

大豆农艺性状及抗病毒性的 双列杂交分析*

陈 怡 栾晓燕 谷秀芝 黄承运 王彬如

(黑龙江省农业科学院大豆研究所)

提 要

本文应用4个有差异的抗病毒品种按不完全双列杂交配制6个组合,对10个性状的遗传进行了分析,结果表明均符合加性——显性模型。遗传阵列方差(V_r)和协方差(W_r)的估算表明,D82—198带有较多控制抗病等级、单株荚数、单株粒重和完全粒重的显性基因;merit含有控制完全粒率、褐斑粒率和百粒重的显性基因较多。并估算了诸性状的广义遗传力、狭义遗传力和平均显性程度等遗传参数,感病等级和褐斑粒率的广义遗传力分别为97.7%和83.1%。

关键词 方差;显性基因;遗传力;大豆病毒

近年来随着数量遗传学的进步,对配合力分析方法的研究有了很大发展,不完全双列杂交(格子方)等方法广泛应用于作物育种中。但在大豆抗病毒病方面的应用报导较少,笔者试图应用半双列杂交对四个程度不同抗病毒病的品种的一些重要数量性状及抗病性进行遗传模式分析,估算其遗传分量,以及这些分量在抗病育种中的应用,为揭示品种的抗性规律、合理开发利用抗源提供依据。

材 料 和 方 法

一、试验材料及设计

于1986年以抗病毒的4个品种兰脐(p_1)、D82—198(p_2)、哈78—6303(p_3)和merit(p_4)按格子方形式组配6个杂交组合。1987年种植6个 F_1 代和4个亲本,田间设计采用随机区组排列,单行区,行长2m,株距10cm,3次重复。

* 本文承蒙杨庆凯付教授审改、周晓震同志协助统计在此一并感谢

本文于1989年1月26日收到。

This paper was received on Jan 26, 1989

二、接种鉴定

1987年6月18日于植株第一片复叶展平时在田间自然条件下进行人工接种,采用强毒株系第3号株系群(SMV-82—11)。采集温室繁殖的病株具有典型病症的幼嫩叶置于组织捣碎机中,加适量0.01M的磷酸缓冲液捣碎,然后加10倍于叶的0.01M的磷酸缓冲液和少许金刚砂(600目),于下午4点接种,用小画笔蘸病毒汁液进行摩擦接种,接在新生的一片复叶上,随即用清水冲洗。

三、调查项目及统计分析

感病等级于8月中下旬以小区为单位调查,分5级。褐斑粒率以粒来计算。室内考种调查株高、分枝数、节数、单株荚数、单株粒重、完全粒重、完全粒率和百粒重。

感病等级标准:

0级:无症状或其它感病标志。

1级:轻花叶,有轻微明脉,斑驳,植株生长正常。

2级:重花叶,叶片斑驳明显,有轻微皱缩花叶,或有褐脉植株,生长无明显异常。

3级:皱缩花叶,叶片有泡状隆起,叶缘卷缩,植株稍矮化。

4级:畸形花叶,叶片皱缩畸形呈鸡爪状,全株僵缩矮化,结少量无毛畸形荚。

方差分析模式

统计分析依 Mather 和 Jinks 以及 Hayman 检验加性——显性效应遗传模型和估算遗传分量,应用半双列杂交的统计数期望模型如下:

统计数 期 望 模 型

$$V_p \quad D + \frac{1}{b} E_p$$

$$\bar{W}_r \quad \frac{1}{2} D - \frac{1}{4} F + \frac{1}{pb} E_p$$

$$\bar{V}_r \quad \frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} F + \frac{1}{pb} [E_p + (p-1) E_F]$$

$$V_r \quad \frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} H_2 - \frac{1}{4} F + \frac{1}{p^2 b} [E_p + (p-1) E_F]$$

其中 V_p = 亲本平均数方差; \bar{W}_r = 平均阵列协方差; \bar{V}_r = 平均阵列方差; V_r = 阵列平均数方差; E_p 和 E_F 分别为亲本间和 F_1 间环境方差 (以小区平均为单位); p 和 b 分别为亲本数和重复数; $D = \Sigma 4uvd^2$, $F = \Sigma 8uv(u-v)dh$, $H_1 = \Sigma 4uvh^2$, $H_2 = \Sigma 16u^2h^2$ (u 和 v 以及 d 和 h 分别为有关位点增效和减效等位基因频率以及加性和显性效应值)。

$$\text{广义遗传力 } h^2_B \% = \frac{\frac{1}{2} D + \frac{1}{2} H_1 + \frac{1}{4} H_2 + \frac{1}{2} F}{\frac{1}{2} D + \frac{1}{2} H_1 - \frac{1}{4} H_2 - \frac{1}{2} F + E}$$

$$\text{狭义遗传力}h^2_N\% = \frac{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{2}H_2 - \frac{1}{2}F}{\frac{1}{2}D + \frac{1}{2}H_1 - \frac{1}{4}H_2 - \frac{1}{2}F + E}$$
$$\text{平均显性程度} = \sqrt{H_1/D}$$

结 果 与 分 析

一、处理间变异的分解

对 4 个亲本及 6 个 F₁ 的 10 个性状的方差分析表明，除 F₁ 的单株粒重、褐斑粒率外都达到了显著水平，因此可对这 10 个性状的处理间变异作进一步分析。如表 1 所示 10 个性状亲本间存在加性变异，F₁ 各家系间的变异除加性变异外，还存在着非加性变异。

表 1 处 理 间 方 差 分 析
Table 1 Analysis of variance among the treatment

变异来源 Source of variance	自由度 Degree of freedom	方 差 Variance									
		株 高 Plant height	单株荚数 Number of pod per plant	单株粒重 Seed weight per plant	完全粒重 Compl- ete seed weight	分枝数 Number of branch	节 数 Num- ber of nod	完全粒率 Compl- ete seed %	百粒重 100-seed weight	褐斑粒率 Brown mottled seed %	感病等级 Infection virus degree
亲本间 Parents	3	1949.792*	886.365*	138.970*	114.303*	10.832*	8.569*	324.787*	4.052*	287.006*	4.132*
F ₁ 间 Hybrid	5	1208.825*	497.113*	101.665	79.701*	3.487*	11.404*	26.741	6.361*	70.624	1.214*
F ₁ 机误 Error	18	52.455	131.590	31.571	21.735	0.173	0.801	30.848	0.328	24.179	6.574

二、各性状的遗传模型

各性状的阵列遗传方差 V_r 和协方差 W_r，以及 W 对 V 的遗传回归常数 a 和回归系数 b' 均列于表 2。

从对 10 个性状的遗传回归常数与零差异的显著性检验得知，单株荚数、单株粒重、完全粒重、感病等级的 a<0 均为超显性；株高、节数、分枝数、完全粒率、百粒重、褐斑粒率的 a>0 均为部分显性。

对 10 个性状的回归系数 b' 的显著性检验表明，与期望值 1.0 的差异均不显著，均符合加性——显性模型的遗传。

株高：它的 W_r 和 V_r 估值的方差分析表明，亲本 1 携带该性状的显性基因最少，亲本 3 含控制株高的显性基因最多（表 3）。

单株荚数、单株粒重、完全粒重这 3 个性状的阵列 2 W_r + V_r 值最小，表明阵列 2 代表的品种 D82—198 对上述 3 个性状含有最多的显性基因（表 3）。

表 2 阵列遗传方差 V , 协方差 W 以及 W 对 V 的回归常数 a 和回归系数 b'

Table 2 Array genetic variance V and covariance W , regression constant a and regression coefficient b' of W to V

阵列	性状	株高	单株荚数	单株粒重	完全粒重	分枝数	节数	完全粒率	百粒重	褐斑粒率	感染等级
Character		Plant height	Number of pod per plant	Seed weight per plant	Complete seed weight	Number of branch	Number of nod	Complete seed %	100-seed weight	Brown mottled seed %	Infection virus degree
1	V	410.932	205.0714	48.6346	72.6176	0.8186	2.2982	109.9382	2.9208	94.6308	0.5411
	W	508.476	10.395	-19.2527	6.3244	1.3791	2.2237	98.6969	0.5899	54.3372	0.4022
2	V	265.6412	173.2348	15.1618	23.4816	2.5422	2.7786	11.1394	1.9303	7.6849	0.4855
	W	420.1050	22.0163	-9.1914	-11.1855	2.7498	2.7719	9.3141	1.0974	-18.5271	0.4253
3	V	74.8463	663.6443	132.5494	104.5048	1.0801	0.5772	-3.9752	1.8234	30.7776	1.4485
	W	166.192	405.6164	65.6419	36.6650	0.9635	7.7169	22.0674	0.1751	59.4212	0.8559
4	V	354.3606	188.0284	23.9251	24.8183	1.3712	4.1534	-8.7213	0.5979	-5.7144	0.9230
	W	471.2792	-75.9935	3.8069	-5.2318	1.0295	2.9046	-12.3831	0.2104	2.5095	-0.16001
a		105.7057	-180.351	-24.6695	-22.4046	0.1261	-0.0157	6.8999	0.1737	4.5829	-1.4269
	b'	1.0344	0.8812	0.6341	0.5154	0.9665	0.8198	0.8313	0.1892	0.6224	0.3205

表3 亲本含显性基因序位表
Table 3 Order of content of dominant gene in parents

性 状 Character	亲 本 序 位 Order of parent					
株 高 Plant height	3	>	2	>	4	> 1
单 株 荚 数 Number of pod per plant	2	>	4	>	1	> 3
单 株 粒 重 Seed weight per plant	2	>	4	>	1	> 3
完 全 粒 重 Complete seed weight	2	>	4	>	1	> 3
分 枝 数 Number of branch	1	>	3	>	4	> 2
主 茎 节 数 Number of nod	3	>	1	>	2	> 4
完 全 粒 率 Complete seed %	4	>	3	>	2	> 1
百 粒 重 100-seed weight	4	>	3	>	2	> 1
褐 斑 粒 率 Brown mottled seed %	4	>	2	>	3	> 1
感 病 等 级 Infection virus degree	2	>	1	>	4	> 3

分枝数：它的 W_r+V_r 值阵列为最大，说明供试品种兰脐是带有控制分枝数的显性基因最多（表3），D82—198 含有最少的显性基因。

主茎节数：方差分析表明阵列3代表的亲本哈 78—6303 含有最多数目的显性基因（表3）。

完全粒率与百粒重：这两个性状的 W_r+V_r 的值最大的为阵列1，表明阵列1所含隐性基因最多，而阵列4含有显性基因较多（表3）。

褐斑粒率：它的 W_r 和 V_r 的方差分析结果阵列1的值最大，表明控制该性状的隐性基因最多。而阵列4代表的品种 merit 含有的显性基因最多，其含显性基因的序位为阵列4>2>3>1。

感病等级：方差分析结果表明阵列3的 W_r+V_r 值最大，即哈 78—6303 含有控制抗病程度的隐性基因多，阵列2代表的品种 D82—198 含有控制该性状的显性基因最多，其含显性基因的序位为阵列2>1>4>3。

三、遗传分量

显性度：D 和 H_1 的大小和显著水平如表4所示，表明株高、分枝、完全粒率的显性度分别小于1而大于0 表现为程度不同的部分显性；单株荚数、单株粒重、完全粒重、节数、百粒重和褐斑粒率、感病等级的显性程度均大于1 表现为正向超显性。上述多数性状的遗传变异是显性效应。

$H_2/4H_1 = \overline{uv}$ 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

(ν) 的平均分布情况。若亲本中的 u 和 v 相等, 则 $\overline{u\nu}$ 的期望值为 0.25。我们试验的结果 10 个性状的 $H_2/4H_1$ 的值如表 4 所示均接近 0.25, 表明这些性状的增效和减效等位基因在亲本内的分布大致相等。

表 4 F_1 和亲本的遗传参数分析
Table 4 Analysis of genetic parameter in parents and hybrid F_1

性 状 Character	参 数 Parameter	遗传参数估算 Estimation of genetic parameter							
		D	F	H	H_2	$\sqrt{H_1/D}$	$\frac{H_2}{4H_1}$	$h^2_N \%$	$h^2_B \%$
株 高 Plant height		639.884	-286.281	179.075	161.942	0.5290	0.2261	89.944	97.665
单 株 荚 数 Number of pod per plant		249.957	137.479	1117.501	1027.254	2.114	0.2298	25.542	90.255
单 株 粒 重 Seed weight per plant		43.294	45.583	222.560	193.751	2.267	0.2176	18.794	87.238
完 全 粒 重 Complete seed weight		36.422	46.273	235.237	208.682	2.542	0.2217	12.729	92.071
分 枝 数 Number of branch		3.575	1.028	3.265	2.771	0.956	0.2122	67.007	97.541
节 数 Number of nod		2.753	-2.471	4.583	3.554	1.290	0.1940	75.397	96.824
完 全 粒 率 Complete seed %		99.014	80.513	89.789	80.763	0.9518	0.2249	30.022	73.919
百 粒 重 100-seed weight		1.156	0.2394	6.366	5.076	2.3465	0.1994	44.724	96.173
褐 斑 粒 率 Brown mottled seed %		90.058	82.375	119.696	38.034	1.1528	0.2047	31.123	83.111
感 病 等 级 Infection virus degree		1.3472	1.6111	3.6620	3.1493	1.6487	0.2149	13.3333	97.7054

F 值的大小反映亲本内显性和隐性等位基因分布的情况, $F > 0$ 为显性基因占优势; $F < 0$ 为隐性基因占优势; $F = 0$ 显隐性基因二者分布均等。由表 4 可见株高和节数的 $F < 0$ 表明这两个性状在亲本中间隐性基因占优势。百粒重这个性状的显隐性等位基因频率在亲本中大致相等。单株荚数、单株粒重、完全粒重、分枝数、完全粒率、褐斑粒率、感病等级的 $F > 0$ 这些性状在亲本中间均表现出显性基因占优势。

遗传力: 对 10 个性状的广义遗传力和狭义遗传力进行了估算, 总体来看广义遗传力估值较高, 可能是由显性方差较大所致, 其遗传力大小顺序为感病等级、株高、分枝数、百粒重、完全粒重、单株荚数、单株粒重、褐斑粒率、完全粒率 (表 4)。株高、节数和分枝数的狭义遗传力与广义遗传力的差异相对较小, 表明这些性状的加性方差较大, 其狭义遗传力较高。而单株荚数、单株粒重、完全粒重、完全粒率、褐斑粒率的狭义遗传力与广义遗传力差异较大 (表 4), 这可能是在遗传方差中加性方差占的比例较小而造成的, 其狭义遗传力大小顺序为株高、节数、分枝数、百粒重、褐斑粒率、完全粒率、单株荚数、单株粒重、感病等级和完全粒重。

讨 论

一、半双列杂交在抗病毒育种中的应用

目前双列杂交法广泛地应用于作物育种中,它的设计采用两种分析方法,一是基因型分析法即 Hayman (1954), Jinks (1954), Mather 和 Jinks (1982) 等根据基因的加性显性模型进行 V_r-W_r 图表分析,导出基因平均显性度、遗传力等参数,并论述上位效应测验要点。二是配合力分析法。本文采用第一种分析法即 Hayman 等半双列杂交分析法。试验结果表明10个性状的遗传均符合加性—显性模型,对于优选高产抗病毒的亲本是行之有效的。采用半双列杂交法所估算的广义遗传力值略偏高,但其遗传力大小序位与其它估算方法的结果基本是一致的。表明所求得的遗传参数是可靠的,可指导育种实践。本试验是在接种条件下进行的,结果表明接种病毒对于抗病的品种来说不影响各产量性状的遗传规律,对于产量性状仍然按其固有的遗传特点去选择,对此已有许多报导不再赘述。采用半双列杂交设计方法,在 F_1 代即可求得各亲本所含基因情况及各性状的遗传力大小,能尽早的明确亲本的遗传贡献与基因作用,对合理利用抗源培育高产抗病毒品种开辟了好途径。

二、对抗性的选择

对于大豆花叶病毒病抗性的选择,在选择产量性状的基础上,主要对大豆成株抗性进行选择,具体指标即感病等级,在本研究中该性状为超显性遗传,它的广义遗传力估值很高,因此对成株抗性要在早期世代进行连续不断的选择才能固定下来,不能通过自交重组选出优于 F_1 的纯系,但在本试验的遗传背景条件下,由于显隐性基因在亲本中分布大致相等,有可能选出抗病性优于高亲的纯系。

褐斑粒率也作为抗性的一个重要指标,它的广义遗传力较高,而其狭义遗传力居于中等,高于遗传力较低的产量性状的单株荚数和单株粒重,低于遗传力较高的株高和节数,对该性状的选择在早期世代效果不甚明显,在 F_3 代以后选择为宜。在本试验中使褐斑粒率增多的基因为部分显性,它的显隐性等位基因在亲本中的分布大致相等,所以在杂交育种中通过后代的自交重组有可能选出褐斑粒率低于低亲的品系。

小 结

1. 对抗性及产量等10个性状的回归系数 b' 的显著性检验表明均符合加性—显性模型的遗传。

2. 在供试材料中哈 78—6303 抗性中等,主茎节数多; D82—198 成株抗病,且丰产性好; merit 抗种皮斑驳,丰产性中等; 兰脐抗性中等分枝数多,在抗病毒育种中可作为抗病丰产的亲本加以利用。

3. 显性度,本试验结果株高、分枝、完全粒率为部分显性,单株荚数、单株粒重、完全粒重、节数、褐斑粒率、感病等级为正向超显性。

4. 在本试验的遗传背景条件下, 株高和节数在亲本中隐性基因占优势, 单株荚数、单株粒重, 完全粒重、分枝数、完全粒率、褐斑粒率和感病等级性状在亲本中显性基因占优势。

5. 遗传力, 10个性状的广义遗传力大小顺次为感病等级、株高、分枝数、主茎节数、百粒重、完全粒重、单株荚数、单株粒重、褐斑粒率、完全粒率。狭义遗传力的顺次为株高、主茎节数、分枝数、百粒重、褐斑粒率、完全粒率、单株荚数、单株粒重、感病等级、完全粒重。

参 考 文 献

- [1] 毛盛贤等, 1988, 冬小麦数量性状的遗传模式, 《遗传》(1): 6—9
- [2] 周丰锁, 1988, 大豆主要农艺性状遗传的双列杂交图解分析, 大豆科学 Vol.7 No.2
- [3] 邹学校, 1988, 双列杂交的遗传分析, 湖南农学院学报, Vol. 14 No.1
- [4] 杨峻, 1988, 家蚕数量性状的配合力和遗传力的分析, 安徽农学院学报(1): 62—70

ANALYSIS OF DAILLEL CROSS ANALYSIS AGRONOMIC OF CHARACTERS AND RESISTANCE TO VIRUS OF SOYBEANS

Chen Yi Lan Yiaoyan Huang Chengyun Wang Binru

(Soybean Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences)

Abstract

Incomplete diallel crossing was made by using 4 soybean genotypes which have different resistance to virus. The result on genetic analysis of 10 characters from 6 crosses and 4 parents indicated that their genetic pattern all accord with additive-dominant model. The estimation of genetic array variance (V_r) and covariance (W_r) showed that D82-198 variety contents more dominant genes for virus resistance, number of pod per plant, seed weight per plant and complete seed weight per plant. Merit variety contents more dominant genes for controlling complete seed rate, rate of seed coat mottling and 100—seed weight.

Broad-sense heritability and narrow-sense heritability and dominant degree of all characters were estimated, H^2 , 1% of infected virus degree and rate of seed coat mottling was 97.7% and 83.1%, respectively.

Key words Variance; Dominant gene; Heritability; Soybean virus