

高粱株高性状遗传规律的初步研究^{*}

陈笑孔

(黑龙江省农科院嫩江农科所)

一九一五年格莱汉(Graham)首先发表了高粱的遗传报告,此后许多科学工作者,进行了此项研究;我国遗传所、辽宁省农科院、吉林省农科院、河北省唐山地区所等单位,对高粱的一些性状的遗传、遗传力和相关,都做过研究和报导。为了摸清早熟高粱品种材料的遗传变异规律,掌握其遗传特殊性,以便能为选育早熟高产杂交种及其相应亲本提供依据。为此,一九七七年开始,开展了高粱主要经济性状遗传规律的研究。

一、材料与方 法

本研究于一九七八年选用不同株高类型,十二个品种材料,进行了8个组合的杂交,见表1。

表1 杂交组合亲本株高类型 (1978年)

组 合 代 号	♀ ♂	株 高 类 型
73—1	嫩 76-5187 × 嫩 74-4294-1	中高 × 高
73—4	嫩 74-4243-3 × 关东矮	低 × 低
73—5	嫩 78-5197 × 7·康·千	低 × 中
78—12	(7384 × 3 尺 3) × 75-5168	高 × 中
78—13	嫩 74-4246 × 嫩 74-4294-1	高 × 高
78—15	嫩 76-5096 × 关东矮	高 × 低
78—27	边白 4 (海红 × 沂粟 17)	中 × 中
78—30	7·康·千 × 关东矮	中 × 低

每组合 F_2 代杂交材料,种植 8~10 行,行长 10 米,行距 70 厘米,株距 20 厘米,各组合 F_2 代前,种植父母本各一行,方法同 F_2 。抽穗时按株挂牌,注明抽穗日期;成熟后收获前,随机编号,测定 200~250 个植株的株高等性状,并做室内考种。用下列公式计算株高性状的方差,广义遗传力,变异系数;用 χ^2 法测定适合性,并估计了部分组合控制株高分离的最低基因对数。

$$\text{遗传力} \quad h^2\% = \frac{V_{F_2} - \frac{1}{2}(V_{P_1} + V_{P_2})}{V_{F_2}} \times 100$$

^{*} 参加此项研究工作的还有金元汉、李惊波、梁艳春等同志。

$$\text{标准差 } S = \sqrt{\frac{\sum (X - \bar{X})^2}{N - 1}}$$

$$\text{变异系数 } CV = \frac{S}{\bar{X}} \times 100$$

$$\chi^2 \text{ 测定 } \chi^2 = \sum \frac{(O - C)^2}{C}$$

$$\text{最低基因对数估计 } n = \frac{(P_1 - P_2)^2}{8[V^2 F_2 - \frac{1}{2}(V P_1 + V P_2)^2]}$$

二、试验结果

(一) 高粱 F_2 代杂种群体的株高均值表现

各杂交组合 F_2 代群体株高统计资料见表 2。据表 2 统计结果, 各组合的 F_2 代杂种群体株高平均数, 表现出三种类型。

第一种类型, F_2 代群体株高平均数, 接近或相当于双亲株高平均数。如 78-4, 78-12, 78-27 三个组合, 其中 78-27 F_2 代株高出现超高亲个体。

第二种类型, 其 F_2 代株高平均值, 偏离杂交双亲平均值, 倾向株高最高亲本。如 78-1, 78-13, 78-15 三个组合, 其中 78-1 F_2 代株高出现超双亲个体。78-13, 78-15 F_2 代株高产生超高亲个体。

第三种类型, 其 F_2 代群体株高平均值, 不但偏离双亲的株高平均值, 还超过了高亲株高均值。如 78-5, 78-30, 这两个组合, 均表现出超高亲遗传。

表 2 各组合杂交、双亲和其 F_2 代株高 (厘米) 统计资料表

组 合		个 体 总 数	\bar{X}	S	V	CV
78-1	♀	20	181.75	10.7	114.62	5.98
	♂	20	209.5	10.14	102.89	4.84
	F ₂	261	203.7	20.7	450.9	10.2
78-4	♀	11	177.14	9.187	84.401	5.186
	♂	20	94.7	8.455	71.481	8.928
	F ₂	222	134.9	22.32	497.78	16.542
78-5	♀	20	81.6	7.258	52.679	8.895
	♂	20	91.6	7.221	52.147	7.884
	F ₂	200	93.3	9.386	88.09	10.06
78-12	♀	20	211.45	11.623	135.103	5.497
	♂	20	98.1	9.335	37.147	9.516
	F ₂	204	157.1	24.109	581.234	15.351
78-13	♀	20	147.7	14.74	217.187	8.438
	♂	21	210.3	14.78	218.537	7.029
	F ₂	200	203.5	26.92	724.49	13.229

组	合	个 体 总 数	\bar{X}	S	V	OV
78-15	♀	20	199.3	14.50	210.33	7.28
	♂	20	93.0	7.1116	50.63	7.65
	F ₂	163	177.1	31.19	972.75	17.72
78-27	♀	15	125.36	6.693	44.801	5.34
	♂	26	163.88	10.24	104.83	6.25
	F ₂	152	148.1	26.72	713.83	18.04
78-30	♀	19	145.8	12.12	146.84	8.312
	♂	18	93.6	6.36	40.41	6.8
	F ₂	131	156.8	36.09	1302.13	23.17

上述三种表现,其产生原因,第一种类型是由于等位基因的显性效应引起的,而非等位基因互作效应甚微。第二、三类型, F₂代株高均值, 偏离双亲株高均值的原因,主要是等位基因的显性作用和非等位基因的互作而引起的。

(二) 高粱等位基因异质结合对数估计

由不同株高类型组成的八个杂交组合,其 F₂代分离都呈现常态分布,并有不同超亲分离个体出现,各组合 F₂代个体株高的表现型,呈现出不同的分离比例,通过 χ^2 测定,对控制株高分离的基因对数进行适合性检验,结果如下:

①一对基因控制 F₂代株高分离,如 78-15。

F₂代株高(厘米)次数分布一对基因组合 χ^2 测定

中 值 次数分布	125	175	225	总 计	χ^2 值	P
观 察 数	47	115	38	200	5.31	0.10~0.05
期 望 数	50	100	50	200		
期 望 比 例	1	2	1	4		

②两对基因控制 F₂株高分离,如 78-4,78-13,78-27 三个组合。

78-4 F₂代株高(厘米)次数分布二对基因 χ^2 测定

中 值 次数分布	95	115	135	155	175	n	χ^2 值	P
观 察 数	16	51	80	57	18	229	2.22	0.60
期 望 数	14.3	57.3	85.6	57.3	14.3	229		
期 望 比 例	1	4	6	4	1	16		

78-13 F₂代株高(厘米)次数分布二对基因 χ^2 测定

中 值 次数分布	145	173	201	229	257	n	χ^2 值	P
观 察 数	7	56	69	55	13	200	4.265	0.20
期 望 数	12.5	50	75	50	12.5	200		
期 望 比 例	1	4	6	4	1	16		

78-27F₂ 代株高 (厘米) 次数分布二对基因 χ^2 测定

次数分布	中 值	90	120	150	180	210	n	χ^2 值	P
观 察 数		8	51	49	39	5	152	7.935	0.05
期 望 数		9.5	33	57	38	9.5	152		
期 望 比 例		1	4	6	4	1	16		

③三对基因控制 F₂ 代株高分离, 如 78-5、78-12 二个组合。

78-5 F₂ 代株高 (厘米) 次数分布三对基因 χ^2 测定

次数分布	中 值	70	78	86	94	102	110	118	n	χ^2 值	P
观 察 数		2	17	51	66	42	16	6	200	4.988	0.40
期 望 数		3.3	18.8	46.9	62.5	46.9	18.8	3.3	200		
期 望 比 例		1	6	15	20	15	6	1	64		

78-12 F₂ 代株高 (厘米) 次数分布三对基因 χ^2 测定

次数分布	中 值	108	124	142	160	178	196	214	n	χ^2 值	P
观 察 数		5	28	45	50	49	20	3	200	7.912	0.2~0.3
期 望 数		3.3	18.8	46.9	62.5	46.9	18.8	3.3	200		
期 望 比 例		1	6	15	20	15	6	1	64		

④控制株高基因型相同, F₂ 代株高无分离。如 78-1、78-30 二个组合。

经各种分离比例的 χ^2 测定, 适合性不良, 又经用 Castle-wright 公式, 估计控制株高分离最低基因对数的数值, 分别为 0.301, 0.2798, 充分证明杂交双亲控制株高的基因型是相同的, 然而 F₂ 代造成株高的多样性 (变异系数分别为 10.4%, 23.17%) 是其它因素影响的结果。

上述控制株高分离基因对数, 经 χ^2 测定, 适合性良好, 故可以确认各杂交组合的双亲, 在杂交后, 其控制株高的等位基因异质结合的数值。

(三) 根据 F₂ 代的株高分离表现型, 估计各杂交亲本的基因型

高粱株高遗传, 根据国外研究资料, 认为四对基因控制。而参加杂交亲本, 其隐性基因位点不论如何变化, 在其杂交后是按等位基因异质结合对数进行分离。因此可以根据 F₂ 代分离比例, 估计出杂交双亲 F₁ 代等位基因异质结合对数, 再参照前人研究资料, 估计出参加杂交的一部分亲本的基因型模式。

于 1977 年, 曾用 NK120 这个品种, 分别与关东粳, 7·康·千, 两个材料进行杂交, 在其 F₂ 代株高资料统计分析后, 经 χ^2 测定, 均为三对基因控制株高分离, 适合性良好。

首先对其共同亲本 NK120 进行全面分析, 按其株型、株高、穗型、籽粒类型可能是迈罗高粱类型的衍生系统。而矮秆迈罗类型高粱, 其株高基因型, 是由三个隐性基因控制。其基因型为: $dw_1dw_2DW_3dw_4$ 。如 NK120 以 1、2、4 三隐性基因位点时, 则关东粳和 7·康·千两亲本必然是两对隐性基因控制, 其基因型可能有三种: (1) $DW_1DW_2dw_3dw_4$ (2) $DW_1dw_2dw_3DW_4$ (3) $dw_1DW_2dw_3DW_4$; 它们之间任何一种基因型与 NK120 杂交, 其 F₂ 代株

高，才能按三对异质结合基因分离。

已知 7·康·千这个材料,具有亨加利类型高粱血缘,而亨加利类型高粱第四基因位点,均为隐性状态存在,故 7·康·千的株高基因型应当是: $DW_1DW_2dw_3dw_4$ 。可是关东矮的基因型是否与 7·康·千相同呢?当时尚难肯定。经本研究对 7·康·千与关东矮杂交(组合代号 78-30),其 F_2 代株高统计资料,经用 Castle-wright 公式计算, $n=0.2798$,证明 7·康·千与关东矮杂交,其控制株高的四对基因均为同质结合,故其株高基因型是相同的。

从而把与 7·康·千,关东矮杂交的亲本,按其 F_2 代分离比例,血缘类型,推导出各亲本材料的基因型模式,见下表。

基 因 型	品 种	基 因 型	品 种
$DW_1DW_2dw_3dw_4$	7·康·千 关东矮	$dw_1DW_2dw_3DW_4$	嫩 74-4243
$DW_1DW_2DW_3dw_4$	嫩 76-5096	$dw_1dw_2dw_3DW_4$	嫩 78-5197

三、讨 论

(一) 高粱株高遗传力和遗传方式

高粱株高遗传力,反应出它的遗传基础和受环境影响的大小,从而可以决定选择强度。

各 组 合 株 高 遗 传 力 数 值

组 合	78-1	78-4	78-5	78-12	78-13	78-27	78-30
$h^2\%$	75.8	42.1	40.5	80.9	69.9	89.5	92.8

高粱株高遗传力很强,各组合遗传力在 40.5%~92.8%。

1980 年试验资料中,有些组合的遗传力数值,的确表现很低,分析其原因,这些表现低的株高遗传力组合,大都是低秆×低秆的组合,这可能是参加杂交的低秆亲本,容易受环境影响造成的结果。

高粱株高的遗传方式,呈明显的累加效应,当然也存在复等位基因的作用;当高秆与矮秆这一对性状杂交, F_1 代呈不完全显性; F_2 代由于基因重组,其基因型随显性基因数增加,植株愈高,反之随隐性基因数增加,株高相应降低。但是控制株高已知四对遗传基因,其遗传效应是不尽相同的;因此株高基因型中随显性基因的增加,或随隐性基因的增加,株高不是按显性或隐性基因数的增减,而等比例的增高或降低。

在育种实践中,按株高遗传力,可以在 F_2 代进行早代选择,这已为育种实践工作所证明,但是当高秆×低秆或高秆×中秆杂交时,如以高秆为选择目标,个体选择要考虑显性效应,入选个体株高以超过杂种群体平值为宜,如以选择矮秆为目标,在选择个体时应注意超低亲遗传个体或接近低亲平均值个体的选择,如此方可获得良好效果。如我们用 7384×嫩 75-5168 杂交,此系高秆×中秆组合,在 F_2 代群体中,进行高秆与低秆同时选择,在 F_4 代获得了株高超高亲或相当高亲与超低亲的单系材料。

(二) 以超矮秆为选择目标,在配制杂交组合时,必须注意矮秆基因源的选择

在本研究的杂交组合中,高秆×矮秆,矮秆×矮秆,中秆×矮秆,三种类型的杂交组合中、 F_2 代群体中,都数量不同的分离出超矮秆个体,因此为了选择超矮秆材料,必须在选配

杂交亲本时, 要注意矮秆基因源的选择。在本研究中, 以关东矮为矮秆基因源, 凡与之配制的组合中, F_2 代平均值, 均超过矮源亲本。然而各类杂交组合中, 矮秆个体数量, 仍以矮秆 \times 矮秆的组合为多, 故在创造矮秆材料时, 在与矮源杂交的另一亲本, 其株高的变异系数尽量要小。

玉米亲本配合力初步探讨

王 喜 录

(黑龙江省庆安县农科所)

前 言

近年来育种工作在测验杂交组合, 测定自交系配合力, 特别是研究和比较品系的性能, 是很重要很必要的。

配合力是遗传性状, 也是杂种一代研究的主要内容, 目前玉米杂交工作很普遍, 但是用双列法, 不完全双列法检验一般配合力, 特殊配合力及遗传力等, 估算出数量性状有关遗传因素的效应还不太多。格列芬 1956 年利用双列杂交法进而估算出数量性状的一般配合力特殊配合力及遗传力为育种法提供依据。正确选择亲本和尽早辨明组合的优劣, 是选拔优良品种的关键。如何有预见性的选配强优势杂交组合, 并迅速选育出优良品种, 是长期以来要解决的一个重要理论问题。

为此, 在玉米矮化育种工作中, 利用“不完全双列杂交选择交配”育种法, 测定玉米杂种一代配合力, 经初步分析, 为探讨亲本配合力提供一点依据。

试 验 方 法

1978 年~1979 年在玉米测交圃, 采用两套亲本: 一是三个矮化亲本 P_1 ($n_1 = 3$) 分别为射火_{51B}, 大_{33B}, 喜桂图旗 (A.B.O.), 另一套四个丰产型亲本 p_2 ($n_2 = 4$), 分别为维尔₄₄, 维尔₁₀₀, 华₉₄, 甸骨₁₁ (D.E.F.G) 这样 1978 年配成 12 个组合。1979 年按随机区组设计, 三次重复, 每小区抽样 10 株观察株高, 定为小区株高平均值, 同时将每个平均株高截去 100 厘米, 归纳成表 1 的数据资料。

表 1 玉米株高观察值统计表 (10 株平均值、并去 100 厘米)

组 合	AD	AE	AF	AG	BD	BE	BF	BG	OD	OE	OF	OG	区 组 总 和
区 组	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
1	51	58	55	53	52	63	57	56	45	57	44	34	625
2	57	60	50	41	49	70	58	52	51	58	47	35	628
3	55	59	58	54	48	58	53	57	46	51	42	34	615
组 合 总 和	163	177	163	148	149	191	168	165	142	166	133	103	1868
组 合 平 均	54.3	59	54.3	49.3	49.6	63.6	56	55	47.3	55.3	44.3	34.3	