

用 Gumbel 分布推算南方水稻基因隔离距离极值

李建业¹ 李仁忠²

(¹ 浙江省龙游县气象局, 浙江 龙游 324400; ² 浙江省气候中心, 浙江 杭州 310017)

摘要: 利用 Gumbel 分布对南方水稻最大基因隔离距离进行了极值推算, 得到南方稻区不同熟制水稻的 50 年和 100 年一遇最大基因隔离距离。从基因隔离距离等值线图可以看出, 高值区集中在沿海和东部一带, 低值区在内陆及山区盆地, 具有从东到西, 从南到北递减或先递减再递增的特征。另外, 不同熟制水稻具有晚稻>单季稻>早稻的特点。

关键词: Gumbel 分布; 基因隔离距离; 水稻

过去 10 年间, 全球转基因作物的种植面积增加了 50 多倍, 2005 年达到 9 000 万 hm^2 ^[1]。转基因作物在给人类带来巨大效益的同时, 也可能给生态环境带来潜在风险, 必须通过以科学为基础的安全性评价, 提供扎实的科学研究和安全管理措施^[1-2]。转基因水稻基因漂流可能产生的环境风险是目前普遍关注的重点之一^[2-4]。防止水稻基因逃逸最好的方法是确保水稻制种的纯度, 在源头上保证水稻种子的纯度。水稻种子田的隔离方法之一是空间隔离。空间隔离的距离一般是根据当地的风向和风速来确定。如果同类作物在上风方, 隔离区就要大一些, 反之可以小一些。一般地, 空间隔离的距离应不少于 200 m。但是不同纬度、不同海拔及不同的杂交组合, 在制种隔离技术上不能搞一刀切, 不能按照一种模式去操作, 各地应结合当地的气候条件和不同的杂交组合对一些技术措施和指标作一些适当的调整。

本文对水稻基因漂流模型计算的基因漂流隔离距离进行了极值统计, 用最小二乘法估算 Gumbel 分布参数, 推算今后 50 年和 100 年一遇的最大基因漂流隔离距离, 为制种和食品安全等提供参考。

1 资料与方法

1.1 资料

本文选用水稻基因漂流模型^[5-6]计算的结果, 取每一年的主风方向上的基因隔离距离最大值, 将多年的极值资料作为样本, 预测多年一遇的极值。水稻基因漂流模型所用资料为中国气象局提供, 包括我国南方稻区 17 省(市、自治区)38 城市, 从 1973 年到 2004 年的逐日 8:00 和 14:00 时的风速、云量等气象资料, 分布经纬度为 $18^{\circ}14' \sim 34^{\circ}43' \text{ N}$, $100^{\circ}11' \sim 121^{\circ}34' \text{ E}$, 其中单季稻区 25 站、双季稻区 16 站, 以 0.9% 基因漂流为标准,

计算得到基因漂流隔离距离。

1.2 理论方法

本文采用 Gumbel 分布理论来推算极值^[7-8], 并用最小二乘法来估算分布中的参数, 因为对于样本资料较短的情况, 直接用样本平均数和标准差来估算参数, 比矩法准确^[9], 比其它方法简单。

将极值样本视为随机变量, 可采用耿贝尔分布, 其分布形式为:

$$F(x) = P(x_{\max} < x) = \exp\{-\exp[-a(x-b)]\} \quad (a > 0, -\infty < b < +\infty) \quad (1)$$

其超过保证率函数为:

$$P(x) = 1 - \exp\{-\exp[-a(x-b)]\} \quad (2)$$

可用最小二乘法估算耿贝尔分布的参数。这种方法 $\Lambda(x)$ 用类型来进行渐近分布推算。若 n 相当大时, 有近似式:

$$P = [a(\xi_n^* - b) < x] \approx \Lambda(x) \quad (3)$$

即:

$$F(x) = p(\xi_n^* < x) = \Lambda[a(x-b)] = \exp\{-\exp[-a(x-b)]\} \quad (4)$$

因而求 ξ_n^* 的渐近分布就归结为由 ξ_n^* 的观测值来估计参数 a, b 的问题。记为:

$$y = -\ln[-\ln F_n(x)] = a(x-b) \quad (5)$$

而 $F(x_i) = i/(m+1)$, m 为序列的个数, 故 $y_i = -\ln[-\ln(i/(m+1))]$ 与对应起来(这里为极值样本从小到大排列的数集), 用最小二乘法建立 x 与 y 的线性关系。

求出 a 和 b 的估计值, 从而确定 ξ_n^* 的渐近分布的估计:

$$F_n(x) = \exp[-e^{-a(x-b)}] \quad (6)$$

有了 $F_n(x)$, 便可预测今后 N 年的极值了。

收稿日期: 2010-01-23

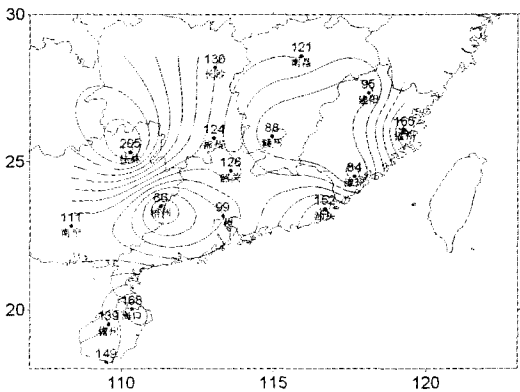


图 1 早稻最大基因隔离距离 50 年一遇极值空间分布

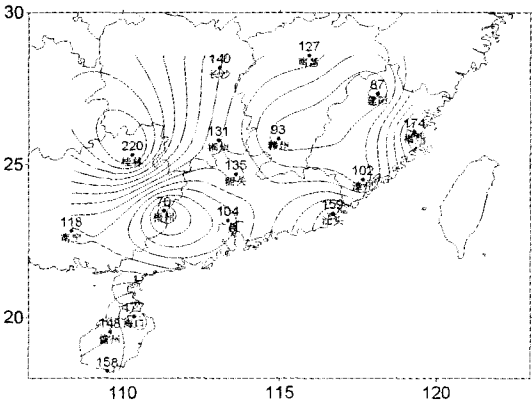


图 4 早稻最大基因隔离距离 100 年一遇极值空间分布

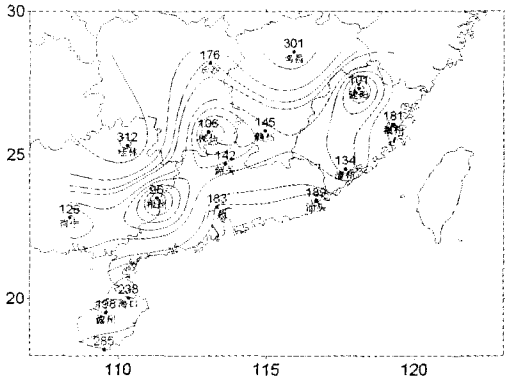


图 2 晚稻最大基因隔离距离 50 年一遇极值空间分布

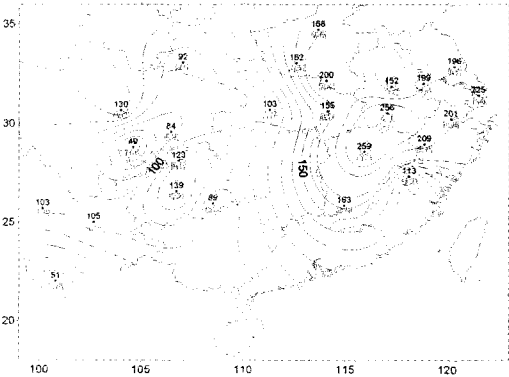


图 3 单季稻最大基因隔离距离 50 年一遇极值空间分布

2 结果与讨论

2.1 50 年一遇

用水稻花粉扩散模型的模拟结果,通过极值推算,得到南方稻区各地双季和单季稻的 50 年一遇的安全隔离距离。从计算结果来看,各地双季早稻 50 年一遇基因安全隔离距离最小为 66 m,最大为 205 m,平均为

126 m; 双季晚稻 50 年一遇基因安全隔离距离最小为 96 m,最大为 312 m,平均为 182 m; 单季稻 50 年一遇基因安全隔离距离最小为 49 m,最大为 259 m,平均为 149 m。从平均结果来看,基因安全隔离距离具有晚稻>单季稻>早稻的特点。

从早稻 50 年一遇的基因安全隔离距离的地理分布特征(图 1)来看,高值区集中在海南、闽粤桂沿海一线、赣湘长江沿岸以及广西北部桂林一带,低值区自东向西由建阳、郴州延伸到梧州。

晚稻 50 年一遇的基因安全隔离距离的分布特征(图 2)与早稻基本一致,从南部的沿海向北先递减,后递增。在江西、湖南和广西北部区域,从东向西先递减,后递增。

单季稻主要集中在长江中、下游流域、四川盆地和云贵高原为主的广大单季稻区域,单季稻 50 年一遇的基因安全隔离距离的地理分布特征(图 3)与双季稻有明显的差异。高值区在长江下游沿岸一带,由长江三角洲向西一直延伸到安庆、南昌,并呈扇形向北、向西、向南递减,而低值区主要集中在四川盆地的重庆、宜宾、成都以及云贵高原西南的河谷地区。

2.2 100 年一遇

从 100 年一遇预测结果来看, 双季早稻基因隔离距离最小为 70 m,最大为 220 m,平均为 134 m; 晚稻最小为 102 m,最大为 333 m,平均为 195 m; 单季稻最小为 52 m,最大为 276 m,平均 158 m。从平均值来看,多年一遇也具有晚稻>单季稻>早稻的特点。

从 100 年一遇水稻基因安全隔离距离的推算结果来看, 双季早稻基因安全隔离距离(图 4)最小为 70 m,最大为 220 m,平均为 134 m; 晚稻(图 5)最小为 102 m,最大为 333 m,平均为 195 m; 单季稻(图 6)最小为

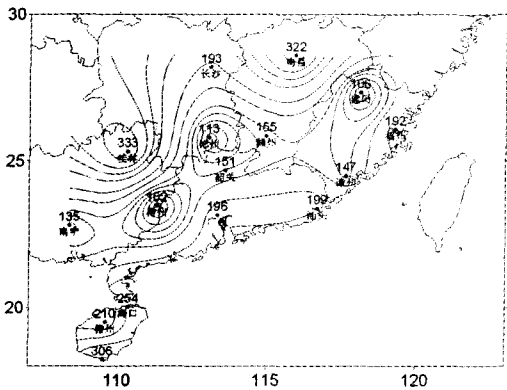


图 5 晚稻最大基因隔离距离 100 年一遇极值空间分布

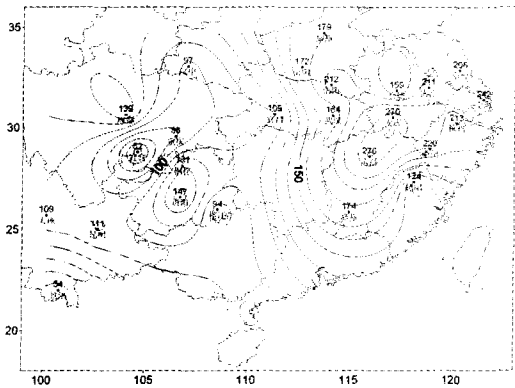


图 6 单季稻最大基因隔离距离 100 年一遇极值空间分布

52 m, 最大为 276 m, 平均为 158 m。从平均值来看, 100 年一遇的水稻基因安全隔离距离也具有晚稻>单季稻>早稻的特点。

从 50 年一遇和 100 年一遇的安全隔离距离来看, 两者具有相似的空间分布, 这是因为采用了相同的样本。从推算的结果可以看出, 我国南方稻区 100 年一遇水稻基因最大安全隔离距离为 333 m。

3 结论

从隔离距离等值线图可以看出, 高值区集中在沿海和东部一带, 低值区在内陆及山区盆地, 具有从东到西, 从南到北递减或先递减再递增的特征。另外, 不同熟制水稻具有晚稻>单季稻>早稻的特点。

Gumbel 分布推算的结果表明, 50 年一遇和 100 年一遇南方稻区各地水稻基因安全隔离距离的平均值都小于 200 m, 说明基因安全隔离距离和安全制种隔离距离相接近。但是, 我国地域辽阔, 地形复杂, 气候类型多样, 各地应该尽量利用自然条件隔离或采用时间隔离。对于沿海或风速较大的地区, 基因隔离距离应适当增加, 做到因地制宜, 为确保水稻生产的基因安全, 可采用 100 年一遇的安全隔离距离极值 333 m。

参考文献

[1] James C. 2005 年生物技术商业化及转基因作物的全球态势[OL]. [http://www.isaaa.org/kc/cbtnews/press_release/briefs34/Esummary/Executive%20Summary%20\(Chinese\).pdf](http://www.isaaa.org/kc/cbtnews/press_release/briefs34/Esummary/Executive%20Summary%20(Chinese).pdf), 2006:1-12.

[2] Giovanni F D, Beckett P M. On the mathematical modeling of pollen dispersal and deposition[J]. *Journal of Applied Meteorology*, 1990: 1352-1357.

[3] Loos C, Seppelt R and Bethke S M, et al. Spatially explicit modelling of transgenic maize pollen dispersal and cross-pollination[J]. *Journal of Theoretical Biology*, 2003, 225(2): 241-255.

[4] 贾士荣. 转基因作物的环境风险分析研究进展[J]. *中国农业科学*, 2004, 37(2): 175-187.

[5] 李仁忠. 转基因水稻花粉扩散模拟方法研究 [J]. *内蒙古气象*, 2007(4): 31-34, 45.

[6] Yao K, Hu N, Chen W, et al. Establishment of a rice transgene flow model for predicting maximum distances of gene flow in southern China[J]. *New Phytologist*, 2008, 180(1): 217-228.

[7] 尹逊福, 王以娇. 极值分布的推算方法及其在黄河口海区的应用 [J]. *海洋科学进展*, 1990, 8(1): 9-15.

[8] 胡基福 姜宏川, 等. 用 Gumbel 极值分布推算气候极值的方法[J]. *青岛海洋大学学报*, 1993(1): 43-51.

· 综合信息 ·

辽宁省 2009 年审定通过的水稻新品种(下)

审定编号 (辽审稻)	品种名称	类型	选育单位	亲本来源	全生育期 (d)	区试产量 (kg/667m ²)	生试产量 (kg/667m ²)
[2009]219 号	辽优 9573	杂交粳稻	辽宁省稻作研究所	95A × C73	161	642.90	616.50
[2009]220 号	锦稻 105	常规粳稻	盘锦北方农业技术开发有限公司	辽梗 454/ 辽盐 12	161	638.70	625.30
[2009]221 号	辽河 1 号	常规粳稻	大洼县辽河高科技农业研究所	龙盘 5/WRH2	161	636.90	645.70
[2009]222 号	盐梗 228	常规粳稻	辽宁省盐碱地利用研究所	97F ₃ -75/ 望水 8818	160	651.50	631.90
[2009]223 号	黄海 6 号	常规粳稻	东港市金禾谷物种植发展有限公司	黄海 2 号变异株系选	163	503.50	490.30
[2009]224 号	庄研 6 号	常规粳稻	庄河市农业技术推广中心	庄 97-122 变异株系选	164	470.60	454.90
[2009]225 号	庄研 7 号	常规粳稻	庄河市农业技术推广中心	丹梗 9 号变异株系选	163	489.10	456.00
[2009]226 号	港育 129	常规粳稻	东港市农业技术推广中心	中辽 9052/ 丹梗 4 号	163	519.60	491.70

(中稻宣)