

大豆主要农艺性状遗传的双列 杂交图解分析

周 丰 锁

(黑龙江省农业科学院合江农业科学研究所)

摘 要

本文利用在主要农艺性状和形态上存在显著差异的六个大豆基因型间的双列杂交,对成熟期、株高、主茎节数、百粒重和单株粒重等性状的遗传进行了图解分析,并且利用这些性状的数据估算的阵列方差(V_r)和协方差(W_r)等统计量间的关系进行了遗传解释。结果表明成熟期的 6×6 完全双列群体符合双列分析的所有假设,直线回归系数 $b=0.7597$,与 W_r+V_r 值的相关密切($r=0.7086$),可见早熟基因倾向显性。株高的遗传并不完全趋于显性,很可能存在向高低两个相反方向发展的因素。与株高的遗传动态相仿,主茎节数和百粒重的遗传并不都是由显性基因控制。六个亲本在控制单株粒重的遗传中都存在上位性效应。维尔金带有较多的早熟性和单株粒重的显性基因;设交76—5184具有较多的控制株高和百粒重的显性基因,合丰22号控制主茎节数的显性基因较多。

关键词: 双列杂交 成熟期 基因

双列杂交的阵列协方差(W_r)和方差(V_r)的回归图解分析是研究同质亲本间遗传关系的一种方法。许多人对双列图解的假说已经进行了大量的研究和讨论。本文利用这种方法对六个大豆基因型的主要农艺性状进行了遗传分析。

材 料 和 方 法

组成完全双列杂交的六个大豆基因型是合良64-6144、合丰22号、丰收10号、合交13号、设交76-5184和维尔金。

田间采用随机区组法种植 F_1 代和亲本,两次重复,行长5 m,株距15 cm。田间

本文于1988年11月24日收到

This paper was received in Nov. 24, 1988.

调查和室内考种了成熟期、株高、主茎节数、百粒重和单株粒重六个性状, 每个小区 15—20 株。

分析时, 首先对 6×6 双列杂交的数据进行方差分析, 然后采用 Mather 和 jinks (1974 年) 描述的方法, 对双列表中的每次重复分别计算各个阵列正反交均数的方差 Vr , 和各阵列与非轮回亲本的协方差 Wr , 并且检验了 $Wr+Vr$ 和 $Wr-Vr$ 阵列间的差异显著性。对于亲本间上位性; 或者基因的非随机分布使性状的遗传不符合简单的加性—显性模型的资料, 又进一步从正反交及重复平均的双列表中, 计算出 Wr 和 Vr 值, 同时进行 Wr 对 Vr 的回归分析。在双列数据的几何描述中, 这些成对的 (Wr, Vr) 值代表着沿回归线的亲本阵列点。

使用一般的 t 值测验方法进行了 Wr 和 Vr 线性回归显著性 ($\beta \neq 0$) 和单位偏差 ($\beta \neq 1$) 的检验。同时分析了阵列的 $Wr+Vr$ 与所在阵列亲本均值的回归和相关性。

结果和分析

一、成熟期

Wr 和 Vr 估值的方差分析和回归分析表明成熟期阵列的 $Wr+Vr$ 差异显著 ($P=0.01-0.005$), 而 $Wr-Vr$ 呈同质性 ($P=0.25-0.50$)。直线回归系数 $b=0.7597$, 与 0 有极显著的差异, 而与 1 的差异不显著。这两种分析证明在成熟期的遗传中只存在着显性效应, 并不存在非等位基因间的互作效应, 即基因的加性—显性模型恰如其份地描述了成熟期的双列数据。

六个供试亲本成熟期的区组与正反交平均数据的 Wr/Vr 图解证明了 Wr 和 Vr 间的线性关系 (图 1)。阵列 6 的 (Wr, Vr) 点在回归图的位置最低, 表明品种 6 带有最多的显性基因; 而在最上部的阵列 1 所代表的品种则含有最少的显性基因, 其他阵列的点在两者之间, 其高低的位置代表着该亲本携带显性基因寡多的顺序。从图 2 中可以看出成熟期晚的品种 $Wr+Vr$ 值较大, 因而所含的显性基因一定少, 同时成熟期与 $Wr+Vr$ 值的相关也是密切的 ($r=0.7086$)。从以上分析可知早熟基因倾向显性。

二、株高

Wr 和 Vr 值的方差分析和回归分析表明株高的 $Wr+Vr$ 差异显著 ($P=0.05-0.01$), 而 $Wr-Vr$ 差异不显著 ($P<0.25$), 回归系数为 0.7618, 说明加性—显性模型也适合株高的遗传。

阵列 5 的 (Wr, Vr) 点在 Wr/Vr 图解中的位置最低, 说明控制株高遗传的显性基因在品种 5 中最多, 而在品种 3 中最少 (图 3)。各

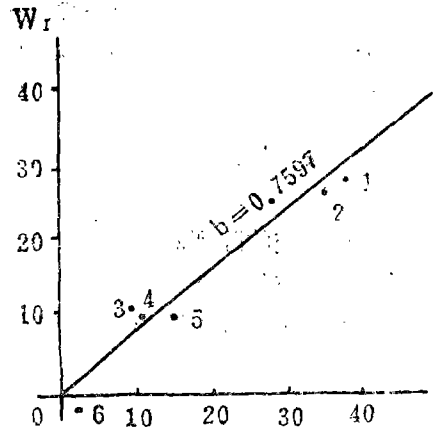


图 1 大豆六个亲本间双列杂交成熟期的 Wr/Vr 图

Fig. 1 Diagram of growth period Wr/Vr of the diallel crosses among the six parents of soybean

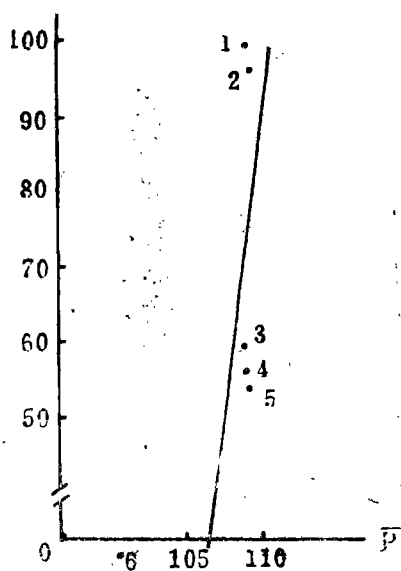


图2 大豆双列杂交各阵列 $W_r + V_r$ 值与所在阵列共同亲本平均成熟期的回归图

Fig. 2 Diagram of regression of $W_r + V_r$ value in various array with the growth period of their common parents in corresponding array of the diallel crosses of soybean

性关系 ($b = 0.8569$)。在供试亲本中, 品种2是带有显性基因数目最多的亲本, 而品种5则相反, 含有的显性基因最少。与株高的遗传动态相仿, 各阵列 $W_r + V_r$ 值与各自阵列共同亲本平均主茎节数的相关极不密切 ($r = 0.2737$), 同样说明主茎节数的遗传并不都是由显性基因控制的, 在个别品种中还存在着上位性效应。阵列1的 $W_r + V_r$ 值在回归图中最大, 象征着品种1控制主茎节数遗传的显性基因最少, 这与 W_r/V_r 图解分析的结果不完全一致, 有待进一步分析研究。

四、百粒重

方差分析和回归分析表明, 根据独立分布基因的加性-显性作用可以解释双列杂交的百粒重数据。图解中阵列点的分布表现出倍加型基因互作。阵列的 $W_r +$

阵列 $W_r + V_r$ 值与各自阵列共同亲本平均株高的回归图表明阵列3的 $W_r + V_r$ 值最大, 证明显性基因一定少。然而 $W_r + V_r$ 与所在阵列共同亲本平均株高的相关并不密切 ($r = 0.3518$) (见图4)。因此, 株高的遗传并不完全趋于显性, 即株高大的基因在六个亲本中并不都是呈现显性, 在个别亲本中也还存在着上位性效应, 所以控制株高的基因其显性关系很可能存在向高低两个相反方向发展的因素。如果这个性状一旦得到稳定的选择, 那么是可以出现这种情况的。

三、主茎节数

6×6 双列杂交的主茎节数 W_r 和 V_r 值的方差分析与回归分析表明阵列的 $W_r + V_r$ 值的差异趋于显著水准 ($P = 0.05 - 0.01$), 而 $W_r - V_r$ 值差异不显著 ($P = 0.50 - 0.25$)。回归系数 ($b = 0.8569$) 呈极显著水准。以上结果说明加性-显性模型适合主茎节数的遗传。

W_r/V_r 图解分析证明 W_r 和 V_r 之间存在线

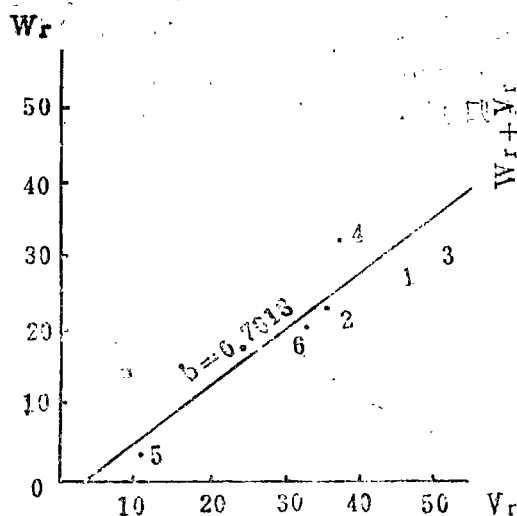


图3 大豆六个亲本间双列杂交株高的 W_r/V_r 图

Fig. 3 Diagram of plant height W_r/V_r of the diallel crosses among the six parents of soybean

V_r 值与所在阵列亲本的平均百粒重的回归关系并不理想，其相关系数为0.2034，与0没有差异。这是由于在某些亲本中存在上位性等因素造成的。

五、单株粒重

在 W_r 和 V_r 估值的方差分析中， $W_r + V_r$ ($P=0.005-0.01$) 和 $W_r - V_r$ ($P=0.05-0.01$) 的阵列间与阵列内的方差比达显著水准，回归系数为 0.5465，也显著地与 0 和 1 ($P \leq 0.05$) 不同，因此，利用基因的简单加性—显性作用模型不能解释单株粒重的遗传。

从 W_r/V_r 图解可见，和 W_r 与 V_r 间的期望线性关系的偏离也是明显的，这可能是由于互补基因的相互作用引起的（图 5）。所有阵列的 V_r 值明显地大于 W_r 值，其中亲本 1、2 和 6 的 V_r 与 W_r 间的差异相对大些，这种差异明显地使回归线斜率降到期望值以下。在分析过程中，依次去掉各个亲本后，又重新分析了剩下的 5×5 双列数据，并没有发现因任何亲本的消除可以显著地改进 W_r 与 V_r 间的关系。 $W_r + V_r$ 与所在阵列共同亲本的平均单株粒重的回归分析，证实了单株粒重的遗传不仅存在

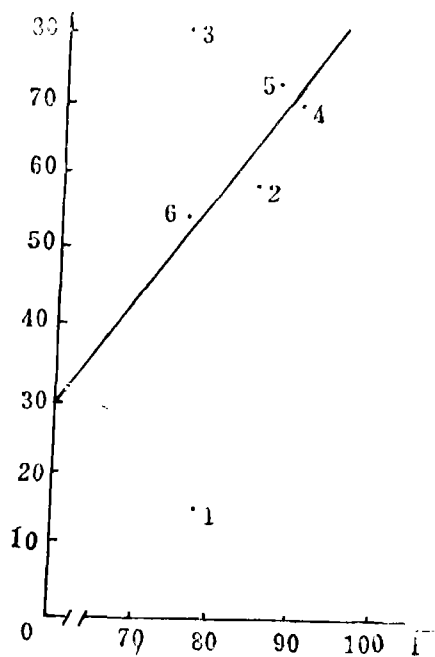


图 4 大豆双列杂交各阵列 $W_r + V_r$ 值与所在阵列共同亲本平均株高的回归图。

Fig. 4 Diagram of regression of $W_r + V_r$ value in various array with the plant height mean of their common parents in corresponding array of the diallel crosses of soybean

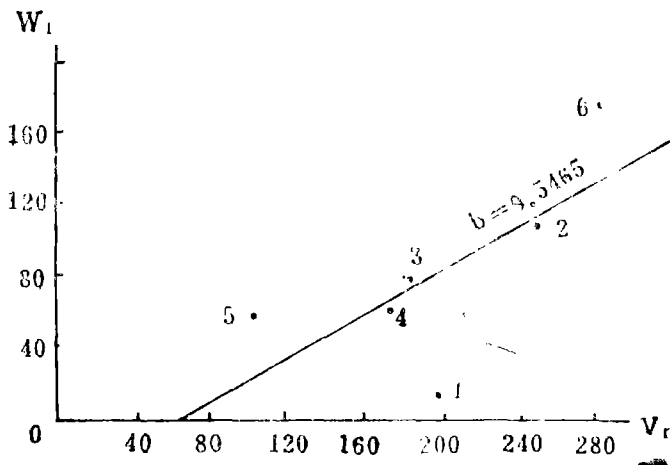


图 5 大豆六个亲本双列杂交单株粒重的 W_r/V_r 图解

Fig. 5 Diagram of W_r/V_r of seed weight per plant of the diallel crosses among the six parents of soybean

显性效应，而且还存在非等位基因间互作的效应。Hayman (1957、1963) 指出当这种偏离出现时，分别去掉对应于 $Wr-Vr$ 最大值和最小值的阵列后，再考虑重新构成的 Wr/Vr 图解的结果是值得进行的。

本研究结果表明：当分别去掉 $Wr-Vr$ 的最大值和最小值，并没有改变 Wr/Vr 的图解关系。这说明六个亲本在控制单株粒重的遗传中都存在上位性效应，同时也有在不同亲本中基因分布非随机联合的迹象。

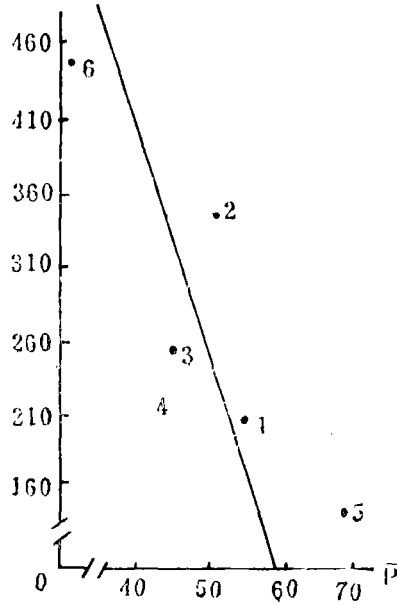


图 6 大豆双列杂交各阵列 $Wr + Vr$ 值与所在阵列共同亲本平均单株粒重回归图。

Fig. 6 Diagram of regression of $Wr + Vr$ value of various array with mean seed weight per plant of common parents of the diallel crosses of soybean

参 考 文 献

- 〔1〕 Coughtray, A. and Mather, K. 1970. Interaction and gene association and dispersion in diallel cross where gene frequencies are unequal. *heredity*. 25 : 79—88
- 〔2〕 Hayman, B. I., 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, 39 : 789—809
- 〔3〕 Hayman, B. I., 1957. Interaction, heterosis and diallel cross. *Genetics*, 42 : 336—355
- 〔4〕 Hill, J., 1964. Effects of correlated gene distribution in the analysis of diallel crosses. *Heredity*. 19 : 27—46
- 〔5〕 Jana, S., 1975. Genetic analysis by means of diallel graph. *Heredity*. 35(1) : 1—19
- 〔6〕 Jinks, J. L., 1954. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana glauca* varieties. *Genetics*. 39 : 767—788
- 〔7〕 Jinks, J. L., 1956. The F_2 and backcross generations from a set of diallel crosses. *Heredity*. 10 : 1—30
- 〔8〕 Mather, K., 1967. Complementary and duplicate gene interactions in biometrical genetics. *Heredity*. 22 : 97—103
- 〔9〕 Nassar, R. F., 1965. Effects of correlated gene distribution due to sampling on the diallel analysis. *Genetics*. 52 : 9—20

DIAGRAMMATIC ANALYSIS OF DIALLEL CROSS OF THE HEREDITY OF THE MAJOR AGRONOMY CHARACTERS OF SOYBEAN

Zhou Fengsuo

(*Hejiang Agricultural Institute, Heilongjiang
Academy of Agricultural Sciences*)

Abstract

The diallel crossed among the six soybean genotypes which have significant differences in the major agronomic and morphological characters have been used for the diagrammatic analysis of the heredity of growth period, plant height, node number on main stem, 100 seed weight and seed weight per plant. Genetic performance of the relationship among the array variance(V_r) and covariance(W_r) which estimated from the data of these characters has also been analysed. The results indicated that growth period was in agreement with all hypotheses of diallel analysis, $b=0.7597$. The correlation with W_r+V_r was significant, the early genes tended to be dominant. Genetic analysis for plant height, node number on main stem, 100 seed weight indicated partial to dominance. There were epistasis for all six genotypes in seed weight per plant. Wilkin had more dominant genes for early maturity and seed weight per plant; Shejiao 76—5184 had more dominant genes for plant height and 100 seed weight; Hefeng 22 had more dominant genes for node number on main stem.

Key words: Dialles Cross Maturity stage Genes