 \times 环境互作的胚乳性状三倍体遗传模型对籼粳亚种间杂交水稻品质性状的遗传进行了较全面的研究. 这些研究表明, 对于平衡数据或者是具有不规则缺失的非平衡数据, MINQUE 统计分析方法可以估算其遗传模型中的各项方差分量, 并且应用朱军发展的调整无偏预测 (Adjusted Unbiased Prediction, 简称 AUP) 分析方法预测遗传效应值. 对非平衡资料以及复杂遗传模型能够进行有效分析的统计方法的应用已有力地促进了胚乳品质性状的遗传研究. 上述研究多数是在单个环境下进行, 没有包括基因型 \times 环境的互作效应; 由于包括基因型 \times 环境互作遗传模型的应用通常要求在各环境下具有相同的世代数 (即相等试验设计), 从而使得研究者对包括基因型 \times 环境互作效应遗传模型的应用谨慎待之. 陈建国 (1996) 在分析籼粳亚种间杂交水稻品质性状的基因型 \times 环境互作效应时, 在试验设计上也要求在每一环境下都应具有亲本 (P) 杂种一代 (F_1) 和杂种二代 (F_2) 种子. 本研究运用蒙特卡罗模拟证明; 在多环境下进行的遗传试验, 如果各环境下没有获得或试验无法保证具有相同世代数 (即本文所指的非等试验设计), 也可以无偏地估算基因型 \times 环境的互作效应, 这表明不论是多环境下相等试验设计的非平衡数据还是多环境下非等试验设计的非平衡数据都可以用来分析基因型 \times 环境的互作效应, 从而使研究者有机会充分利用遗传育种试验中积累的大量非平衡资料作遗传分析. 但必须指出, 经过对多种非等试验设计方案的模拟分析表明, 并不是任意的非等试验设计采用 MINQUE 法都可以无偏地估算遗传模型中的各项方差分量, 在模拟中我们发现如采用的非等试验设计不合理, 例如将设计 4 的第二个环境中 3 个亲本去掉, 经 500 次模拟其方差分量平均估计值偏差较大, 某些项的模拟参数偏差超出 30%. 此外, 在模拟中不但要注意参数估计值的无偏性, 还要注意参数估计值的变异性, 而非等试验设计的分析结果可能要略差于相等

试验设计, 主要是 $\text{Var}(\hat{\theta})$ 变异大, 导致 CE 增大. 但随着非等设计试验群体的增大, 其 CE 值与相等设计的 CE 值会渐趋相近. 所以, 为了保证非等设计的有效性和无偏性, 应用多环境下非等试验设计方案进行数量遗传分析, 宜首先运用蒙特卡罗模拟证明其试验设计的可行性.

[参 考 文 献]

- [1] 陈建国. 籼粳亚种间杂交水稻品质性状的遗传研究. 浙江农业大学博士论文. 1996.
- [2] 石春海, 朱军. 籼型杂交稻碾磨品质的遗传分析 [J]. 生物数学学报. 1992, 7(4):37-45.
- [3] 石春海, 朱军. 籼型杂交稻稻米外观品质的种子和母体遗传效应分析 [J]. 北京农业大学学报, 1993, 19(增刊): 69-74.
- [4] 石春海, 朱军. 籼稻米蒸煮品质的种子和母体遗传效应分析 [J]. 中国水稻科学, 1994, 8(3):129-134.
- [5] 石春海, 朱军. 稻米营养品质种子效应和母体效应的遗传分析 [J]. 遗传学报, 1995, 22(5):372-375.
- [6] 朱军. 广义遗传模型与数量遗传分析新方法 [J]. 浙江农业大学学报, 1994, 20(6):56-68.
- [7] 朱军. 包括基因型 \times 环境互作效应的种子遗传模型及其分析方法 [J]. 遗传学报, 1996, 23(1):56-58.
- [8] 朱军, 许馥华. 胚乳性状的遗传模型及其分析方法 [J]. 作物学报, 1994, 20(3):264-270.
- [9] Kearsley M J, Jinks J L. A general method of detecting additive, dominance and epistatic variation for metrical traits: I[J]. *Theory Heredity*, 1968, 23(4):403-409.
- [10] Mather K, Jinks J L. *Biometrical Genetics*[M]. 3rd edn, London: Chapman & Hall. 1982.
- [11] Zhu J, Weir B S. Diallel analysis for sex-linked and maternal effects[J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 92(1):1-9.
- [12] Zhu J, Weir B S. Analysis of cytoplasmic and maternal effects I a genetic model for diploid plant and animals[J]. *Theor Appl Genet*, 1994, 89(3):153-159.
- [13] Zhu J, Weir B S. Analysis of cytoplasmic and maternal effects II. Genetic model for triploid endosperms[J]. *Theor Appl Genet*, 1994, 89(3):160-166.
- [14] Zhu J. Mixed model approaches for estimating genetic variances and covariances[J]. *J Biomath*, 1992, 1992, 7(1):1-11.

Methods of Genetic Analysis for Triploid Endosperm Quality Traits for Unequal Experiment Design

ZUO Qing-fan^{1,3} ZHU Jun² LIU Yi-bo³ PAN Xiao-yun³ ZHANG Jian-zhong¹

(1 Department of Agronomy, Zhanjiang Ocean University, Guangdong Zhanjiang 524088 China)

(2 Department of Agronomy, Zhejiang Agricultural University, Zhejiang Hangzhou, 310029 China)

(3 Department of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, Jiangxi Nanchang, 330045 China)

Abstract: According to genetic model for triploid endosperms with interaction of genotype \times environment proposed by Zhu Jun(1994, 1996), it had been proved by Monte Carlo Simulation that minimum norm quadratic unbiased estimation is feasible for quantitative genetic analysis of data from unequal experiment design.

The results of Monte Carlo simulation indicated that the biases or power values of estimated genetic parameters did not exist significant difference between equal and unequal experiment design. Therefore, the unbalance data from unequal experiment designs could also be used as genetic analysis for estimating genetic variance components and genetic covariance components, and predicting genetic effect values.

Key words: Quality traits; Unequal experiment design; Genetic analysis; Genetic model; Genotype \times environment interaction