

文章编号 :1000 - 2340(2003)04 - 0311 - 06

## 三交组合 ADAA 模型和种子模型的 Monte Carlo 模拟分析

许自成<sup>1</sup>, 吕德彬<sup>1</sup>, 朱军<sup>2</sup>

(1. 河南农业大学农学院, 河南 郑州 450002;  
2. 浙江大学农业与生物技术学院, 浙江 杭州 310029)

**摘要** 采用 Monte Carlo 模拟验证了三交方式遗传模型及其统计方法的可靠性. 结果表明 (1) 采用 MINQUE(1) 法可以无偏地估计 ADAA 模型中的各遗传方差分量, 采用 MINQUE(0/1) 法可以无偏地估计种子模型中的各遗传方差分量; 在种子模型中, 当直接加性与母体加性效应间的协方差、直接显性与母体显性效应间的协方差不存在或不重要时, 可利用 MINQUE(1) 法对缩减的种子模型进行重新分析, 并获得无偏的分析结果. (2) 分析 ADAA 模型或种子模型需要亲本、单交  $F_1$  和三交  $F_1$  3 个世代, 在此基础上增加新的世代或扩大样本容量更有利于提高方差分量和遗传效应的估算(预测)效益. (3) ADAA 模型或种子模型中各遗传效应分量可采用 AUP 法进行无偏地预测.

**关键词** Monte Carlo 模拟; 三交; 遗传模型; MINQUE 法; AUP 法

**中图分类号** Q 348 **文献标识码** A

## Monte Carlo simulation for analyzing ADAA models and seed models based on the triallel mating design

XU Zi-cheng<sup>1</sup>, LÜ De-bin<sup>1</sup>, ZHU Jun<sup>2</sup>

(1. College of Agronomy, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China;  
2. College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China)

**Abstract** : Monte Carlo simulations were performed to prove the efficacy of the genetic models and its statistic methods for three-way cross. The results indicated that :1) unbiased estimates of genetic variance components could be obtained by methods of MINQUE(1) for ADAA models and MINQUE(0/1) for seed models; if covariance between direct additive and maternal additive effects, and that between direct dominance and maternal dominance effects do not exist or are negligible, MINQUE(1) method can be employed for re-analyzing the reduced models to obtain unbiased results. 2) Three generations including parents,  $F_1$  of single crosses and  $F_1$  of three-way crosses were necessary for the analysis of ADAA models or seed models. The precision of the estimates and predictors improved with increase of number of generations and/or increase of the sample size. 3) Genetic effects could be predicted without bias by adjusted unbiased prediction (AUP) method for both ADAA models and seed models.

**Key words** : Monte Carlo simulation; three-way cross; genetic model; MINQUE procedure; AUP method

三交方式常用来综合 3 个亲本的优良性状, 在自花授粉作物(如小麦纯系品种<sup>[1]</sup>)和异花授粉作物(如玉米改良单交种<sup>[2]</sup>)的新品种选育中得到广泛应用. RAWLINGS 和 COCKERHAM 曾提出三交组合设计的遗传模型及分析方法<sup>[3]</sup>, 由于杂交组合工作量大, 配置难度高, 容易产生有缺失的非平衡数据, 其应用研究并

收稿日期 2003 - 04 - 16

基金项目 河南省杰出青年科学基金资助项目(0112000900)

作者简介: 许自成(男, 河南汝南人, 河南农业大学农学院教授, 博士, 从事统计遗传和烟草营养遗传研究.)

不多见.近年来,许自成和朱军根据广义遗传模型的建模原理<sup>[4]</sup>,分别提出了三交设计的加性-显性-上位性模型(简称ADAA模型)<sup>[5]</sup>、加性-显性-细胞质-母体效应模型(简称种子模型)<sup>[6]</sup>,上述模型允许数据缺失,可采用MINQUE法估计遗传方差分量,采用AUP法预测各遗传效应值<sup>[7]</sup>,但尚缺乏有力的验证.本文在以前研究的基础上,对三交组合的ADAA模型和种子模型进行Monte Carlo模拟分析,以确定获得无偏估计值和预测值所需的最少世代数及亲本数.

## 1 模拟试验设计和分析方法

### 1.1 模拟试验设计

从某作物遗传群体中随机抽取 $p$ 个纯系亲本,按三交方式 $(A \times B) \times C$ 可组配 $\frac{1}{2}p(p-1)$ 个单交和 $\frac{1}{2}p(p-1)(p-2)$ 个三交,田间试验均采用随机区组设计,3次重复.具体设计如下:

ADAA模型试验设计1:包括亲本和三交 $F_1$ 两个世代,当亲本数分别为 $p=5,6$ 和7时,分别组配30,60和105个三交 $F_1$ 组合,单个环境实施遗传试验.

ADAA模型试验设计2:包括亲本、单交 $F_1$ 和三交 $F_1$ 3个世代,6个亲本、15个单交 $F_1$ 、60个三交 $F_1$ ,共计81个遗传材料,分单个环境和3个环境下实施遗传试验.

种子模型试验设计1:包括亲本、单交 $F_1$ 、三交 $F_1$ 3个世代,7个亲本、21个单交 $F_1$ 和105个三交 $F_1$ ,共计133个遗传材料,单个环境进行试验.分二倍体种子和三倍体胚乳两种遗传模型进行分析.

种子模型试验设计2:包括亲本、单交 $F_1$ 、三交 $F_1$ 3个世代,6个亲本、15个单交 $F_1$ 和60个三交 $F_1$ ,共计81个遗传材料,两个环境进行试验.分二倍体种子和三倍体胚乳两种遗传模型进行分析.

### 1.2 统计分析方法

首先设定群体平均数、遗传方差、基因型 $\times$ 环境互作方差、区组方差和剩余效应的方差参数.然后模拟产生某性状的随机效应值,根据三交组合的遗传模型计算该性状不同世代的观察值.特别地,对于种子模型,在产生直接加性效应( $A$ )和母体加性效应( $A_m$ )、直接显性效应( $D$ )和母体显性效应( $D_m$ )以及各效应与环境互作效应( $AE, AmE, DE, DmE$ )时,应考虑协方差 $\sigma_{A, Am}, \sigma_{D, Dm}, \sigma_{AE, AmE}$ 和 $\sigma_{DE, DmE}$ 的大小.采用MINQUE(1)法<sup>[7]</sup>对农艺性状和MINQUE(0/1)法<sup>[7]</sup>对种子性状进行500次蒙特卡罗模拟,计算各遗传参数( $\Phi$ )的平均估计值( $\hat{\Phi}$ )、遗传参数的估计偏差( $\text{Bias} = (\hat{\Phi} - \Phi)$ )、均方误差( $\text{MSE} = \text{Bias}^2 + \text{Var}(\hat{\Phi})$ )和效益系数( $\text{CE} = \sqrt{\text{MSE}}[|\Phi| + |\text{Bias}|]$ ).采用AUP法<sup>[7]</sup>预测各遗传效应值,计算预测值向量( $\hat{e}$ )与实际值向量( $e$ )之间的平均距离( $\text{Dis} = \|\hat{e}_u - e_u\|/n_u$ )、遗传效应预测值的平均偏差( $\text{Mean} = 1^T(\hat{e}_u - e_u)/n_u$ )以及利用预测值估算的方差( $\sigma_u^2 = \hat{e}_u^T \hat{e}_u / df_u$ ).应用这些统计量检验估算的遗传方差分量和预测的遗传效应的无偏性和有效性.一般地,若偏差小于参数的5%或10%、均方误差、效益系数和平均距离的估值越小,则模拟分析的结果越可靠.当平均偏差越接近零值、预测值的估计方差越接近方差真值,则表明预测效果越好.三交遗传模型的蒙特卡罗模拟程序采用C语言编写并在奔腾III计算机上调试通过.

## 2 三交组合ADAA模型的Monte Carlo模拟分析

为比较不同世代对三交组合ADAA模型的模拟结果,首先按ADAA模型设计1进行模拟分析,模拟结果列于表1.由表1可见,就方差分量估计值而言,当亲本数依次为5,6和7时,显性( $\sigma_D^2$ )、加性 $\times$ 加性( $\sigma_{AA}^2$ )和剩余方差分量( $\sigma_e^2$ )均可以得到无偏估计,其方差分量估计值的偏差均小于方差参数的5%,加性方差分量( $\sigma_A^2$ )的估计值则出现较大的偏倚.当 $p=5$ 时,加性方差分量估计值的偏差为20.27,占方差参数的33.78%;当 $p=6$ 时,加性方差分量的偏差下降为7.73,占方差参数的12.88%;当 $p=7$ 时,偏差进一步下降为3.88,占方差参数的6.47%,虽低于10%,但仍高于5%.随亲本数目增多,样本容量增大,加性方差估计值的偏倚逐步下降,各方差分量的均方误差和效益系数也均呈下降趋势,估算效益提高.

就遗传效应预测值而言,各效应值的预测结果与其方差分量的估计结果相吻合.以加性效应的AUP预测值方差的偏差最大,平均距离和均值偏差也最大(均值偏差仍接近零值);其余各项效应值的预测值方差则与方差参数相一致,平均距离较小,均值偏差与零值无明显差异.随亲本数目增多,平均距离呈下降趋势,预测效益提高.但是,当亲本数目增加至7或8时,需要分别组配105和168个三交组合,不仅杂交工作

表 1 三交组合 ADAA 模型方差分量和遗传效应的模拟分析(两个世代)

Table 1 Simulation analysis of variance components and genetic effects for ADAA model based on the three-way mating design (two generations)

参数 Param	方差分量估算 Estimation of variance components				遗传效应预测 Prediction of genetic effects				
	真值	偏差	均方误差	效益系数	参数	均值偏差 ( $\times 10^{-4}$ )	方差	平均距离	
	$\sigma^2$	Bias	MSE	CE	Param	Mean	$\sigma_u^2$	Dis	
$p = 5$	$\sigma_A^2$	60	20.27	11 771.09	1.35	A	-1.29	80.27	3.13
	$\sigma_D^2$	50	1.63	1 323.67	0.70	D	-0.28	51.63	1.50
	$\sigma_{AA}^2$	30	-0.56	302.11	0.57	AA	-0.56	29.44	0.84
	$\sigma_\epsilon^2$	20	-0.14	9.76	0.16	$\epsilon$	-0.02	19.86	0.20
$p = 6$	$\sigma_A^2$	60	7.73	6 019.42	1.15	A	0.52	67.73	2.66
	$\sigma_D^2$	50	-0.36	737.26	0.54	D	-0.01	49.64	1.18
	$\sigma_{AA}^2$	30	1.04	173.26	0.42	AA	-0.05	31.04	0.66
	$\sigma_\epsilon^2$	20	-0.02	4.49	0.11	$\epsilon$	0.00	19.98	0.13
$p = 7$	$\sigma_A^2$	60	3.88	3 810.78	0.97	A	1.65	63.88	2.42
	$\sigma_D^2$	50	-2.09	458.99	0.41	D	0.27	47.91	0.95
	$\sigma_{AA}^2$	30	0.23	118.27	0.36	AA	0.63	30.23	0.53
	$\sigma_\epsilon^2$	20	0.11	2.81	0.08	$\epsilon$	0.02	20.11	0.09

量大,而且每个区组的占地面积较大,试验实施的难度增大.总的看来,在分析三交组合的 ADAA 模型时,仅利用亲本和三交  $F_1$  两个世代似嫌不足,应考虑增加单交  $F_1$  代.

根据 ADAA 模型设计 2 进行模拟分析,模拟结果列于表 2.无论是单个环境的模拟数据分析还是 3 个不同环境的模拟数据的联合分析,各项方差分量的偏差均小于方差真值的 5%,表明采用 MINQUE(1)法可对方差分量进行无偏估计,同时也验证了 MINQUE(1)法在无偏估计方差分量方面具有稳健性.

表 2 三交组合 ADAA 模型方差分量和遗传效应的模拟分析(三个世代)

Table 2 Simulation analysis of variance components and genetic effects for ADAA model based on the three-way mating design (three generations)

参数 Param	方差分量估算 Estimation of variance components				遗传效应预测 Prediction of genetic effects				
	真值	偏差	均方误差	效益系数	参数	均值偏差 ( $\times 10^{-4}$ )	方差	平均距离	
	$\sigma^2$	Bias	MSE	CE	Param	Mean	$\sigma_u^2$	Dis	
单个环境 (One environment) $p = 6$	$\sigma_A^2$	60	1.36	5 841.69	1.25	A	0.83	61.36	2.62
	$\sigma_D^2$	50	1.14	797.59	0.55	D	0.14	51.14	1.15
	$\sigma_{AA}^2$	30	-0.29	146.48	0.40	AA	0.31	29.71	0.65
	$\sigma_\epsilon^2$	20	0.07	3.72	0.10	$\epsilon$	0.01	20.07	0.11
三个环境 (Three environments) $p = 6$	$\sigma_A^2$	60	2.58	6 131.67	1.25	A	-0.63	62.58	2.80
	$\sigma_D^2$	50	0.13	582.13	0.48	D	-0.10	50.13	1.11
	$\sigma_{AA}^2$	30	-0.38	154.71	0.41	AA	0.00	29.62	0.67
	$\sigma_{AE}^2$	20	0.85	401.11	0.96	AE	-0.27	20.85	1.07
	$\sigma_{DE}^2$	30	-0.63	151.30	0.40	DE	-0.05	29.37	0.63
	$\sigma_{AAE}^2$	10	0.06	13.83	0.37	AAE	-0.01	10.06	0.34
$\sigma_\epsilon^2$	20	0.02	1.31	0.06	$\epsilon$	0.00	20.02	0.06	

各方差分量相比较,以剩余项的均方误差最小(MSE 在单个环境下为 3.72,在多个环境下为 1.31),估算效益最高(CE 分别为 0.10 和 0.06);以加性方差分量的估算效益最低(CE 均为 1.25).加性 $\times$ 加性 $\times$ 环境、加性 $\times$ 加性和显性 $\times$ 环境互作方差分量均具有较小的均方误差和较高的估算效益;显性方差分量虽具有较大的均方误差(单个环境下 MSE = 797.59,多个环境下 MSE = 582.13),但其估算效益并不低(CE 分别为 0.55 和 0.48).各遗传效应的预测效果相比较,均值偏差均接近零值,预测值方差接近方差参数,平均距离较小,其中以加性效应的平均距离较大,显性效应的平均距离次之,加性 $\times$ 加性上位性效应及其与环境互作效应的平均距离较小.进一步的模拟结果表明,分析三交组合 ADAA 模型的亲本数以不少于 6 个为宜.

### 3 三交组合种子模型的 Monte Carlo 模拟分析

#### 3.1 基于 $2n$ 种子和 $3n$ 胚乳的全模型

三交组合种子模型设计 1 和设计 2 的蒙特卡罗模拟分析结果列于表 3.

表 3 三交组合种子模型方差分量的模拟分析(MINQUE(0/1)法)

Table 3 Simulation analysis of variance components for seed model based on the three-way mating design(MINQUE(0/1) method)

参数 Param	真值 $\sigma^2$	二倍体种子 Diploid seed			三倍体胚乳 Triploid endosperm			
		偏差	均方误差	效益系数	偏差	均方误差	效益系数	
		Bias	MSE	CE	Bias	MSE	CE	
单个环境 (One environment) $p = 7$	$\sigma_A^2$	60	1.76	1533.49	0.63	2.78	2 176.77	0.74
	$\sigma_D^2$	50	-0.93	253.02	0.31	-0.98	227.24	0.30
	$\sigma_C^2$	30	0.05	971.50	1.04	-0.20	933.02	1.01
	$\sigma_{Am}^2$	20	0.81	280.02	0.80	0.70	311.31	0.85
	$\sigma_{Dm}^2$	30	-1.14	125.68	0.36	-1.15	127.59	0.36
	$\sigma_{A.Am}^2$	20	0.99	351.18	0.89	1.54	416.13	0.95
	$\sigma_{D.Dm}^2$	20	-0.21	106.58	0.51	-0.23	102.44	0.50
两个环境 (Two environments) $p = 6$	$\sigma_A^2$	60	-0.71	3 012.87	0.90	3.20	4 688.02	1.08
	$\sigma_D^2$	50	0.30	575.96	0.48	0.48	527.47	0.45
	$\sigma_C^2$	30	2.23	1 733.09	1.29	2.54	1 695.83	1.27
	$\sigma_{Am}^2$	20	1.60	523.46	1.06	1.45	567.95	1.11
	$\sigma_{Dm}^2$	30	0.01	312.06	0.59	-0.02	311.77	0.59
	$\sigma_{AE}^2$	20	-0.26	231.31	0.75	0.65	426.70	1.00
	$\sigma_{DE}^2$	30	-1.12	139.74	0.38	-0.94	114.26	0.35
	$\sigma_{CE}^2$	15	1.13	404.09	1.25	1.34	392.47	1.21
	$\sigma_{AmE}^2$	15	0.34	158.96	0.82	0.35	188.35	0.89
	$\sigma_{DmE}^2$	20	-0.27	83.32	0.45	-0.24	84.68	0.45
	$\sigma_{A.Am}$	20	0.89	623.25	1.20	1.13	822.34	1.36
	$\sigma_{D.Dm}$	20	1.05	249.51	0.75	1.13	245.05	0.74
	$\sigma_{AE.AmE}$	15	-0.07	144.38	0.80	0.11	193.55	0.92
	$\sigma_{DE.DmE}$	15	-0.26	67.28	0.54	-0.30	64.24	0.52
$\sigma_\epsilon^2$	20	0.02	2.07	0.07	0.02	2.07	0.07	

由表 3 可见,在单个环境下,二倍体种子性状包括 3 套遗传体系的各项方差分量估计值的偏差均小于方差参数的 5%;三倍体胚乳性状的遗传方差分量中,除直接加性与母体加性协方差分量估计值的偏差达到 7.7%外,其余各项方差分量估计值的偏差也均小于方差参数的 5%,表明采用 MINQUE(0/1)法估计遗传方差分量具有无偏性.各项方差分量相比较,二倍体种子和三倍体胚乳性状的均方误差的大小在总体上呈现  $A > C > A.Am > Am > D > Dm > D.Dm > \epsilon$  的趋势.

当基因型  $\times$  环境互作效应引入遗传模型以后,在总计 15 项方差和协方差分量的估计值中(表 3),大部分估计值的偏差仍小于方差参数的 5%,二倍体种子和三倍体胚乳性状的细胞质方差、母体加性方差、细胞质  $\times$  环境互作方差、直接显性与母体显性协方差,以及三倍体胚乳的加性方差、直接加性与母体加性协方差分量估计值的偏差虽大于 5%,但均小于 10%,表明采用 MINQUE(0/1)法能够有效地估计遗传方差分量.与单个环境的情形相类似,效益系数的估值较小,均在 1.0 左右,表明估算效益较高,且二倍体种子和三倍体胚乳性状的效益系数的位次高低拟合完好.

表 4 三交组合种子模型遗传效应的模拟分析

Table 4 Simulation analysis of genetic effects for seed model based on the three-way mating design

参数 Param	二倍体种子 Diploid seed			三倍体胚乳 Triploid endosperm			
	均值偏差( $\times 10^{-4}$ )	方差	平均距离	均值偏差( $\times 10^{-4}$ )	方差	平均距离	
	Mean	$\sigma_u^2$	Dis	Mean	$\sigma_u^2$	Dis	
单个环境 (One environment) $p = 7$	A	-0.36	61.76	1.30	-0.48	62.78	1.82
	D	-0.10	49.07	0.73	-0.05	49.02	0.61
	C	-0.26	30.05	1.66	-0.24	29.80	1.66
	Am	-0.51	20.81	1.06	-0.33	20.70	1.13
	Dm	-0.04	28.86	0.63	-0.02	28.85	0.63
	$\epsilon$	0.00	20.01	0.08	0.00	20.01	0.08
两个环境 (Two environments) $p = 6$	A	-0.81	59.29	1.94	0.10	63.20	2.45
	D	-0.13	50.30	1.11	-0.21	50.48	1.02
	C	-0.44	32.23	2.13	-0.27	32.54	2.12
	Am	-0.68	21.60	1.49	-0.41	21.45	1.52
	Dm	-0.13	30.01	0.93	-0.09	29.98	0.93
	AE	-0.34	19.74	1.16	0.11	20.65	1.28
	DE	-0.25	28.88	0.72	-0.08	29.06	0.66
	CE	-0.18	16.13	1.19	-0.13	16.34	1.17
	AmE	-0.38	15.34	1.00	-0.23	15.35	1.00
	DmE	-0.66	19.73	0.60	-0.04	19.76	0.60
$\epsilon$	-0.04	20.02	0.08	0.00	20.03	0.08	

万方数据

种子和胚乳性状遗传效应值的预测结果(表 4)与其方差分量的估计结果相吻合。一般地, 方差分量估计值的均方误差较大的效应项往往具有较大的平均距离。加性效应和细胞质效应的 AUP 预测值方差的偏差较大, 二者的平均距离也较大, 剩余项的 AUP 预测值方差的偏差最小, 其平均距离也最小。总的看来, 二倍体种子和三倍体胚乳性状遗传效应值的均值偏差与零值无明显差异, 效应预测值方差与方差参数较为一致, 平均距离较小, 表明采用 AUP 法预测的效果较好。

### 3.2 基于 2n 种子和 3n 胚乳的缩减模型

若采用 MINQUE(0/1) 法估计的  $\sigma_{A, Am}$ ,  $\sigma_{D, Dm}$ ,  $\sigma_{AE, AmE}$  和  $\sigma_{DE, DmE}$  未达显著水平, 或当直接加性与母体加性、直接显性与母体显性之间不存在协方差时, 可删除模型中的协方差分量, 得到缩减的种子模型, 然后采用 MINQUE(1) 法重新估计各项遗传方差分量, 并能获得满意的分析结果。

表 5 三交组合种子模型方差分量的模拟分析(MINQUE(1)法)

Table 5 Simulation analysis of variance components for seed model based on the three-way mating design(MINQUE(1) method)

参数 Param	真值 $\sigma^2$	二倍体种子 Diploid seed			三倍体胚乳 Triploid endosperm			
		偏差	均方误差	效益系数	偏差	均方误差	效益系数	
		Bias	MSE	CE	Bias	MSE	CE	
单个环境 (One environment) $p = 7$	$\sigma_A^2$	60	1.86	1 563.13	0.64	3.24	2 233.04	0.75
	$\sigma_D^2$	50	-0.90	258.18	0.32	-0.95	229.93	0.30
	$\sigma_C^2$	30	-0.96	870.91	0.95	-1.07	865.68	0.95
	$\sigma_{Am}^2$	20	1.07	279.17	0.79	0.78	319.41	0.86
	$\sigma_{Dm}^2$	30	-1.17	128.06	0.36	-1.20	129.27	0.36
	$\sigma_\epsilon^2$	20	0.01	2.32	0.08	0.01	2.32	0.08
两个环境 (Two environments) $p = 8$	$\sigma_A^2$	60	-1.34	1 504.08	0.63	-1.42	2 234.87	0.77
	$\sigma_D^2$	50	1.14	359.98	0.37	0.93	335.40	0.36
	$\sigma_C^2$	30	2.26	1 081.69	1.02	2.43	1 087.87	1.02
	$\sigma_{Am}^2$	20	-0.16	355.18	0.94	0.29	388.66	0.97
	$\sigma_{Dm}^2$	30	-0.17	178.01	0.44	-0.19	177.66	0.44
	$\sigma_{AE}^2$	20	-0.17	159.36	0.63	0.10	287.16	0.84
	$\sigma_{DE}^2$	30	-0.72	74.01	0.28	-0.63	62.77	0.26
	$\sigma_{CE}^2$	15	0.54	222.54	0.96	0.51	224.46	0.97
	$\sigma_{AmE}^2$	15	0.07	96.35	0.65	0.01	112.52	0.71
	$\sigma_{DmE}^2$	20	0.59	39.76	0.31	0.60	39.80	0.31
$\sigma_\epsilon^2$	20	-0.06	0.70	0.04	-0.06	0.70	0.04	

从表 5 的模拟结果可见, 在单个环境下的遗传试验(包括 7 个亲本、21 个单交  $F_1$  和 105 个三交  $F_1$ )中, 除三倍体胚乳性状的加性方差估计值的偏差略大于 5%(达到 5.4%)外, 几乎全部方差分量估计值的偏差均小于 5%; 在两个环境下的遗传试验(包括 8 个亲本、28 个单交  $F_1$  和 168 个三交  $F_1$ )中, 无论是二倍体种子还是三倍体胚乳性状, 除细胞质方差分量估计值的偏差小于方差参数的 10%(分别为 7.53% 和 8.10%)外, 其余各项方差分量估计值的偏差均小于 5%。以上分析结果表明, 采用 MINQUE(1) 法分析缩减后的种子模型仍具有无偏性。同时, 遗传效应 AUP 值的方差(表 6)是方差参数的无偏估计, 表明 AUP 值虽然不是遗传效应的线性预测, 却是无偏和有效的预测, 这一分析支持朱军<sup>[8]</sup>关于单交组合种子遗传模型的研究结论。

表 6 三交组合种子模型遗传效应的模拟分析

Table 6 Simulation analysis of genetic effects for seed model based on the three-way mating design

参数 Param	二倍体种子 Diploid seed			三倍体胚乳 Triploid endosperm			
	均值偏差( $\times 10^{-4}$ )	方差	平均距离	均值偏差( $\times 10^{-4}$ )	方差	平均距离	
	Mean	$\sigma_u^2$	Dis.	Mean	$\sigma_u^2$	Dis.	
单个环境 (One environment) $p = 7$	A	-0.36	61.86	1.32	-0.49	63.24	1.85
	D	-0.10	49.10	0.74	-0.05	49.05	0.62
	C	-0.27	29.04	1.62	-0.25	28.93	1.64
	Am	-0.51	21.07	1.07	-0.34	20.78	1.17
	Dm	-0.04	28.83	0.64	-0.02	28.80	0.65
	$\epsilon$	0.00	20.01	0.08	0.00	20.01	0.08
两个环境 (Two environments) $p = 8$	A	-0.51	58.66	1.53	-1.73	58.58	1.94
	D	-0.07	51.14	0.80	0.03	50.93	0.75
	C	-0.04	32.26	1.66	0.41	32.43	1.67
	Am	0.02	19.84	1.24	0.10	20.29	1.28
	Dm	-0.04	29.83	0.68	0.03	29.81	0.68
	AE	-0.16	19.83	0.94	-0.75	21.00	1.07
	DE	-0.06	29.28	0.53	0.00	29.37	0.49
	CE	-0.01	15.54	0.96	0.06	15.51	0.96
	AmE	-0.11	15.07	0.81	0.03	15.01	0.84
	$\epsilon$	-0.02	20.59	0.44	0.02	20.60	0.45
$\epsilon$	0.00	19.94	0.04	0.00	19.94	0.04	

万方数据



## 4 结语

本文应用 Monte Carlo 模拟对三交方式的 ADAA 模型和种子模型进行了统计分析,验证了 MINQUE 法估计方差分量和 AUP 法预测遗传效应的无偏性.三交组合农艺性状 ADAA 模型中的各遗传方差分量可采用 MINQUE(1)法求解, $2n$  种子和  $3n$  胚乳性状模型中的各遗传方差分量可采用 MINQUE(0/1)法估算.特别地,当删除种子模型中的协方差分量后,仍可利用 MINQUE(1)法对缩减的种子模型进行重新分析,并获得满意的分析结果.在分析三交组合 ADAA 模型和种子模型时,一般应包括亲本、单交  $F_1$  和三交  $F_1$  代 3 个世代,且不少于 6 个亲本为宜,也可相应增加其它交配世代进行联合分析.若试验在单个环境下进行,可删除模型中的基因型  $\times$  环境互作效应.在 ADAA 模型中,若不考虑加性  $\times$  加性上位性效应,则模型回复为三交组合农艺性状的 AD 模型.就种子模型而言,由于种子性状的遗传十分复杂,且容易受基因型  $\times$  环境互作效应的影响,少数方差分量估计值的偏差大于 5%,但低于 10%,这从另一个方面表明农艺性状的遗传模型可能较种子性状的遗传模型具有更好的稳健性.

Monte Carlo 模拟作为一种模拟试验的分析方法,已在许多研究领域里得到广泛的应用.在数量性状的遗传分析中,蒙特卡罗模拟可用于解决下述问题(1)对不同的方差分量估计方法进行模拟比较<sup>[9]</sup>(2)应用同一种方差分量估计方法对不同的遗传模型或不同的试验设计进行模拟比较,通过模拟明确分析某种遗传模型所需的亲本数和世代数<sup>[10~11]</sup>(3)探讨方差分量估计方法的统计特性<sup>[7]</sup>(4)对不同的随机效应预测方法进行模拟比较<sup>[7]</sup>.对于复交遗传模型,为了减少配制组合的工作量,探讨分析特定遗传模型所需的最少亲本数和世代数具有重要的意义.以三交设计的种子遗传模型为例,由于杂交当代不易获得大量的种子,将单交  $F_1$  代种子更换为单交  $F_2$  代种子,以 6 个亲本为例,重新进行模拟分析(结果未列出),仍可获得二倍体种子和三倍体胚乳性状方差分量的无偏估计值及遗传效应的 AUP 无偏预测值.

参考文献:

- [1] 刘俊秀,李学渊,陈新民,等.冬小麦大面积品种选育研究的回顾与进展[A].庄巧生,杜振华.中国小麦育种研究进展[C].北京:中国农业出版社,1996.15-21.
- [2] 陈伟程,黄宜祥,罗福和.玉米改良单交和雄性不育研究[M].郑州:河南科学技术出版社,1993.1-41.
- [3] RAWLINGS J O, COCKERHAM C C. Triallel analysis[J]. Crop Sci, 1962, 2: 228-231.
- [4] COCKERHAM C C. Random and fixed effects in plant genetics[J]. Theor Appl Genet, 1980, 56: 119-131.
- [5] 许自成,朱军.三交组合农艺性状的遗传模型及杂种优势预测方法[J].生物数学学报,2001,16(2):448-455.
- [6] 许自成,朱军.三交设计种子数量性状的遗传模型[J].生物数学学报,1998,13(6):1015-1021.
- [7] 朱军.遗传模型分析方法[M].北京:中国农业出版社,1997.
- [8] 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):56-68.
- [9] SWALLOW W H, MONAHAN J F. Monte Carlo comparison of ANOVA, MINQUE, REML and ML estimators of variance component[J]. Technometrics, 1984, 26(1):47-57.
- [10] 许自成,朱军.三交和双交组合加性-显性-母体效应的遗传模型及蒙特卡罗模拟分析[J].作物学报,2000,26(1):40-46.
- [11] 许自成,朱军.双交组合农艺性状的 ADAA 模型及其分析方法[J].遗传学报,2000,27(3):247-256.