

春小麦数量性状的遗传模型分析^{*}

李泽宇

(黑龙江省 农科院黑河农科所)

摘要 本文利用 Hayman 的双列杂交法对春小麦几个主要数量性状进行遗传模式分析,估算其遗传分量,了解各性状的遗传本质,为春小麦开展有效育种提供一些参考依据

关键词 春小麦 遗传模型 遗传 基因

中图分类号 S512.1032

春小麦的几个主要性状在其遗传育种中起重要作用,研究春小麦各性状的遗传本质,对春小麦的有效育种有非常重要的意义

1 材料与方法

1.1 试验设计

试验在黑河农科所试验地进行,选用 7 个春小麦品种:垦 149 黑 70- 4 克 69- 701 克 77 - 593 克 79- 171 黑春一号、克丰 3 号。按 $\frac{1}{2} P(P-1)$ 双列杂交所得的 28 个组合的 F_1 (不含反交) 为供试材料,试验按随机区组设计,3 次重复,单行区,行长 1m,行距 30cm,每小区随机取样 5 株,定株调查,分株收获、脱粒、考种。调查性状有株高、穗长、有效小穗数、穗粒数、穗粒重、千粒重共六个性状。

1.2 统计分析

采用 Hayman 等人的双列分析法进行遗传分析,首先进行方差分析和 V_F 、 W_F 的估算,进行模型检验,再估算方差分量及其它的遗传参数。

2 结果与讨论

2.1 组合间方差显著性检验

性状的方差分析表明,六个性状的处理(亲本+ F_1) 间变异相对于各自的机误变异都达极显著水平,因此,可作进一步分析。

表 1 组合间方差分析

变异来源	自由度	方差					
		株高	穗长	有效小穗数	穗粒数	穗粒重	千粒重
重复间	2	20.7255	0.2075	7.8140 [*]	70.094 [*]	0.1141 [*]	1.7900
处理间	48	64.5984 [*]	3.5991 [*]	4.9670 [*]	123.6160 [*]	0.1759 [*]	27.0300 [*]
机误	96	9.1885	0.2479	0.6408	9.2470	0.0245	2.2300

^{*} 收稿日期 1998-12-10
1994-2016 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.

2.2 各性状的遗传模型

表 2列出了各性状的阵列遗传方差 V_r 和阵列遗传协方差 W_r ,求得的 W 对 V 的遗传回归常数 a 和回归系数 b' 也列入表 2 t^2 为检验 $(W_r- V_r)$ 的多样性的统计量 $t^2= \frac{(n- 2)}{4}$ 。
[$\frac{\{V(V_r)- V(W_r)\}^2}{V(V_r)V(W_r)- 6V^2(V_r, W_r)}$]该统计量服从自由度为 4和 $(n- 2)$ 的 F 分布,如 t^2 不显著,说明在双列杂交设计中, Hayman(1954)提出的六点假设成立,即该性状符合加性 – 显性效应模型,反之,假设不成立,不用该模型对它继续分析^[1]。

表 2 阵列遗传方差 V 协方差 W 及 W 对 V 的 a 和 b'

性状		株高	穗长	有效小穗数	穗粒数	穗粒重	千粒重
1	V	15. 45	0. 49	1. 06	9. 39	0. 034	1. 10
	W	9. 82	0. 65	1. 18	9. 88	0. 017	2. 24
2	V	17. 31	0. 47	1. 31	16. 64	0. 037	10. 67
	W	9. 04	0. 64	0. 53	19. 71	0. 013	10. 91
3	V	11. 67	0. 80	1. 32	30. 79	0. 066	9. 24
	W	0. 63	0. 90	0. 82	30. 62	0. 030	8. 55
4	V	14. 20	1. 04	0. 89	35. 14	0. 055	9. 38
	W	17. 28	1. 13	1. 19	33. 32	0. 030	8. 66
5	V	30. 83	0. 78	1. 51	24. 31	0. 040	4. 82
	W	22. 19	1. 03	1. 42	23. 40	0. 019	5. 60
6	V	5. 14	1. 16	1. 59	44. 18	0. 073	2. 35
	W	10. 34	1. 31	1. 68	40. 23	0. 038	3. 16
7	V	28. 47	0. 55	1. 33	31. 61	0. 049	11. 48
	W	26. 60	0. 77	1. 40	33. 00	0. 033	12. 62
t^2		0. 011	0. 51	1. 26	3. 96	5. 29*	0. 80
回归常数	a	0. 71	0. 335	0. 50	3. 54	- 0. 005	0. 99
回归系数	b'	0. 739	0. 770	0. 52	0. 861	0. 55	0. 93

由表 2可知, t^2 值检验表明,穗粒重 t^2 达显著,其它性状 t^2 不显著,所以除穗粒重外,其余 5个性状符合加性 – 显性效应模型,即这 5个性状的非加性变异归于等位基因间互相作用(显性)。由于穗粒重遗传明显偏离加性 – 显性效应模型,所以不再用此模型对它们进行继续分析。

从对 5个性状的遗传回归常数与零差异的检验, 5个性状均为部分显性

为研究亲本中显、隐性基因分布,将各性状最大阵列遗传协方差所在阵列 A_1 和最小阵列协方差所在阵列 A_5 以及对应阵列的公共亲本平均值列入表 3

表 3 具有最大和最小遗传协方差的阵列号和相应阵列的公共亲本平均数

性状	株高	穗长	有效小穗数	穗粒数	千粒重
A_1	7(62. 6)	6(9. 7)	6(16. 6)	6(52. 8)	7(41. 7)
A_5	3(67. 9)	2(9. 8)	2(16. 4)	1(41. 7)	1(47. 8)

最大遗传协方差所在阵列的公共亲本含有最少的显性基因,最小遗传协方差所在阵列的公共亲本含有最多的显性基因^[1],所以根据表 3,对株高来说,亲本 3的显性基因最多,亲本 7

含的显性基因最少,其它亲本介于二者之间,而亲本 3 的平均数大于亲本 7 的。因此,使株高增加是由显性基因控制的。对其它性状可作类似分析,相应的结论是:对于穗长和千粒重分别为亲本 2 和亲本 1 的显性基因最多,即使主穗伸长和千粒重增多,是由显性基因控制的,都为部分显性。有效小穗数,亲本 2 含的显性基因最多,亲本 6 含的显性基因最少。因此,有效小穗数的增多是由隐性基因来控制的,且为部分显性,对于主穗粒数,亲本 1 含的显性基因较多,亲本 6 含的显性基因较少,所以,穗粒数的增多,也是由隐性基因来控制的。

2 3 方差分量及遗传参数分析

表 4 方差分量及遗传参数值

性状	株高	穗长	有效小穗数	穗粒数	千粒重
D	29.512 ± 4.681	1.524 ± 0.044	1.819 ± 0.292	31.493 ± 1.714	16.009 ± 0.496
F	8.549 ± 11.230	- 0.589 ± 0.106	- 0.69 ± 0.705	- 40.410 ± 4.112	2.877 ± 1.189
H _i	42.140 ± 11.269	0.742 ± 0.186	1.185 ± 0.703	16.721 ± 4.127	12.615 ± 1.193
H _e	36.565 ± 9.921	0.675 ± 0.094	1.478 ± 0.619	12.626 ± 3.636	12.198 ± 1.052
D- H _i	- 12.628	0.782	0.634	14.772	3.394
(H _i /D)- $\frac{1}{2}$	1.1949	0.698	0.807	0.729	0.890
H _e /4H _i	0.217	0.227	0.312	0.189	0.240
h ² /H _e	0.451	0.651	0.254	0.701	3.095
hn(%)	54.15	81.25	77.65	75.39	64.12

2 3.1 根据 D 和 H_i 的大小和显著水平,以上五个性状除有效小穗数外,其余 D 和 H_i 都达显著水平。说明所得方差中加性方差效应和显性效应都是重要的。但从 D- H_i 值看出,穗长、穗粒数及千粒重以加性效应更为重要,株高以显性效应为主。有效小穗数 D 显著, H_i 不显著,则其遗传变异主要是加性效应。平均显性度,除株高为超显性外,其余都为程度不同的部分显性,后四个性状的结果与前分析中截距表示的结果一致,株高的结果与截距的结果稍有不同,大概由于回归分析中包括了误差方差所致^[2]。

2 3.2 $H_e /4H_i = \overline{U\bar{V}}$ 的值是量度亲本内有关位点的增效等位基因 (U) 和减效等位基因 (V) 的平均分布情况。若亲本中 U 和 V 相等,则 $\overline{U\bar{V}}$ 的期望值为 0.25。因此平均说来,除有效小穗数及穗粒数之外,其它性状的增效和减效等位基因在亲本内分布大致相等。

2 3.3 F 值的大小反映亲本内显性和隐性等位基因分布的情况。F> 0,显性基因占优势,F< 0,隐性基因占优势,F= 0,二者分布相等。各性状估得的 F 值与各自标准误差相比,除穗长、穗粒数及千粒重显著外,其余均不显著。所以,株高与有效小穗数的显、隐性等位基因频率在亲本中大致相等。穗长与穗粒数,F< 0 表明亲本所携带的隐性基因比显性基因要多。千粒重 F> 0,表明亲本所携带的隐性基因比显性基因要少。

关于控制性状并显示显性的基因组数,用 h² /H_e 来估算,结果表明除千粒重外的其它性状都是由一组基因来控制的,千粒重有三组基因控制,另有一些微效基因起辅助作用。

2 4 遗传分析结果在育种实践中的应用

在研究材料中,对株高来说遗传变异主要是显性部分提供,且为超显性。所以不能通过自交重组选出优于 F_i 的纯系,但由于显、隐性基因在亲本中分布大致相等,有可能选出优于高亲的纯系。若要选出低于矮亲的品系,只是选择方向相反。对于穗长,由于使它伸长的基因是显性基因,平均显性度是部分显性,且亲本所携带的隐性基因多于显性基因,所以后代中不易选

出高于高亲的品系。因此,要注意选择大穗亲本来配制杂交组合,有效小穗数,使它增多是隐性基因控制的,且为部分显性,同时,显、隐性等位基因在亲本中分布大致相等。在杂交育种中,通过 F_1 代自交重组,有可能选出多于高亲的品系。对那些双亲小穗数都较高而 F_1 介于双亲间的组合,可能更易得到多于高亲的品系。对于主穗粒数,以加性效应为主,粒数的增多受隐性基因控制,同时亲本中所携带的隐性基因较显性基因多,所以该性状在杂交后代中,有可能选出粒数较多的后代,且一旦选择,纯合较快。对于千粒重来说,平均显性度为部分显性,控制千粒重增加的是显性基因,同时显性基因在亲本中占优势,所以有可能选出优于高亲的纯系。

参 考 文 献

- 1 刘来福等.作物数量遗传.农业出版社,1982,125~ 149
- 2 朱睦元等.小麦子粒蛋白质含量及其品质的遗传分析.遗传学报,1983,10(5): 352~ 361

Analysis of Genetic Modle on Quantitative Characters in Spring Wheat

Li Zeyu

(Heihe Agricultural Research Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences)

Abstract In this paper, we analyse genetic model on several main quantitative characters in spring wheat with the method of Hayman's double crosses, estimate its genetic quantities and understand the genetic essence of the characters so as to provide some reference bases for spring wheat breeding.

Key words Spring wheat, Genetic model, Inheritance, Gene