

利用主效可加互作可乘模型 对我国冬播麦区小麦蛋白质含量基因型与 环境互作的分析

张 艳¹, 何中虎¹, 王 磊², 周桂英¹

(1 中国农科院作物育种栽培研究所, 北京 100081; 2 中国水稻研究所, 浙江 杭州 310006)

摘要: 利用主效可加互作可乘模型对全国冬播麦区 48 个小麦主栽品种和优良品系在 15 个地区于 1995~ 1996 年度种植的多点试验数据蛋白质含量进行分析, 结果表明, AMMI 模型解释 $G \times E$ 互作明显优于线性回归模型。通过 AMMI1 模型双标图可以看出蛋白质含量在品种和地点间的变异程度, 找出稳定性较好的品种。在 AMMI2 模型双标图上对每一地点很容易找出蛋白质含量互作最大的品种。通过计算地点的 IPCA 值与环境因子的相关系数, 可以找出与品质性状显著相关的环境因子。

关键词: AMMI 模型; 蛋白质含量; $G \times E$ 互作; 双标图; 环境因子

中图分类号: S512.03 文献标识码: A 文章编号: 1000- 7091(2000)增刊- 0031- 05

小麦蛋白质含量对其营养品质和加工特性都有重要影响, 它既受遗传控制, 亦受环境条件的影响。国内外有关基因型、环境及基因型与环境互作对蛋白质含量影响的研究较多^[1,2], 环境条件(温度、日照和土壤有效氮含量等)对蛋白质含量影响的报道亦不少^[3~7]。但这些研究用常规方差分析来估计基因型、环境及基因型与环境互作对蛋白质含量作用的相对大小, 用线性回归模型分析环境因子对蛋白质含量的影响。王磊等^[8]利用主效可加互作可乘(简称 AMMI 模型, the Additive Main Effects and Multiplicative Interaction)模型对水稻产量区试数据进行了分析, 得出了较为详细的品种对环境的适应性信息, 而用 AMMI 模型分析小麦品质性状基因型与环境互作的报道较为鲜见。本文用此模型对小麦蛋白质含量基因型与环境的互作作了研究, 这一研究可为建立优质小麦生产基地提供理论依据。

1 材料和方法

选用全国冬播麦区 48 个小麦主栽品种和少数优异高代品系为试验材料, 在有代表性的 15 个地区, 于 1995~ 1996 年度进行联合多点试验。

48 个品种按地区来源排列, 每品种种植 4 行区, 行长 2 m, 并收集 15 个地点 1995~

收稿日期: 2000- 08- 30

基金项目: 国家自然科学基金(39930110)资助项目; 国家九五攻关小麦育种材料与与方法研究专题(96- 002- 02- 03)的部分内容

作者简介: 张 艳(1966-), 女, 助研, 农学硕士, 主要从事小麦品质育种的研究工作。

1996 年的主要环境因子资料(包括纬度,施氮肥量,施磷肥量,播种至成熟期降雨量,抽穗至成熟期降雨量,抽穗至成熟期的日平均最高气温、日平均最低气温、日平均气温、日平均温差)。子粒蛋白质含量(14%湿基)用近红外(NIR)分析仪(Instalab610, Australia)测定。用主效可加互作可乘(AMMI)模型对蛋白质含量进行基因型与环境互作分析。

2 结果与分析

2.1 蛋白质含量的方差分析和回归分析

对蛋白质含量进行方差分析和回归分析,结果见表 1。从表 1 可以看出,基因型、地点、基因型与地点互作($G \times E$)的平方和分别占总平方和的 27.4%、35.3%、37.3%,地点间的变异略大于基因型间的变异,基因型与地区点的互作效应也较大,基因型间和地点间的变异是显著的。线性回归模型只解释了 $G \times E$ 平方和的 6.9%,并且统计上不显著,而 AMMI 模型的第一乘积项就解释了 $G \times E$ 平方和的 33.1%,而且显著,说明用 AMMI 模型分析基因型与环境互作是非常有效的。

表 1 蛋白质含量的方差分析、线性模型和 AMMI 模型的分析结果*

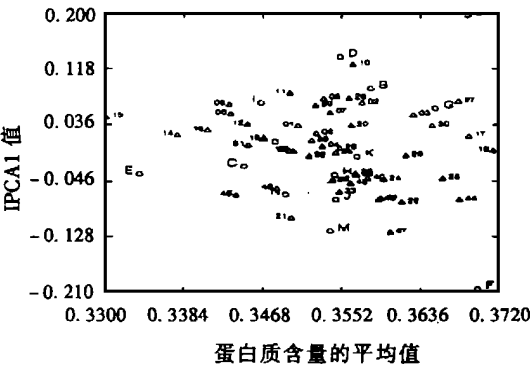
误差来源	自由度	平方和	均方和	F 值	P 值	占总平方和及总 $G \times E$ 平方和
基因型	47	4.5E-02	9.56E-04	9.47	0	27.4
地 点	13	5.8E-02	4.46E-02	44.19	0	35.3
基因型×地点	607	6.1E-02	1.01E-04	* *		37.3
回归分析						
$G \times E$ 回归	47	4.2E-03	9.01E-05	0.885	0.691	6.90
离差	560	5.7E-02	1.09E-05			
AMMI 模型						
第 1 乘积项	59	2.0E-02	3.43E-04	4.589	0	33.1
第 2 乘积项	57	1.2E-02	2.13E-04	3.628	0	19.8
第 3 乘积项	55	6.9E-03	1.25E-04	2.471	0	11.2
第 4 乘积项	53	4.8E-03	9.13E-05	2.036	0	7.90
$G \times E$ 离差	383	1.7E-02				
总和	667	1.6E-01				

注: * 表示对蛋白质含量数值进行了标准化转换, * * 表示试验无重复, 不能对基因型×地点的 F 值进行测验。

2.2 AMMI 模型的双标图分析

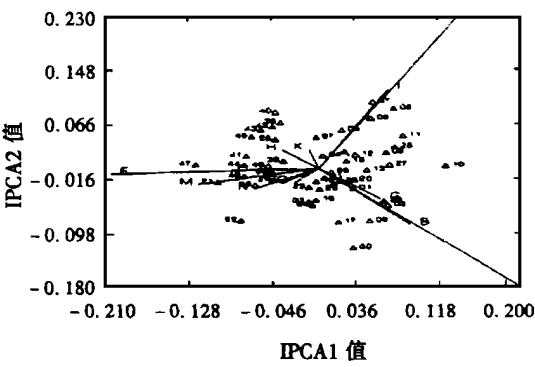
图 1 给出了蛋白质含量的平均值与品种和地点的 IPCA1(互作主成分坐标)值的双标图。图 1 水平方向从左到右品种蛋白质含量由低到高排列,垂直方向表示品种对环境敏感程度,品种 32(鲁 88418)、34(徐州 24)、23(内乡 184)、16(85 中 33)的 IPCA1 值近似为 0,说明它们与环境的交互作用较小,表现稳定,但蛋白质含量差异较大;品种 10(冀麦 36)、28(鲁麦 14)、20(郑州 8329)、48(华麦 8 号)接近于同一垂直线,虽然他们蛋白质含量相似,但与环境的交互作用差异很大,这些品种在不同地点的表现有较大不同,同样品种 03(京冬 8)、23(内乡 184)、22(南阳 798)的表现与上述 4 品种一致。地点 L(成都)和 F(临汾)处于一垂直线上,说明这 2 个地点蛋白质含量的平均值相近,但品种与成都和临汾的互作差异很大,表明品种在这两地的表现不同;同样地点 D(驻马店)、H(烟台)、J(石家庄)、M(北京)蛋白质含量的平均值相近,但品

种在驻马店、烟台、石家庄、北京的表现不同。品种 10(冀麦 36)与地点 D(驻马店)和 L(成都),品种 47(鄂宜 89-11)与地点 F(临汾)有较大正向互作,说明冀麦 36 在驻马店和成都,鄂宜 89-11 在临汾有较强的特殊适应性。



横坐标为经转换后的蛋白质含量平均值,
数字为品种代码,字母为地点代码

图 1 AMMI1 双标图(AMMI1 模型解释了 75.0%的总平方和)



数字为品种代码,字母为地点代码

图 2 AMMI2 双标图(AMMI2 模型解释了 52.9%的 G×E 总平方和)

图 2 是蛋白质含量的品种和地点的 IPCA1 和 IPCA2 值的双标图。从地点与原点连线的长短得知,品种在地点 L(成都)、D(驻马店)、F(临汾)的互作较大,在地点 H(烟台)和 K(武汉)的互作最小。从品种在地点与原点连线的垂直投影长短来看,品种 07(晋麦 48)和 08(冀麦 30)与地点 D(驻马店)、I(郑州)有最大的正互作,说明晋麦 48、冀麦 30 在驻马店和郑州有较强的特殊适应性,同样品种 30(PH82-2-2)和 10(冀麦 36)在地点 L(成都)和 B(南京),品种 47(鄂宜 89-11)在地点 F(临汾)和 J(石家庄)有特殊适应性。而品种 10(冀麦 36)与地点 F(临汾)和 J(石家庄)有最大的负互作,说明冀麦 36 不宜在临汾和石家庄种植。

表 2 地点 IPCA 值和环境变量之间的相关系数

环境变量	蛋白质含量		
	IPCA 1	IPCA 2	IPCA 3
种植地纬度	0.216	0.513	-0.162
施氮肥量	0.380	0.538*	0.362
施磷肥量	-0.127	-0.259	-0.199
降雨量 1 ^a	-0.194	-0.513*	0.334
降雨量 2 ^b	-0.348	-0.343	0.402
日平均最高气温 ^c	-0.101	0.421	0.010
日平均最低气温 ^d	-0.157	0.080	-0.013
日平均气温 ^e	-0.164	0.305	-0.003
日平均气温差 ^f	0.056	0.261	0.019

注: a: 播种——成熟期的降雨量; b: 抽穗期——成熟期的降雨量; c: 抽穗期——成熟期的日平均最高气温; d: 抽穗期——成熟期的日平均最低气温; e: 抽穗期——成熟期的日平均气温; f: 抽穗期——成熟期的日平均气温差。

2.3 环境 IPCA 值与环境变量的相关分析

计算了 IPCA1、IPCA2 及 IPCA3 值和地点环境变量的相关系数(见表 2),结果表明,蛋白质含量的环境 IPCA2 值与施氮肥量的相关系数($r = 0.538$)达 5% 显著水平,与播种至成熟期

间的降雨量的负相关系数($r = -0.531$)达5%显著水平, IPCA1和IPCA3值与环境因子相关不显著。由此可以看出AMMI模型的第2环境指数与施N肥量和降雨量有关。从图2可以判断品种30(PH82-2-2)对低氮肥用量和小麦全生育期降雨量多的环境有特殊适应性,而品种07(晋麦48)、08(冀麦30)、40(绵阳20)对高氮肥用量和小麦全生育期降雨量少的环境有特殊适应性。

3 讨论

主效可加交互可乘模型(AMMI)是分析品种区试数据非常有效的模型^[9],并且适用于小麦品种品质性状多点试验数据。同时有许多表达AMMI模型分析结果的直观、简洁、有效的图形,双标图(biplot)即是解释AMMI模型最有效的工具,有2种基本的AMMI双标图:AMMI1和AMMI2双标图。

常规的方差分析和线性回归模型只能解释很少一部分, $G \times E$ 交互作用平方和,而AMMI模型能解释更复杂的品种与试点间的交互作用,并能提供较为详细的品种对环境的适应性信息。当参试地点的一些环境因子(如气候、土壤及田间管理)被记录时,可将这些环境因子与环境IPCA值进行相关分析,进而可利用环境因子来解释 $G \times E$ 交互作用。

本研究结果表明,在AMMI1模型双标图上,可以看出品种蛋白质含量平均值的大小,品种和地点间的变异程度,找出稳定性较好的品种。在AMMI2模型双标图上对每一地点很容易找出蛋白质含量互作最大的品种。通过计算地点的IPCA值与环境因子的相关系数,找出与地点IPCA值显著相关的环境因子,可以推算出品种蛋白质含量在不同环境条件下的适应性。可见AMMI模型是分析小麦品种品质性状多点试验数据的十分有效的工具。而以往对蛋白质含量进行的有关研究^[10, 4, 5, 2, 7],是不可能得到这些信息的。本文不足之处是,试验没有重复,不能把 $G \times E$ 交互与实验误差剖分开,无法对 $G \times E$ 交互进行显著检验,在以后研究中,可用增广设计^[9]弥补这一不足。

参考文献:

- [1] 董洪平. 小麦蛋白质含量的遗传型 \times 环境互作分析[J]. 河北农业大学学报, 1989, 12(7): 20-27.
- [2] Peterson, C J. Influence of cultivator and environment on mineral and protein concentrations of wheat flour, bran and grain[J]. Cereal Chem.
- [3] 李鸿恩. 我国小麦种质资源主要品质特性鉴定结果及评价[J]. 中国农业科学, 1995, 28(5): 29-37.
- [4] Benizian B. Protein concentration of grain in relation to some weather and soil factors during 17 years of English winter wheat experiments[J]. J Sci Food Agric, 1986, 37: 435-444.
- [5] Blumenthal C S. Growth environment and wheat quality; the effect of heat stress on dough properties and gluten proteins[J]. J Cereal Sci, 1993, 18: 3-21.
- [6] Ciaffi M. Effect of heat shock during grain filling on the gluten protein composition of bread wheat[J]. J Cereal Sci, 1996, 24: 91-100.
- [7] Smika D E. Protein content of winter wheat rain as related to soil and climatic factors in the semiarid central great plains[J]. Agron J, 1973, 65: 433-436.

- [8] 王 磊, 杨仕华. AMMI 模型及其在作物区试数据分析中的应用[J]. 应用基础和工程科学学报, 1997, 5 (1): 39– 46.
- [9] 王 磊, 曾列先. 利用加性主效应和乘积交互作用模型对国际杂交水稻圃数据的分析[J]. 中国水稻科学, 1997, 11(4): 198– 204.

Using Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Model to Analyze Genotype and Environment Effects on Protein Content of Winter Wheat in China

ZHANG Yan¹, HE Zhong-hu¹, WANG Lei², ZHOU Gu-ying¹

(1 Institute of Crop Breeding and Cultivation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China;

2 China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China)

Abstract: The additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model was used to analyze $G \times E$ interaction on protein content of forty-eight Chinese winter wheat varieties and advanced lines from 15 locations of four major winter wheat growing zones in 1995– 1996. The result indicated that $G \times E$ interaction explained by AMMI1 model was notably better than the regression analysis. The degree of variations between varieties of sites and the varieties with better stability were identified in the biplot of the AMMI model. At the same time, the sites with highest increase of protein content could be easily located on the biplot of the AMMI2 model. Environmental factors significantly affecting wheat quality could be identified by correlation analysis of location IPCA with environmental factors.

Key words: AMMI model; Protein content; $G \times E$ interaction; Biplot; Environmental factor