

大豆茎秆性状多年遗传分析与互作基因定位

潘校成

(65301 部队副业基地,黑龙江 五大连池 164100)

摘要:株高和茎秆重是大豆品种高产和理想株型的重要指标,是大豆重要的产量性状。为进一步研究数量性状,开拓新的研究领域,以 Charleston 和 Dongnong594 为亲本衍生出的重组自交系群体为试验材料,利用 SEA 软件下的主基因+多基因混合遗传模型对 8 个年份下的 147 株重组自交系群体的株高和茎秆重进行了遗传分析,之后利用 Gene interaction 软件进行基因互作分析。结果表明:大豆株高在 2006 年、2007 年和 2013 年均符合 2MG-Duplicate、2MG-Inhibiting 两种模型,在 2009 年和 2010 年都符合模型 2MG-Complementary。大豆茎秆重在 2006 年、2007 年、2009 年、2010 年、2013 年均符合 2MG-Complementary 模型,2006 年、2007 年均符合 2MG-RecessiveI 模型,在 2010 年符合 2MG-Additive 模型。在符合率 70% 以上的条件下,2 对互作基因影响株高,1 对互作基因影响茎秆重。

关键词:大豆;株高;茎秆重;基因互作

中图分类号:S565.1 **文献标识码:**A **文章编号:**1002-2767(2016)10-0001-08 DOI:10.11942/j.issn1002-2767.2016.10.0001

大豆既是粮食作物,又是油料作物,营养丰富,同时是许多副食品的重要原料。如何不断提高大豆产量,提升国产大豆的竞争力,是大豆育种家迫在眉睫的问题^[1]。大豆产量与它的农艺性状密切相关,株高和茎秆重是大豆重要的农艺性状,对大豆植株抗倒伏性、株型的建立、产量和品质的提高有着重要的影响^[2]。

探讨数量性状的遗传规律和相关算法一直以来都是育种家的重要课题。数量性状的遗传体系比较复杂,可以由个别或者少数主基因组成、若干微效基因组成、也可以是个别或者少数主基因与若干微效基因共同组成并且基因间存在互作效应^[3]。近年来,关于主基因+多基因混合分析模型分析植物数量性状的报道很多,在不同作物不同性状上均有体现。段有德认为甘蓝型黄籽油菜种皮色泽属于质量-数量性状,其遗传符合 1 对主基因+多基因的混合遗传,而且多基因效应对种皮色泽具有很强的修饰作用,同时环境对种皮色泽的影响较大^[4]。肖静以水稻杂交组合多穗矮×中花 11 的 F₂ 群体 597 个植株为材料,分析株高和分蘖数的遗传规律,研究表明该组合的株高和分蘖数是受同一主基因控制^[5]。郑永战等以 Es-sex×ZDD2315 的 P₁、P₂、F₁、BC₁、F₃ 为材料,分析大豆脂肪及脂肪酸组分含量的遗传机制,研究

表明,大豆脂肪含量是受 2 对加性互补主基因+多基因的控制;棕榈酸、硬脂酸和亚油酸都符合 3 对主基因+多基因遗传模型;油酸符合 3 对加性主基因遗传模型;亚麻酸符合 2 对等加性主基因+多基因遗传模型^[6]。然而针对大豆株高和茎秆重的报道较少,闰昊对矮秆大豆株高遗传和主茎节间长度进行相关分析,研究表明控制株高性状的基因是一对主效非完全显性基因和多个辅助数量基因,两者协同作用^[7]。而位艳丽^[8]和宁海龙^[9]研究认为株高性状符合 2 对主基因+多基因遗传模型。这种主基因的差别可能是研究材料的不同造成的结果,他们的共同点是株高性状受主基因+多基因控制。

本研究对大豆株高和茎秆重性状遗传进行主基因+多基因混合遗传模型分离分析,进一步研究大豆株高和茎秆重的遗传规律,以期有效的大豆选育方法提供切实有效理论参考,并为制定大豆生产技术提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验以美国半矮秆大豆查尔斯顿(Charleston)为母本,东北地区主栽品种东农 594 为父本,配制杂交组合。1996 年进行杂交得到杂种 F₁,1997 年种植 F₁ 单株自交得到 F₂,建立重组自交系群体。F₂ 代采用单粒传法的方式繁殖;在 F₃~F₄ 代采用株系内混合收获播种。通过南繁加代获得重组自交系群体,共 147 个株系。

收稿日期:2016-09-13

作者简介:潘校成(1970-),男,山东省潍坊市人,学士,农艺师,从事大豆遗传与分子辅助育种研究。E-mail: 836997807@qq.com。

1.2 方法

1.2.1 田间种植 群体种植于东北农业大学试验基地,采用随机区组设计。行长 5 m,行距 65 cm,株距 5 cm。2006-2007 年 2 次重复,2008-2015 年 3 次重复。田间管理同一般大田。每次重复选取 5 株长势相同的植株分别挂牌标记,10 月收获时,各行各株独立分收,保证植株完整度。室内考种时分别测量株高与茎秆重,取平均值作为本研究的表型数据。

1.2.2 性状遗传分析 利用盖钧镒^[10]等研制的植物数量性状分离分析软件(简称 SEA)下的主基因+多基因混合遗传多世代联合分析模型,对 8 个年度不同环境下的重组自交系群体的株高和茎秆重进行联合分析。选择其中 AIC 值(Akaike's Information Criterion, AIC)较低的几个模型作为备选遗传模型,之后对备选遗传模型做适合性检验,综合估算选择最适的遗传模型。AIC 值最低同时适合检验显著的模型,被认为是最适遗传模型。最后对最适遗传模型进行遗传参数估计,分析出大豆株高和茎秆重性状的遗传规律。

1.2.3 基因互作分析 基因互作算法首先对数量性状表型进行高、低或高、中、低分组,依据二对基因互作 6 种效应(互补效应,9:7;重叠效应,15:1;抑制效应,13:3;显性上位效应,12:3:1;隐性上位效应,9:3:4,积加效应,9:6:1)的表型比率,使

用 157 对引物的基因型对 147 株个体的表型进行推测,如果推测的表型与实际的表型能够对应上的个体就标记为 T(True),如果推测的表型与实际的表型不能对应上的个体就标记为 F(False),最后计算符合率(公式 1)。

符合率(%) = $\frac{T}{T+F} \times 100$

式中,T 表示符合的个体数量,F 表示没有符合的个体数量。

2 结果与分析

2.1 表型数据分析

比较不同环境下亲本与群体的株高性状(见表 1),2013 年株高最大值为 162.0 cm,最小值 20.0 cm,为 8 个年份的极值。均值 8 a 在 83.3~99.1 cm,标准差在 3.24~5.22 cm,偏度的数值在-0.61~0.31,峰度的数值在-0.43~0.81。8 个环境下群体内株高具有广泛的遗传变异,且呈连续型分布。具有典型的数量性状遗传特征。有必要进行主基因分离剖析。

大豆茎秆重表现为(见表 2),2006 年最小值也为 8 a 最小,为 5.10 g,8 a 茎秆重均值在 10.91~19.38 g,标准差为 1.63~2.65 g,偏度为 0.21~2.42,峰度为-0.16~16.31。总体茎秆重呈现典型数量遗传模式,近似正态连续分布,有必要进行主基因分离剖析。

表 1 不同年度大豆株高数据分析
Table 1 Soybean plant height analysis in different years

年份 Years	查尔斯顿 Charleston P ₁	东农 594 Dongnong 594 P ₂	最大值/cm Max	均值/cm Mean	最小值/cm Min	标准差/cm SD	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
2006	-	-	145.2	94.8	32.3	4.92	-0.31	-0.41
2007	-	-	135.2	94.3	44.0	4.44	-0.31	-0.20
2008	91.9	100.4	127.3	97.3	64.0	3.24	-0.35	0.81
2009	70.9	79.9	127.6	86.8	59.1	3.29	0.09	0.59
2010	81.9	86.2	160.9	98.7	59.8	4.02	0.31	0.53
2013	50.6	70.4	162.0	83.3	20.0	5.22	-0.17	0.05
2014	-	121.8	141.0	99.1	40.5	4.71	-0.61	-0.10
2015	72.8	72.4	132.0	98.1	58.4	4.13	-0.41	-0.43

“-”由于天气灾害,未取得个体的表型。下同。
“-” mean no individual phenotypes caused weather disasters. The same below.

2.2 株高和茎秆重遗传分析

2.2.1 株高的遗传分析 利用 RIL 群体 8 个世代的单独分析,分别对株高状进行主基因+多基

因混和遗传模型分析,获得遗传模型的 AIC 值(见表 3)。根据 AIC 值最小原则,综合考虑各世代内模型 AIC 值与最小 AIC 值的差异情况,如

果本世代内模型与最小 AIC 值模型的 AIC 值差异数值较小时,那么选择 AIC 值差异数值 ≤ 2 的模型作为备选模型,如果差异较大时,选择 2 个 AIC 值最小的模型作为备选模型。按 AIC 值从小到大的顺序,株高结果如下:2006 年备选模型为 2MG-Duplicate、2MG-Inhibiting;2007 年备选模型为 2MG-Duplicate、2MG-Inhibiting;2008 年

备选模型为 0MG、4MG-EEEE;2009 年备选模型为 0MG、2MG-Complementary;2010 年备选模型为 0MG、2MG-Complementary;2013 年备选模型为 2MG-Duplicate、2MG-Inhibiting;2014 年备选模型为 3MG-AI、4MG-AI;2015 年备选模型为 3MG-AI、4MG-AI。之后利用 U1U2U3 (均匀性检验)、Nw (smirnov 检验)、Dn (kolmogorov 检

表 2 不同年度大豆茎秆重数据分析

Table 2 Soybean stem weight analysis in different years

年份 Years	查尔斯顿 Charleston P ₁	东农 594 Dongnong 594 P ₂	最大值/g Max	均值/g Mean	最小值/g Min	标准差/g SD	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
2006	-	-	34.20	13.50	5.10	2.12	1.06	2.63
2007	-	-	22.63	11.96	6.51	1.85	1.00	0.80
2008	7.10	11.90	25.00	10.91	5.88	1.67	1.51	4.62
2009	10.24	11.43	31.00	12.09	6.28	1.63	2.42	16.31
2010	15.40	14.68	26.80	15.60	8.50	1.99	0.56	-0.16
2013	9.93	25.73	42.20	19.38	5.40	2.65	0.59	0.44
2014	-	-	30.32	18.66	5.60	2.14	0.21	0.70
2015	14.75	13.30	31.00	15.24	7.20	2.22	1.16	1.30

表 3 株高性状主基因+多基因混合遗传模型 AIC 值

Table 3 Plant height traits AICvalue of polygene + mixed genetic model

模型 Model	2006	2007	2008	2009	2010	2013	2014	2015
0MG	1357.78	1297.95	1112.98	1120.83	1239.40	1466.02	1459.78	1347.56
1MG-A	1357.23	1299.78	1114.99	1122.84	1241.41	1468.01	1461.78	1349.56
2MG-A	1361.68	1301.77	1116.99	1124.84	1243.41	1470.00	1463.78	1351.56
2MG-Additive	1357.82	1295.77	1115.84	1124.82	1242.87	1453.12	1418.52	1338.37
2MG-AI	1358.95	1297.76	1117.84	1126.82	1244.88	1455.12	1420.52	1340.37
2MG-Complementary	1359.79	1299.95	1114.99	1122.81	1240.87	1468.02	1461.78	1349.56
2MG-DominanceI	1356.95	1295.76	1115.84	1124.84	1243.41	1453.12	1418.52	1338.37
2MG-Duplicate	1355.82	1293.77	1113.84	1122.84	1241.40	1451.12	1416.52	1336.37
2MG-EA	1357.96	1299.93	1114.99	1122.84	1241.41	1468.01	1461.79	1349.56
2MG-Inhibiting	1355.82	1293.77	1113.84	1122.84	1241.40	1451.12	1416.52	1336.37
2MG-RecessiveI	1359.23	1301.78	1116.99	1124.82	1242.88	1470.01	1463.78	1351.56
3MG-A	1361.22	1303.94	1118.99	1126.84	1245.41	1472.01	1465.79	1353.56
3MG-AI	1362.84	1301.48	1123.70	1134.73	1252.46	1462.92	1367.52	1305.85
3MG-CEA	1356.87	1294.70	1116.40	1133.41	1254.16	1454.16	1461.83	1349.60
3MG-PEA	1359.94	1301.93	1116.99	1124.84	1243.41	1470.01	1463.79	1351.56
4MG-A	1365.78	1305.95	1120.98	1128.85	1247.39	1474.01	1467.78	1355.56
4MG-AI	1380.94	1311.11	1144.00	1156.62	1274.18	1465.99	1373.85	1322.99
4MG-CEA	1359.77	1299.94	1115.00	1122.84	1241.41	1468.01	1461.79	1349.56
4MG-EEA	1359.95	1301.94	1116.99	1124.84	1243.41	1470.01	1463.79	1351.56
4MG-EEEE	1359.99	1298.98	1113.38	1125.50	1243.61	1461.17	1418.08	1349.06

验(见表 4)对上述候选模型进行适合性检验,在 $P=0.05$ 的显著水平下,选择统计量达到显著水平最少的模型作为最优模型。从表 4 可以看出,各环境下全部参数概率均大于 0.05。适合性检验结果相同,因此按 AIC 值最小且重复率在两年以上的原则选则最适遗传模型。结果如下:大豆株高在 2006 年、2007 年和 2013 年均符合 2MG-Duplicate、2MG-Inhibiting 两种模型,在 2009 年和 2010 年都符合模型 2MG-Complementary。统计大豆株高遗传模型的遗传参数(见表 5),结果如下 2010 年 2MG-Complementary 的遗传率最低为 18.63%,2013 年的遗传率最高为 57.82%。

表 4 株高性状主基因+多基因备选模型适合性检验参数

Table 4 Plant height traits suitability test parameters of polygene+mixed genetic model							
年份 Years	模型 Models	适合性检验参数 Suitability test parameters					
		AIC	P(U ₁)	P(U ₂)	P(U ₃)	P(Nw)	P(Dn)
2006	2MG-Duplicate	1355.8236	0.9612	0.8517	0.5761	0.9048	1
2006	2MG-Inhibiting	1355.8236	0.9612	0.8517	0.5761	0.9048	1
2007	2MG-Duplicate	1293.7669	0.8849	0.8405	0.8068	0.8797	1
2007	2MG-Inhibiting	1293.7669	0.8849	0.8405	0.8068	0.8797	1
2008	0MG	1112.9844	0.7576	0.9257	0.4109	0.7752	1
2008	4MG-EEEA	1113.3812	0.9489	0.9637	0.6670	0.9559	1
2009	0MG	1120.8274	0.9103	0.9197	0.9738	0.7134	1
2009	2MG-Complementary	1122.8131	0.8992	0.8980	0.9824	0.7011	1
2010	0MG	1239.3980	0.8623	0.8896	0.9073	0.9864	1
2010	2MG-Complementary	1240.8747	0.9339	0.9666	0.8778	0.9913	1
2013	2MG-Duplicate	1451.1213	0.9599	0.8921	0.7277	0.9745	1
2013	2MG-Inhibiting	1451.1213	0.9599	0.8921	0.7277	0.9745	1
2014	3MG-AI	1367.5155	0.9988	0.9990	0.9991	0.9996	1
2014	4MG-AI	1373.8531	0.9927	0.9977	0.9807	0.9999	1
2015	3MG-AI	1305.8510	0.6246	0.4900	0.3864	0.5627	1
2015	4MG-AI	1322.9900	0.9869	0.8588	0.5168	0.7497	1

表 5 大豆株高性状遗传参数估计值

Table 5 Genetic parameter estimates of soybean plant height traits									
年份 Years	模型 Models	遗传参数估计值 Genetic parameter estimates							
		m	da	db	dc	dd	iab(i*)	Major-Gene Var	Heritability(Major-Gene)
2006	2MG-Duplicate	86.1290	-	-	-	-	17.7347	243.8562	0.4141
2006	2MG-Inhibiting	86.1290	-	-	-	-	-17.7347	243.8562	0.4141
2007	2MG-Duplicate	86.1222	-	-	-	-	15.9563	189.8373	0.4843
2007	2MG-Inhibiting	86.1222	-	-	-	-	-15.9563	189.8373	0.4843
2009	2MG-Complementary	88.2302	-	-	-	-	2.8045	6.6945	0.0570
2010	2MG-Complementary	102.7539	-	-	-	-	7.9564	49.0494	0.1863
2013	2MG-Duplicate	59.9119	-	-	-	-	31.5506	711.0578	0.5782
2013	2MG-Inhibiting	59.9119	-	-	-	-	-31.5506	711.0578	0.5782

m 为群体平均值,da,db,dc 和 dd 分别为第 1 对、第 2 对、第 3 对和第 4 对主基因的加性效应值,iab(i*)为加性×加性效应。下同。
m mean population average,da,db,dc and dd mean the 1st,2nd,3rd and 4th main gene additive effect value respectively,iab(i*)
mean additive × additive effect. The same below.

2.2.2 茎秆重的遗传分析 利用 RIL 群体 8 个世代的单独分析,分别对茎秆重性状进行主基因+多基因混和遗传模型分析,获得遗传模型的 AIC 值(见表 6)。结果表明,2006 年备选模型为 2MG-Complementary、2MG-RecessiveI;2007 年备选模型为 2MG-Complementary、2MG-RecessiveI;2008 年备选模型为 4MG-AI、4MG-EEEE;2009 年备选模型为 0MG、2MG-Complementary;2010 年备选模型为 2MG-Complementary、2MG-Additive 和 2MG-RecessiveI;2013 年备选模型为

0MG、2MG-Complementary;2014 年备选模型为 4MG-AI、3MG-AI;2015 年备选模型为 4MG-AI、3MG-AI。在 $P=0.05$ 的显著水平(见表 7),适合性检验参数均大于 0.05,因此按 AIC 值最小的且重复率在两年以上的原则选择茎秆重最适遗传模型,结果如下大豆茎秆重在 2006、2007、2009、2010、2013 年均符合 2MG-Complementary 模型,2006 和 2007 年符合 2MG-RecessiveI 模型,在 2010 年符合 2MG-Additive 模型。遗传率变异幅度在 4.47%~58.58%。

表 6 茎秆重性状主基因+多基因混合遗传模型 AIC 值

Table 6 Plant stem weight AIC value of polygene + mixed genetic model

模型 Model	2006	2007	2008	2009	2010	2013	2014	2015
0MG	862.12	783.93	782.24	727.05	824.78	1042.04	994.08	938.00
1MG-A	864.12	785.94	784.24	729.05	822.81	1044.04	996.09	940.00
2MG-A	866.13	787.94	786.24	731.05	824.81	1046.05	998.09	942.01
2MG-Additive	860.58	760.68	786.24	730.87	817.16	1046.04	956.17	939.17
2MG-AI	862.58	762.68	788.24	732.87	819.17	1048.03	958.17	941.17
2MG-Complementary	858.58	758.68	784.24	728.87	815.16	1044.02	996.08	937.17
2MG-DominanceI	866.12	787.94	786.24	731.05	824.81	1046.04	956.17	942.00
2MG-Duplicate	864.12	785.93	784.24	729.05	826.78	1044.04	954.17	940.00
2MG-EA	864.13	785.94	784.24	729.05	826.76	1044.05	996.09	940.01
2MG-Inhibiting	864.12	785.93	784.24	729.05	826.78	1044.04	954.17	940.00
2MG-RecessiveI	860.58	760.68	786.24	730.87	817.16	1046.03	998.09	939.17
3MG-A	868.13	789.95	788.24	733.05	830.76	1048.05	1000.09	944.01
3MG-AI	866.17	768.57	791.34	738.44	826.85	1055.92	932.22	920.09
3MG-CEA	877.72	781.98	787.70	756.93	821.29	1045.98	996.28	941.13
3MG-PEA	866.13	787.94	786.24	731.05	828.76	1046.05	998.09	942.01
4MG-A	867.92	791.93	790.24	732.64	832.77	1050.05	1002.08	945.98
4MG-AI	877.47	783.73	747.06	758.46	843.80	1077.86	921.99	896.41
4MG-CEA	864.13	785.94	784.24	729.05	826.77	1044.04	996.10	940.01
4MG-EEA	866.13	787.96	786.24	731.05	828.76	1046.05	998.09	942.01
4MG-EEEE	867.14	781.41	770.13	730.17	824.30	1045.63	962.17	938.04

2.3 株高与茎秆重的互作分析

2.3.1 株高性状的基因互作分析 株高遗传分析的结果与基因互作分析的结果在 2007 年互补效应达 70%的时候达到一致,符合率达 71.2%。2006-2015 年(没有 2011-2012 年)数据经过分析处理,株高性状在 2006 年抑制效应反向和 2007

年互补效应符合率达 70%以上。其中 2006 年只有基因对 Sat_088 和 Satt293 产生抑制效应反向作用,符合率为 71.8%。2007 年只有基因对 Sat_113和 Satt182 产生互补效应作用,符合率达 71.2%。表 9 列出了基因效应在 68%以上的株高互作基因。

表 7 茎秆重性状备选模型适合性检验参数
Table 7 Plant stem weighttraits alternative model suitability test parameters

年份 Years	模型 Models	适合性检验参数 Suitability test parameters					
		AIC	P(U ₁)	P(U ₂)	P(U ₃)	P(nW)	P(Dn)
2006	2MG-Complementary	858.5770	0.7439	0.5979	0.3987	0.8565	1
2006	2MG-RecessiveI	860.5769	0.7439	0.5980	0.3987	0.8565	1
2007	2MG-Complementary	758.6774	0.8634	0.8619	0.9767	0.9519	1
2007	2MG-RecessiveI	760.6774	0.8634	0.8619	0.9767	0.9519	1
2008	4MG-AI	747.0623	0.90447	0.9939	0.7647	0.9976	1
2008	4MG-EEEA	770.1315	0.5504	0.2270	0.0118	0.1508	1
2009	0MG	727.0519	0.7881	0.2677	0.0007	0.1367	1
2009	2MG-Complementary	728.8696	0.7970	0.2772	0.0008	0.1437	1
2010	2MG-Complementary	815.1620	0.8773	0.9118	0.8768	0.9854	1
2010	2MG-Additive	817.1624	0.8773	0.9118	0.8769	0.9854	1
2013	0MG	1042.0350	0.9729	0.8219	0.4422	0.7128	1
2013	2MG-Complementary	1044.0240	0.9921	0.8475	0.4649	0.7313	1
2014	4MG-AI	921.9894	0.9879	0.9881	0.9995	0.9987	1
2014	3MG-AI	932.2212	0.9866	0.9905	0.9861	0.9655	1
2015	4MG-AI	896.4106	0.9466	0.9796	0.8754	0.9999	1
2015	3MG-AI	920.0926	0.7316	0.7294	0.9560	0.7173	1

表 8 大豆茎秆重性状遗传参数估计值
Table 8 Genetic parameter estimates of soybean plant stem weight

年份 Years	模型 Models	遗传参数估计值 Genetic parameter estimates							
		m	da	db	dc	dd	iab(i *)	Major-Gene Var	Heritability(Major-Gene)
2006	2MG-Complementary	15.3385	-	-	-	-	3.3727	7.9858	0.3950
2006	2MG-RecessiveI	13.6522	1.6864	3.3726	-	-	-	7.9859	0.3950
2007	2MG-Complementary	14.0321	-	-	-	-	3.3885	6.9570	0.5858
2007	2MG-RecessiveI	12.3378	1.6959	3.3869	-	-	-	6.9570	0.5858
2009	2MG-Complementary	12.3324	-	-	-	-	0.6403	0.3602	0.0447
2010	2MG-Complementary	17.2246	-	-	-	-	3.3244	8.5380	0.5445
2010	2MG-Additive	15.5625	1.6739	-	-	-	1.6388	8.5390	0.5445
2013	2MG-Complementary	19.5771	-	-	-	-	2.5077	5.1809	0.0754

2.3.2 茎秆重基因互作分析 茎秆重遗传分析的结果与基因互作分析的结果在 2007 年互补效应达 70% 的时候达到一致,符合率达 71.0%。2006-2015 年(没有 2011-2012 年)数据经过分析

处理,茎秆重性状在 2007 年互补效应符合率达 70% 以上。2007 年只有基因对 Sat_124 和 Satt012 产生互补效应作用,符合率达 71.0%。表 10 列出了基因效应在 68% 以上的茎秆重互作

基因。

表 9 株高互作分析结果

Table 9 Plant height interactions analysis results

年份 Years	基因效应 Genetic effect	互作基因 Interacting genes	T/T+F
2006	抑制效应正向>0.68	Sat_124 和 Sat_088	0.692
		Satt459 和 Satt012	0.683
	抑制效应反向>0.70	Sat_088 和 Satt293	0.718
	抑制效应反向>0.68	Satt138 和 Satt293	0.693
2007	互补效应>0.70	Sat_113 和 Satt182	0.712
	互补效应>0.68	Satt251 和 Satt182	0.697
		Satt220 和 GMRUBP	0.683
	抑制效应正向>0.68	Satt220 和 Sat_088	0.681
	抑制效应反向>0.68	Satt270 和 Satt495	0.698
		Satt270 和 Satt220	0.69
		Satt276 和 Satt220	0.681
2013	抑制效应反向>0.68	Satt372 和 Satt012	0.691

表 10 茎秆重互作分析结果

Table 10 Plant stem weightinteractions analysis results

年份 Years	基因效应 Genetic effect	互作基因 Interacting genes	T/T+F
2007	互补效应>0.70	Sat_124 和 Satt012	0.710
2007	互补效应>0.68	Sat_042 和 Satt012	0.699
		Satt452 和 Satt012	0.696
		Satt231 和 Satt012	0.688
		Satt263 和 Satt012	0.685

3 结论与讨论

3.1 结论

遗传分析的结果为大豆株高在 2006、2007 和 2013 年均符合 2MG-Duplicate、2MG-Inhibiting 两种模型,在 2009 和 2010 年都符合模型 2MG-Complementary。大豆茎秆重在 2006、2007、2009、2010、2013 年均符合 2MG-Complementary 模型,2006、2007 年均符合 2MG-RecessiveI 模型,在 2010 年符合 2MG-Additive 模型。

基因互作分析的结果为按符合率达 70% 以上共挖掘到 2 对可能影响株高的基因,1 对可能影响茎秆重的基因。即株高性状在 2006 年 Sat_088 和 Satt293 基因对产生抑制效应反向符合率

为 71.8%,2007 年 Sat_113 和 Satt182 基因对产生互补效应符合率达 71.2%。茎秆重在 2007 年 Sat_124 和 Satt012 基因对产生互补效应符合率达 71.0%。

本文所得基因互作达 70% 的结果与遗传分析结果一致的为 2007 年株高 Sat_113 和 Satt182 基因对产生互补效应和 2007 年茎秆重 Sat_124 和 Satt012 基因对产生互补效应。

3.2 讨论

利用 RIL 群体进行遗传分析可以降低试验误差。数量性状的表现型常常因易受到环境或误差的干扰而有所改变,导致研究数量性状遗传的复杂性。田间试验设计、试验材料、群体数量、统计方法等方面,都对遗传基因分离分析结果的精确度有直接关系。通过采用适当的田间设计、稳定的群体数量和相同统计方法可以控制试验误差的产生,而作为试验材料的分析世代,RIL 群体是由两纯合亲本杂交 F₂ 世代经连续多代自交并单粒传代后形成的重组自交系群体,利用这种纯合基因群体进行遗传分析的最大优点在于能够进行重复试验,用于验证试验结果。采用 RIL 群体可以非常方便准确的研究主效基因的作用方式和效应值。与杂交后代的早期分离世代 F₂、B₁、B₂ 和 F₃ 群体相比较,RIL 群体不含显性效应,遗传参数较少,而且用于统计分析的数据为家系均值,大大降低了环境效应的影响,能够更准确的代表其相应的基因型^[10]。因此,采用大豆 RIL 群体对大豆株高性状进行多世代分析是有效可行的。

随着植物数量性状分离分析软件 Windows 版本软件包(简称 SEA)的研制成功和应用,对于数量性状的分析更快捷和更准确。单世代分离分析的结果可以接受,但它的精确度没有多世代联合分离分析的精确度高。所以在适合性模型的选择更为重要,AIC 值差异大,备选模型少,AIC 值差异小,备选模型多。最适模型的选择首先考虑 AIC 值较小,其次进行适合性检验,第三,适合检验表现好分布模型有相近的,可以把群体估计平均值和方差值与群体真值比较,选取差值最小的模型作为最适模型。从得到最适遗传模型,可以看出数量性状是符合多基因遗传,还是主基因+多基因遗传。如果是主基因+多基因遗传,可以

得到群体平均估计值、基因的效应、主基因间的互作效应、主基因的遗传方差和遗传效率等信息。从而明确研究性状的遗传方式,对于遗传育种有着重要的指导意义。总之,通过对植物数量性状的主基因+多基因的遗传研究分析,能够对庞大群体数据进行梳理,找出群体表现的内在遗传规律,扩大了植物育种性状的研究范围,提高了育种的靶向性和效率,使得更多的研究人员能够参与到数量性状的研究中。

参考文献:

- [1] 郑洪兵,徐克章,赵洪祥,等. 吉林省大豆品种遗传改良过程中主要农艺性状的变化[J]. 作物学报,2008,34(6): 1042-1050.
- [2] 杨庆凯. 大豆杂交材料主要农艺性状早代遗传变异的试验分析[J]. 遗传学报,1975,2(3): 225-230.
- [3] 莫惠栋. 数量性状遗传基础研究的回顾与思考[J]. 扬州大

学学报,2003,24(2):24-31.

- [4] 段有德. 甘蓝型黄籽油菜种皮色泽的主基因+多基因遗传研究[D]. 重庆:西南农业大学,2004.
- [5] 肖静,胡治球,汤在祥,等. 多个相关数量性状主基因的联合分析方法[C]. 南京:全国动植物数量遗传学学术研讨会,2005:1717-1724.
- [6] 郑永战,盖钧镒,周瑞宝,等. 大豆脂肪及脂肪酸组分含量的遗传分析[J]. 大豆科学,2007,26(6): 801-806.
- [7] 闰昊,刘宝泉,王博,等. 矮秆大豆株高遗传及主茎节间长度相关分析[J]. 大豆科学,2009,28(4): 595-599.
- [8] 位艳丽. 大豆农艺和品质性状遗传模型分析与 QTL 定位[D]. 郑州:河南农业大学,2011.
- [9] 宁海龙,梁世鑫,蒋红鑫,等. 应用极大似然法分析大豆四向重组自交系群体株高与主茎节数的主基因遗传效应[J]. 大豆科学,2013,32(4): 595-599.
- [10] 盖钧镒. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科学出版社,2003.

Genetic Analysis and Gene Location of Interactions for Soybean Stem Traits

PAN Xiao-cheng

(Sideline Base of 65301 Army, Wudalianchi, Heilongjiang 164100)

Abstract: Plant height and stem weight is an important target of high-yield and idea plant type in soybean. In order to provide the basis for the further study of quantitative traits, open up a plant new research field, a total of 147 recombination inbred lines (RIL) were derived from a cross of Charleston and Dongnong 594 as experimental materials. The plant height and stem weight trait for 147 RILs population in soybean were analyzed by using the mixed major gene plus polygene inheritance model by SEA software. And then, through the analysis of the genotypes, the genetic gene interactions software were got to analyze the gene interactions. The results showed that the plant height in 2006, 2007 and 2013 were accord with 2MG-Duplicate and 2MG-Inhibiting model respectively. During 2009 to 2010, the plant height were conform to 2MG-Complementary model. The stem weight in soybean in 2006, 2007, 2009, 2010 and 2013 years were accord with 2MG-Complementary model. Environments of in 2006 and 2007 conformed to 2MG-RecessiveI model. Only one year the stem weight had a consistent to 2MG-Additive model for 2010. Under the condition of coincidence rate was more than 70%, the plant height were affected by 2 interactions genes each other, 1 interaction gene could affect the stem weight.

Keywords: soybean; plant height; stem weight; interaction genes

致 读 者

为适应我国信息化建设,扩大本刊及作者知识信息交流渠道,本刊现被《中国学术期刊网络出版总库》及 CNKI 等系列数据库收录,其作者文章著作权使用费与本刊稿酬一次性给付。如作者不同意文章被收录,请在来稿时声明,本刊将做适当处理。

《黑龙江农业科学》编辑部