

大豆种间杂种后代自交与回交群体 数量性状的遗传分析

李文滨 王金陵 杨庆凯

(东北农学院)

摘 要

用一系列自交和回交材料,探讨了大豆种间杂种群体改良的部分遗传理论。结果指出,与野生大豆利用关系密切的性状均于回交二次产生明显的超栽培性变化,初步确定 BC_1F_2 系保留种间杂种优良基因型的关键世代,继续回交将引起高蛋白基因型频率过量下降,不利于高蛋白后代的选择。试验还表明,连续回交使“重组纺锤体”逐渐放宽,为削弱野生有利性状与有害性状之间的连锁与互作创造了良好条件,种间杂种回交群体较适宜的结构为: $n=8, m=10\sim15$ ($n=F_1$ 代家系数; m = 每一家系的 F_2 代株数)。倘若不考虑质量性状的作用,自交群体 (BC_0F_2) 保持 90—100 株基本可以容括全部遗传变异。此外,在种间杂种自交 (BC_0) 与回交 (BC_1, BC_2) 群体中,某些性状间存在“动态相关”,建议不同自交或回交世代的相关结果不替代使用。

关键词 重组纺锤体;动态相关;野生大豆

前 言

中国是大豆的初生起源中心,拥有 90% 的野生和半野生资源^[1-3]。据 1979—1980 年考察,我国东起 135°E,西至 97°E;南起 24°N,北至 52°N 均有野生大豆类群分布,遗传变异也十分丰富,出现一批珍稀的基因源^[3]。充分利用我国的大豆资源优势,必将改善大豆育种进展缓慢和效率低的状况,从而加速大豆生产的发展。

自苏联学者 Skvortzow (1927) 和日本学者 Takagi F. C. (1929)^[10] 早期从事野生大豆研

• 本文于 1989 年 5 月 13 日收到。

This paper was received on May 13, 1989

究以来,已有 60 余年历史。此间,一些学者运用回交方法对大豆种间杂种性状的改良做过某些尝试。Williams(1948)^[1]曾用栽培品种与种间杂种回交两次,经过一次回交植株仍为蔓生,二次回交后方产生少数具有栽培特性的个体。Kaizuma, N. (1980)详细研究了大豆种间杂种的回交遗传效应,经两次回交,自群体中选出株高和茎粗达到栽培标准的类型,并发现百粒重增加非常明显,证明回交可以克服蔓生和小粒性。盖钧镒(1982)^[5]探讨过种间杂种回交四代的遗传效应,得出按蔓生等 6 个性状选择,BC₁F₂和 BC₂F₂可入选百分率仅为 0—0.4%和 0.9—2.0%。Carpenter, J. A. (1986)^[7]也提出同样结论。Ertl, D. S. (1985)^[6]指出,种间杂种野生种质比重不能高于 25%,最佳比例是 12.5%。

过去,国内对大豆种间杂种回交理论研究注意较少,二次以上回交试验的研究报道尚属鲜见。关于自交和回交后代性状连锁关系的变化规律,遗传变量的消长动态,以及理想群体结构的估测也有待涉足。本文针对上述问题,对大豆种间杂种回交理论做更深入的研究,旨在为野生大豆的利用奠定基础。

材料与方 法

以栽培大豆东农 33 号作母本(Pc),野生大豆龙 79—6330 作父本(Pw)进行种间杂交,组合代号 I。用东农 33 号连续两次回交,同时发展自交群体,最终形成自交 F₁、F₂和回交 BC₁和 BC₂构成的渐渗群体。即:

Pc × Pw

↓

IBC₀F₁ → IBC₀F₂ 160 株

×

↓

IBC₁F₁ → IBC₁F₂ 160 株

×

↓

IBC₂F₁ → IBC₂F₂ 260 株

1987 年将 IBC₀F₁、IBC₀F₂、IBC₁F₁、IBC₁F₂、IBC₂F₁、IBC₂F₂、Pc 和 Pw 按顺序随机种植,小区行长 12m,株距 0.15m,每一融渗群体 F₂代考种 160—260 株,亲本和 F₁每项考种 10 株。试验涉及性状有生育加形态,产量和品质三类。其中粗蛋白和粗脂肪含量采用 8100 型近红外谷物品质分析仪测定,由标准方法校正。脂肪酸和氨基酸测定分别在 GC—9A 岛津气相色谱仪和日立 835 型氨基酸自动分析仪上进行。试验数据主要统计分析方法如下:

1、理论加性方差计算:

$$V_g = \left[\pi \left(1 - \frac{1}{2^n} \right) \left(\frac{1}{2} \right)^g - \left(1 - \frac{1}{n} \right)^g \left(\frac{1}{2} \right)^{2g} + \left(\frac{1}{2} \right)^{g+1} - \frac{1}{2^{gn}} \right] \sigma_A^2 \quad \text{其中, } g \text{ 为回交}$$

次数, n 为 Bc_g F₁ 株数, σ_A^2 系加性方差系数。

2、适用于群体抽样数估测的多元变异指数^[4]:

$$MSD = D \cdot 1/2^m \quad (MSD \text{ 表示多元标准差})$$

3、亲本遗传贡献率估计:

$$d_i = \left(\sum_{j=1}^m |(\bar{X}_{ij} - \bar{X}_{sj}) / \hat{\sigma}_j|^2 \right)^{1/2}$$

其中, $i=1, 2; j=1, 2, \dots, m$; x_{ij} 系亲本群体 i 的第 j 性状平均; X_{sj} 系性状 j 在杂种群中的平均值; $\hat{\sigma}_j$ 系性状 j 的标准误; d 系亲本群体质心到标准化杂种群体的质心距。

$$P_i = 1 - |d_i / (d_1 + d_2)| \quad (P_i \text{ 系亲本遗传贡献率})$$

4、典范相关的计算与显著性检验:

$$\Sigma = \begin{pmatrix} \Sigma_{11} & \Sigma_{12} \\ \Sigma_{21} & \Sigma_{22} \end{pmatrix} \quad (\text{其中, } \Sigma = \text{性状协方差阵})$$

$$|\Sigma_{12} \Sigma^{-1} \Sigma_{22} \Sigma_{21} - \lambda^2 \Sigma_{11}| = 0 \quad (\sqrt{\lambda^2} = \text{典范相关系数})$$

$$X_k^2 = [n - (k + 1) - \frac{1}{2}(p + q + 1)] / 1n \wedge k$$

其中, $k=0, \dots, P$; n = 个体数; P = 第一类性状数; q = 第二类性状数。

$$1n \wedge k = \prod_{i=k+1}^p (1 - \lambda_i^2)$$

若 $X_k^2 > X_{\alpha}^2 (P-K, q-K)$, 则认为第 $K+1$ 个典范相关系数显著。

结果与分析

一、野生种质渗入比例不同的群体之遗传动态

在野生种质不同渗透比例的群体中, 遗传变异普遍存在(见表1和图1)。一次回交群体的生育加形态性状遗传变异异常增高, 其中生殖生长期、茎粗和倒伏指数的遗传变异系数分别是 IBC_0F_2 的 2.02, 8.15 和 2.1 倍。在高粱上的研究也有相同的结论^[8]。本试验还表明, 产量和品质性状的遗传变异强度与回交世代间有线性递减关系, 基本符合理论方差系数的变化规律(图1)

本试验对 16 个重点性状作了图形分

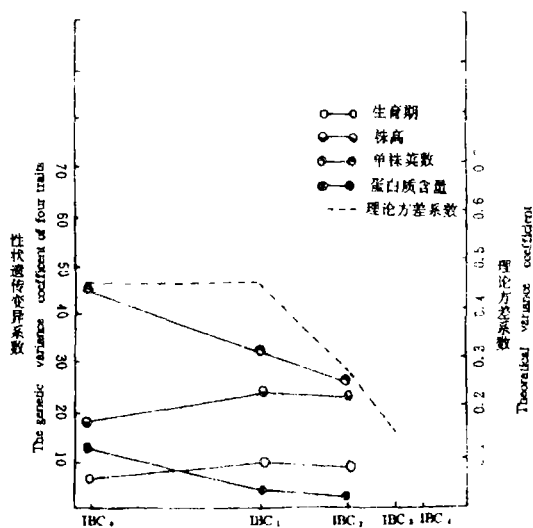


图1 自交与回交世代遗传变异系数的比较
(1987 哈尔滨)

Fig. 1 The comparison of genetic variance in self and backcross generations

析, 经偏度和峰度联合检验有 6 个性状不适合正态分布模型。主要结果概括为: 1、株高符合正态分布, IBC_0F_1 超亲遗传, IBC_0F_2 曲线略偏向野生亲本, $IBC_1 \sim IBC_2F_2$ 株高平均值

降低明显,趋向栽培低值亲本,并产生栽培类型。2、单株产量不符合正态分布假设,IBC₀F₁有极强的超亲性 IBC₀F₂—IBC₂F₂在高产区均有较强的超亲分离,特别是 IBC₂F₂最突出。3、百粒重在 IBC₀F₁和 IBC₀F₂群体倾向野生低值亲本,IBC₁—IBC₂F₂的群体平均直显

表1 自交和回交群体中性状的遗传变异 (哈尔滨,1987)
Table 1 The genetic variance of some traits in self—cross and backcross populations

世代	参数	株高 Plant height	生殖期 Days from flowering to maturity	茎粗 Diameter of main stem	倒伏指数 Lodging index	单株产量 Yield per plant	百粒重 100—seed weight	粗脂肪 Oil	蛋白质 Protein	蛋氨酸 Met	亚麻酸 Lineinic acid
Po	x	88	82	0.63	1.67	13.49	25.27	18.81	43.5	0.63	6.93
	sd	4.36	5.29	0.01	0.58	6.53	0.95	1.24	0.95	0.02	0.55
	cv%	4.95	6.54	0.59	34.54	48.1	3.75	6.59	2.19	2.41	7.91
Pw	x	243.7	53	0.19	5	12.85	1.37	7.01	47.47	0.7	9.36
	sd	15.04	4.88	0.03	0	8.13	0.14	0.61	0.86	0.05	0.6
	cv%	6.17	3.53	8.56	0	63.26	10.05	8.73	1.82	6.41	6.46
IB Co F ₁	x	263.7	62	0.42	5	43.37	6.71	12.88	46.5	0.72	9.04
	sd	17.79	4.36	0.01	0	15.43	0.94	0.55	1.68	0.04	0.85
	cv%	6.75	7.03	20.64	0	35.57	14.01	4.28	3.6	5.01	8.25
IB Co F ₂	x	199.4	67.17	0.35	4.57	20.02	7.12	12.06	45.73	0.72	10.03
	sd	35.19	3.29	0.01	0.83	7.58	2.96	1.8	5.9	0.31	7.76
	gcv%	17.66	4.89	2.85	17.47	37.8	41.57	14.92	12.9	43.05	77.36
IB C ₁ F ₂	x	121.9	74.87	0.43	3.84	13.54	10.68	14.59	44.64	0.7	8.05
	sd	28.31	7.14	0.1	1.41	3.06	2.29	1.19	1.79	0.05	0.56
	gcv%	23.21	9.89	23.25	36.69	22.59	21.44	8.15	4	7.14	6.95
IB C ₂ F ₂	x	121.3	77.67	0.51	3.78	13.81	14.22	16.43	43.36	0.59	6.87
	sd	26.95	6.32	0.09	1.31	3.29	2.37	0.83	1.61	0.03	0.56
	gcv%	22.21	8.14	17.64	34.64	23.82	16.67	5.05	3.71	5.08	8.15

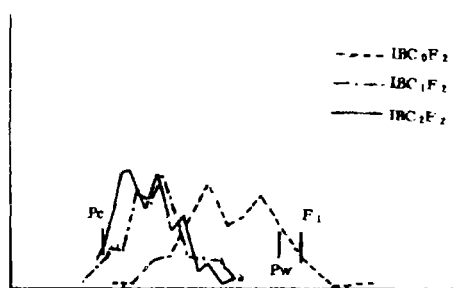


图2 株高次数分布

Fig. 2 The frequency distribution of plant height

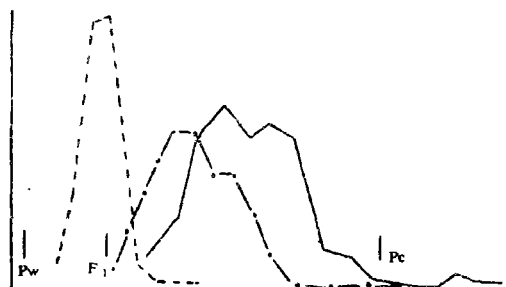


图3 百粒重次数分布

Fig. 3 The frequency distribution of 100 seeds weight

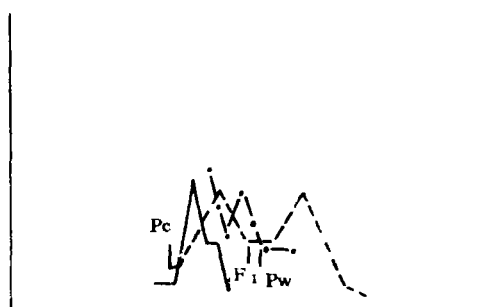


图4 亚麻酸含量次数分布

Fig. 4 The frequency distribution of linolenic acid

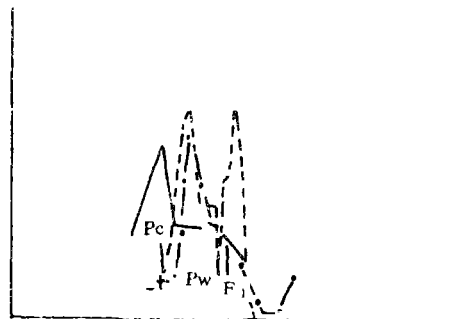


图5 蛋氨酸含量次数分布

Fig. 5 The frequency distribution of methionine content

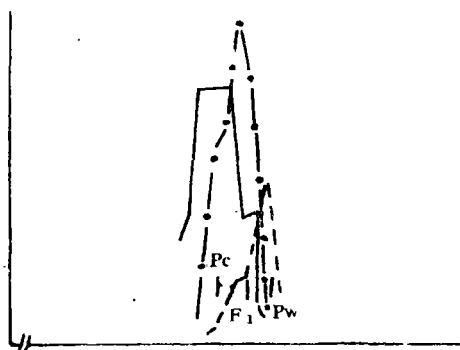


图6 蛋白质含量次数分布

Fig. 6 The frequency distribution of protein content

著移向栽培高值区,并于 IBC_2F_2 出现可观的近亲和超高亲个体。4、粗脂肪的 IBC_1 、 IBC_2F_2 曲线重心移向栽培亲本,尤其在 IBC_2F_2 产生超高亲分离。5、亚麻酸含量基本适合正态分布, IBC_0 — IBC_1F_2 倾向野生高值,而 IBC_2F_2 群体平均明显移向栽培低值区。6、蛋白质和蛋氨酸含量均为正态分布,两者 IBC_0 — IBC_2F_2 的分离趋势相同,都在 IBC_2F_2 产生较强的负向漂移(参见图 2 至 6)

上述与野生大豆改良利用关系密切的性状均于回交两次发生较明显的曲线重心向栽培化位移和超亲分离。据此,可以肯定 IBC_1 是回交的关键时期。继续回交将导致高蛋白和高亚油酸基因型的大量损失。但百粒重会显著增加。此外,大部分性状在 IBC_0F_2 代表现出较强的倾野生性。通过分析亲本遗传贡献率发现(表 2),在 IBC_0F_2 栽培亲本遗传贡献

率仅 0.17,野生亲本高达 0.83。回交一次和二次后,栽培亲本的贡献率逐渐上升。可设想, IBC_0F_2 的亲野性是由基因显性上位效应造成遗传贡献差异引起的。

二、融渗群体基因连锁与重组的评价

一些作物的研究表明,种间杂交中不良性状的渗入是由于基因间连锁或基因多效造成的。究竟此种作用在大豆种间杂交后代是否明显,尚无人研究。本试验表明(表 3), IBC_0-IBC_2 的第一主成份方差百分率并不十分高,在 31—44%之间。而重组方差系数相对较高(0.59—0.74)。值得注意的是从杂种自交 $F_2(IBC_0F_2)$ 到二次回交 F_2 代(IBC_2F_2)第一主成份方差百分率呈递减变化,而重组方差系显著递增。在大豆种间杂种自交和回交群体中,根据第一主成份值划分的基因型指数具有广泛的多态变异,指数值与栽培种质的

表 2 种间杂种亲本贡献率比较 (哈尔滨,1987)

Table 2 The comparison of parental concordance coefficient in *G. max* × *G. soja* cross

贡 献 率	IBC_0	IBC_1	IBC_2
dPc	20.91	16.18	16.14
dPw	4.19	8.72	8.76
Pc	0.17	0.35	0.36
Pw	0.83	0.65	0.64

比重(即回交世代)密切相关。从总体考察,指数值均未集中于所谓重组纺锤体的狭窄区域——典型野生和典型栽培区(图 7)。证明性状的重组范围并非狭窄。上述结果表明,大豆种间杂种性状间的连锁和互作不如通常认为的强烈。但在 IBC_0F_2 代还是较明显的。通过不断回交,将使基因重组率增加,有助于减轻有利基因同不利基因间的连锁与互作。

三、融渗比例不同的群体最佳容量的估价

本试验用多元变异指数中的多元标准差(MSD)来衡量自交 $F_2(IBC_0F_2)$ 和回交 $F_2(IBC_1-IBC_2F_2)$ 最适宜群体的大小,以及最佳 F_1 株数。结果表明(图 8), IBC_0F_2 的群体大小与多元标准差呈曲线回归关系。50—70 株之间是方差转折区,群体达到 70 株以上时,方差趋向平稳恒定。

IBC_1 和 IBC_2 群体结构较复杂。随 F_1 家系数(即 F_1 株数)增加, IBC_1F_2 的标准差呈曲线上升,在 5—7 株时曲线增长速度明显放慢,8 株后归于恒定。 IBC_2 的子家系数(即栽培亲本同某一 IBC_1F_1 单株回交产生的 IBC_2F_1 个体数)变化形式与 IBC_1 相似。但在 3—4 株时方差达到高峰,以后有所下降。其原因可能是由试验误差造成的(图 8, $m=10$)。 IBC_1 和 IBC_2 世代平均每一家系(或子家系)容量与方差变化也有曲线关系(图 9)。当群体容量达到 15 株时多元标准差变化减慢,25 株时基本稳定。

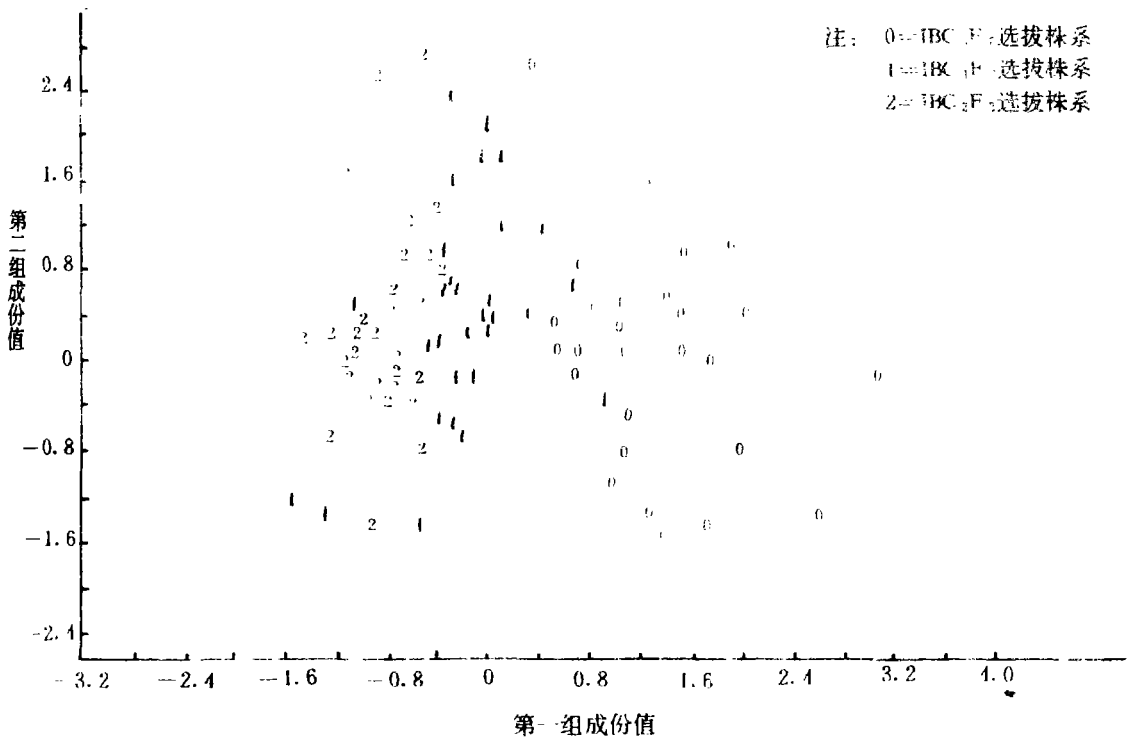
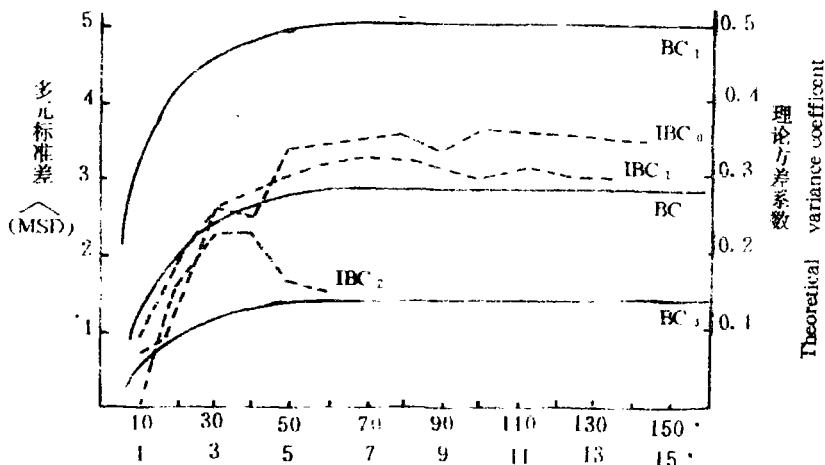


图7 亲本 IBC₀F₂、IBC₁F₂ 和 IBC₂F₂ 基因型第一与第二主成份值散点 (哈尔滨, 1987)

Fig. 7 Plot of first VS. second principal component scores for parents and their introgression progenies



注: — 实际曲线 Practical curve — 理论曲线 Theoretical curve
* 群体容量 Plant No. per population * * 家系数 Families No.

图8 群体容量与遗传变异的关系(哈尔滨, 1987)

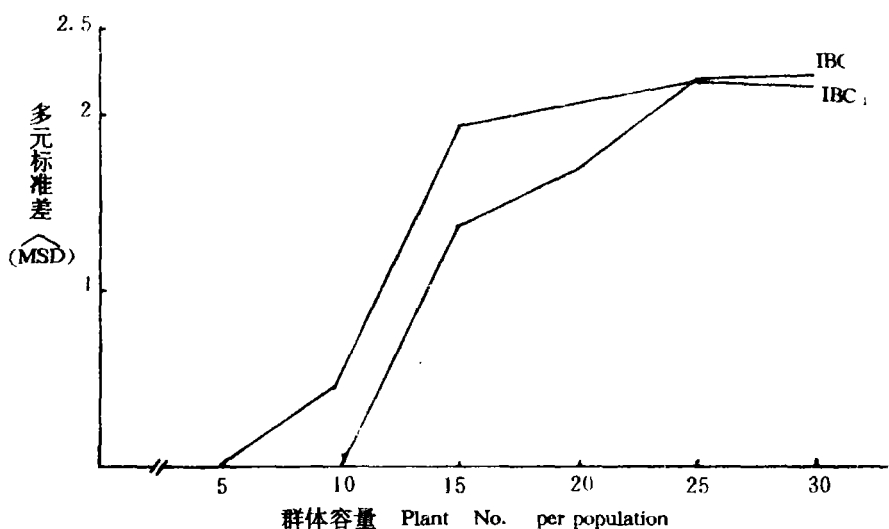
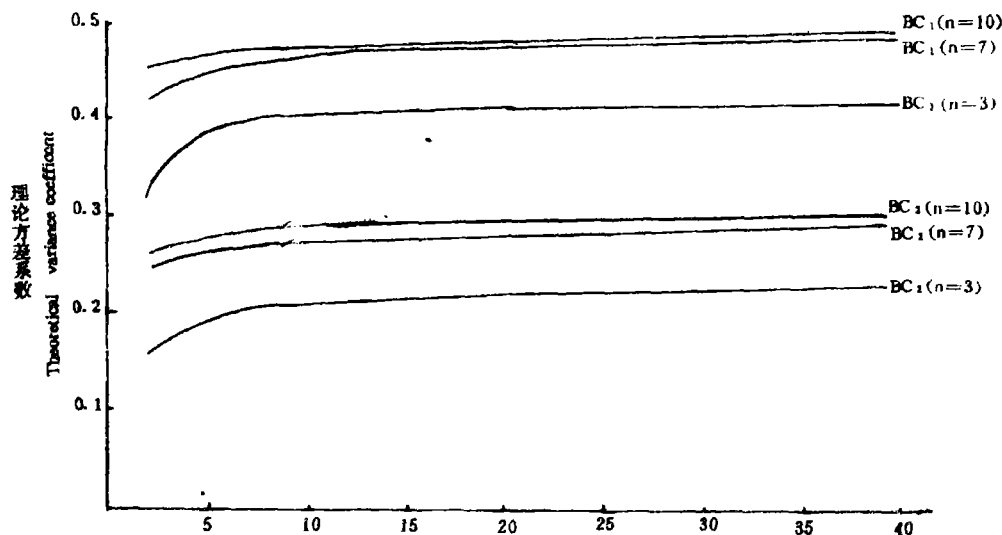
Fig. 8 The relationship between population size and genetic variance

表3 自交和回交群体的特征向量,第一、第二主成份方差百分率和重组方差系数 (哈尔滨,1987)

Table 3 Eigenvector of self-cross and backcross populations, the percentage of total variance accounted by the first and second principal component, and the coefficient of recombination variance

性 状	IBC ₀		IBC ₁		IBC ₂	
	第一主成分	第二主成分	第一主成分	第二主成分	第一主成分	第二主成分
	First principal	Second component	First principal	Second component	First principal	Second component
株 高	0.135	-0.298	0.305	-0.499	0.251	-0.222
营养生长期	0.248	0.245	0.279	-0.034	0.218	0.336
生殖生长期	0.151	-0.097	0.072	-0.016	0.008	-0.164
主茎节数	0.075	-0.445	0.321	0.344	0.299	0.011
分枝数	0.05	0.613	0.109	-0.001	0.11	-0.152
节间长	0.088	0.107	0.127	0.402	0.098	-0.285
茎 粗	0.099	0.064	0.229	0.043	0.249	0.266
倒伏指数	0.347	-0.126	0.109	-0.043	0.042	-0.285
单株荚数	0.129	0.008	0.242	0.058	0.326	-0.274
单株粒数	0.04	0.058	0.23	-0.029	0.313	-0.275
单株产量	0.358	0.081	0.292	-0.497	0.354	-0.204
百粒重	0.362	0.049	0.113	-0.006	0.097	0.212
蛋白质产量	0.055	0.101	0.277	0.46	0.335	-0.232
粗脂肪	0.226	0.021	0.266	-0.098	0.248	0.322
蛋白质	0.359	-0.029	0.236	-0.016	0.24	-0.266
氨基酸	0.336	-0.06	0.207	0.023	0.216	-0.144
I	7.12	0.65	6.312	0.009	4.98	3.612
I/k	0.44	0.04	0.39	0.0005	0.31	0.22
IK	16		16		16	
R	0.59		0.65		0.74	

本试验还对抽样数与理论方差系数的关系进行计算机模拟。当 IBC₁、IBC₂和 IBC₃的 F₁家系数(n)以 i 为单位累加时,理论方差系数呈曲线增长。n=5 时,增长速度减缓。n=8 时,方差基本稳定(图 8,m=10)。此结果同实际结果十分吻合。回交 F₂代单一家系的容量(m)与家系数联系很大。当家系数较多时,m 对群体方差影响很少。n=10 时,方差几乎与 m 无关。可见,n 的作用远大于 m 的作用。一般当 n 固定后,理论方差趋向稳定的数值区间始终保持在 m=10~15(图 10)。

图9 IBC₁和IBC₂F₂家系容量对方差的影响 (哈尔滨, 1987)Fig. 9 The effect of families No. variance in IBCF₂ and IBCF₂ generations图10 理论方差与自交和回交F₁代家系容量的关系 (哈尔滨, 1987)Fig. 10 The relationship between theoretical variance and No. of F₁

families in self-- and backcross generations

依据上述理论与实际结果,初步确定 $n=8, m=10-15$ 是大豆种间杂种回交的理想群体结构。而种间杂种自交群体(BC_0F_2)也不需要过大容量,90—100株基本可以包括全部遗传变量。

四、不同渗透群体性状间的作用规律:

本试验研究了 IBC_0-IBC_2 38 个性状间的表型相关和遗传相关。两种相关性质基本一致。主要结果概括为(表 4): 1、在 IBC_1 和 IBC_2 , 营养生长期和生殖生长期等一些性状与株高的关系较复杂, 在 IBC_1 营养生长期与株高呈极显著正相关, 而在 IBC_2 转成生殖期与株高显著正相关。根据种间杂种自交和回交后代性状的消长规律判断, 此种现象是由不同群体性状间的数值比例不断发生变化引起的, 是种间杂种自交和回交后代性状间关系的特点, 试称为“动态相关”。2、在 IBC_1F_2 , 百粒重与粗脂肪和油酸含量的正相关性很强的与亚麻酸有显著的负相关。而与蛋白质、蛋氨酸及半胱氨酸的负相关均未达到显著水平。因此, IBC_1F_2 代开始选拔大粒型对蛋白质及其组成的影响相对较小。3、在品质性状中, 粗脂肪除与油酸保持极显著正相关外, 与其它脂肪酸皆为负相关, 并与蛋白质和绝大多数氨基酸含量显著负相关。在脂肪酸中, 除硬脂酸和亚麻酸外, IBC_1F_2 代棕榈酸和亚油酸都与

表 4 农艺性状表现型相关和基因型相关 (哈尔滨; 1987)

Table 4 Phenotypic and genotypic correlation coefficients among quantitative traits (partial results)

性状 Plant	株高 height	营养期 Days to flowering	生殖期 Days from flowering	百粒重 100 seed weight	粗脂肪 (%)	棕榈酸 16:0	硬脂酸 18:0	油酸 18:1	亚油酸 18:2	亚麻酸 18:3	蛋白质 Protein	半胱氨酸 Cys	蛋氨酸 Met
株高		0.57 ² 0.07	0.07 0.35 ¹	0.34 ² 0.3	0.17 ² 0.03	0.45 ² 0.37 ²	0.1 0.22	0.47 ² 0.07	0.33 0.7	0.19 0.06	0.35 ¹ 0.02	0.56 ² 0.17	0.43 ¹ 0.18
营养期			0.56 ² 0.6 ²	0.23 0.32	0.51 ² 0.5 ²	0.44 ¹ 0.07	0.03 0.21	0.43 ¹ 0.21	0.33 0.29	0.06 0.27	0.41 ¹ 0.41	0.7 ² -0.22	0.52 ² -0.32
生殖期		0.02 0.31 ¹	0.31 ¹ 0.31	0.39 ¹ 0.11 ¹	0.15 0.08	0.07 0.01	0.18 0.06	0.07 0.24	0.02 0.2	0.7 0.35 ¹	0 0.1	0.21 0.13	0.18 0.11
百粒重		0.24 0.01	0.24 0.35 ¹	0.38 ¹ 0.45 ¹	0.12 0.07 ²	0.04 0.19	0.33 0.11	0.27 0.35 ¹	0.3 0.25	0 0.1	0.14 0.06	0.38 ¹ 0.11	0.25 0.07
粗脂肪		0.44 ¹ 0.11	0.42 ¹ 0.39 ¹	0.1 0.07	0.52 0.18 ²	0.47 ² 0.02	0.03 0.02	0.66 ² 0.35 ¹	-0.59 ² -0.39 ¹	-0.43 ¹ 0.06	0.83 ² 0.7	0.44 ¹ 0.17	0.39 ¹ 0.28
棕榈酸		0.3 0.25	0.34 ¹ 0.02	0.04 0.11	0.28 -0.03	0.21 0.23 ²	0.67 ² 0.51 ²	0.5 ² -0.17	0.08 -0.18	0.1 0.2	0.11 0.02	0.63 ² 0.01	0.3 0.18
硬脂酸		-0.03 0.16	0.08 0.28	0.11 0.03	0.21 0.0	0.02 0.02	0.61 ² 0.48 ²	0.14 0.32	0.32 0.31 ¹	0.11 0.3	0.04 0.08	0.33 0.08	0 0.11

油酸	0.46 ¹ 0.01	0.42 ¹ 0.27	0.16 0.34 ¹	0.61 ² 0.45 ¹	0.63 ² 0.46 ²	-0.34 ¹ 0.11	-0.1 0.02		-0.87 ² -0.91 ²	-0.65 ² -0.62 ²	-0.52 ² -0.41	-0.27 -0.27	-0.13 -0.12
亚油酸	-0.27 0.11	-0.3 -0.26	0.06 -0.11	-0.23 -0.22	-0.44 ¹ -0.2	0.13 -0.08	-0.28 -0.28	-0.8 ² -0.7 ²		0.5 ² 0.55 ²	0.48 ² 0.25	0.04 0.3	0.06 0.1
亚麻酸	-0.01 0.08	0.01 0.33	0.06 0	-0.18 0.09	0.04 0.02	0.14 -0.16	0.01 -0.05	-0.34 ¹ -0.23	0.43 ¹ 0.46 ²		0.01 0.03	-0.13 -0.02	-0.13 0.02
蛋白质	-0.3 -0.01	-0.26 -0.2	0.23 0.31	-0.44 ² -0.36	0.58 ² 0.41 ¹	0.38 ¹ 0.1	0.11 0.02	-0.37 ¹ -0.31	0.44 0.23	0.16 0.23		0.34 ¹ 0.15	0.44 ¹ 0.59 ²
胱氨酸	-0.29 -0.01	-0.43 ¹ -0.12	0.29 0.2	-0.16 0.06	-0.2 -0.04	0.51 ² 0.04	0.38 ¹ 0.14	-0.2 -0.23	0.07 0.31	-0.01 -0.01	0.32 0.18		0.62 ² 0.04
蛋氨酸	-0.33 -0.13	-0.44 ¹ -0.22	0.2 0.2	-0.17 0	-0.24 -0.01	0.31 0.18	-0.11 -0.04	-0.01 -0.05	0.06 0.11	-0.01 0.14	0.37 ¹ 0.54 ²	0.53 ² 0.35	

Note: 1. Upper triangle shows phenotypic correlation, (上三角示表型相关)

Lower triangle shows genotypic correlation, (下三角示基因型相关)

2. In each the upper line is IBC₁F₂ result, (上行数字示 IBC₁F₂ 结果)

and the lower line is IBC₂F₂ result, (下行数字示 IBC₂F₂ 结果)

注: 1 = *, 2 = **

蛋白质含量有显著正相关, 仅与油酸存在负相关。据此, 认为蛋白质与粗脂肪间的负相关之引发因子是油酸。蛋白质含量与种子干重法表示的氨基酸绝对含量存在显著的正相关。表明蛋白质含量的提高是各种蛋氨酸含量共同提高的结果。如果按百克 N 法计算, 上述相关不完全是正向, 其中半胱氨酸百分比与蛋白质含量呈极显著负相关($r = -0.94^{**}$), 而蛋氨酸百分比与蛋白质含量表现为极显著正相关($r = 0.63^{**}$) (参见表 4)。

性状群间的相关分析指出 (表 5, 系 15 个性状结果), 回交世代性状群间前两个典范相关系数的贡献率均在 70—80% 以上, 达到显著和极显著水平。表明各性状群间普遍存在相关关系。其中, 产量性状和品质性状的典范相关最强 ($R_1 = 0.8 - 0.9$, $R_2 = 0.3 - 0.8$), 其次为生育加形态性状与品质性状, 生育加形态性状与产量性状。38 个性状的因子分析也证明 (图 11), 生育加形态性状之间差异较大, 只有生育期 (A_4) 和节间长 (A_7) 与品质性状差距较小。而在 4 个产量性状中, 单株粒数和百粒重均与品质性状关系密切。由散点图初步认为, 连接三大性状群的“纽带性状”主要有生育期、节间长、百粒重、天门冬氨酸和亚油酸含量。

表5 三类性状间的典范相关 (哈尔滨,1987)
Tables 5 Canonical correlation among three groups of traits

性状群 的关系	参 世 数 代	Ri(CA)	X	DF	相对值 (%)
生育形态 与 品质性状	IBC ₀	0.52	-2.79 **	25	32.67
		0.36	-1.5	16	29.52
	IBC _{1,2}	0.71	-9.22 **	25	38.23
		0.65	-6.33 **	16	31.62
生育形态 与 产量性状	IBC ₀	0.5	-3.44 **	25	44.93
		0.44	-2.14 **	16	34.21
	IBC _{1,2}	0.64	-5.43 **	25	49.31
		0.48	2.4 **	16	28.29
产量性状 与 品质性状	IBC ₀	0.9	-21.76 **	25	88.86
		0.35	-0.85	16	11.13
	IBC _{1,2}	0.83	-13.88 **	25	44.03

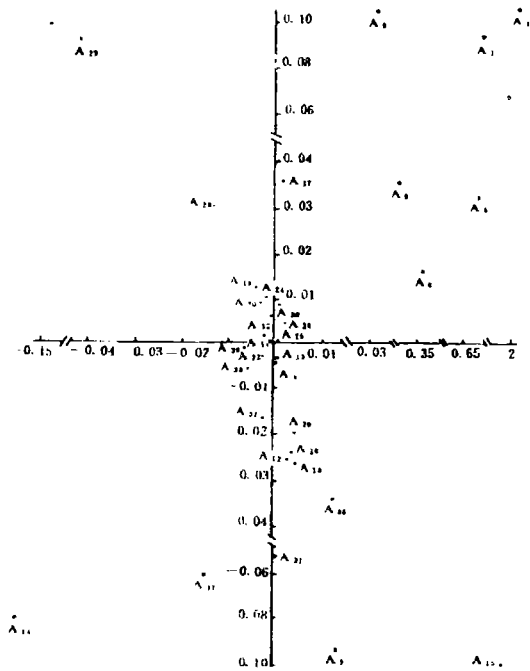


图 11 38 个性状 R-型因子分析二维散点图 (哈尔滨 1987)
Fig. 11 R factor analysis of 38 traits

结 论

一、在 BC_0F_2 代性状的连锁比较强,但回交后代“重组纺锤体”逐渐放宽,基因连锁和基因互作减弱。据此,作者认为将大豆野生种和栽培种的优良基因融为一体,不会遇到很强的重组障碍。

二、本试验提出,按数量性状计算,大豆种间杂种自交群体(BC_0F_2)每组合保持 90—100 株左右,基本可以囊括一切遗传变量。但如果同时考虑质量性状,群体需适当放宽。种间杂种回交群体适宜的结构为 $n=8, m=10\sim 15$ 。

三、作者初步设想,野生大豆存在一种“掩饰基因”,它是导致 BC_1F_2 代某些性状出现异常变异高峰的主要原因。

四、在种间杂种 BC_0 、 BC_1 和 BC_2 群体中,营养生长期和生殖生长期等性状世代间数量级比值发生变化,引起同其它性状间相关性质和强度的动态变化,本文建议将此称为“动态相关”。作者认为,不同自交和回交世代某些性状的相关系数不可混用,否则将导致错误结论。

五、本试验通过性状的典范相关和因子分析初步提出,产量、品质和生育加形态三大性状群之间的纽带性状是生育期、百粒重和天门冬氨酸。

六、本研究证实,油酸($C_{18:1}$)是形成粗脂肪与蛋白质含量间负相关的主要因素。 $C_{18:1}/C_{18:2}$ 比值高可作为高油指标。

参 考 文 献

- [1] 王金陵、孟庆喜、杨庆凯,1986. 野生和半野生大豆蛋白质含量和性状相关和通径分析,东北农学院学报, (1):1—5.
- [2] 王金陵、孟庆喜、杨庆凯,1986. 回交对克服栽培大豆与野生和半野生大豆杂交后代蔓生倒伏性的效应,大豆科学,3(5):181—187.
- [3] 徐豹,1986. 大豆起源地的三个新论据,大豆科学,5(2):123—130.
- [4] 盖钧镒等,1984. 应用于遗传研究的多元变异指数,南京农学院学报,13:1—13.
- [5] 盖钧镒,1982. 大豆栽培种和野生种回交计划的四个世代中一些农艺性状的遗传表现,遗传学报,9(1):44—56.
- [6] Ertl, D. S., 1985. Agronomic performance of soybean genotypes from *Glycine max* × *Glycine soja* crosses Crop Sci. 25(4)
- [7] Jodi, A., Carpentra and Walter R. Fehr. 1986. Genetic variability for desirable agronomic traits in populations containing *Glycine soja* germplasm. Crop Sci. 26:681—686.
- [8] Frey, K. J. and T. S. Cox. 1984. Increasing cereal yields with genes from wild and weedy species. Jour. paper No. J—41254 of the Iowa Agri. and Home Econ. Exp. Stn., Ames, IA 50071.
- [9] Weber, C. R., 1950. Inheritance and interrelation of some agronomic and chemical characters in an interspecific cross in soybean, *Glycine max* × *G. ussuriensis*. Iowa Agr. Exp. Sta. Res. Bul. 3374:766—816.

- [10] Takagi, F., 1929. On the inheritance of some characters in *Glycine soja* soybean. Tokhoku Imp. Univ. Sci. Rept. 4th Ser. Biol. 4:577--589.
- [11] Williams, L. F., 1948. Inheritance in a species cross in soybean, *Genetics*. 33:131--132.

INHERITANCE OF QUANTITATIVE CHARACTERS IN THE SELF—CROSS
AND BACKCROSS POPULATIONS OF *GLYCINE MAX* × *G. SOJA* HYBRIDS

Lee Wenbin Wang Jinling Yang Qing kai
(Northeast Agricultural College)

Abstract

Interspecific crosses and backcrosses of soybeans were conducted to evaluate genetic parameters in backcross populations with different rate of wild germplasm introgression. The purpose of the attempt was to promote the utilization of wild germplasm in soybean breeding.

With backcrossing, the "recombination spindles" became much wider, causing the linkage and pleiotropy effect to be weakened gradually. Theoretically, soybean breeders would likely to obtain required associations of wild and cultivated traits without much hindrance caused by reduced recombination between wild and cultivated soybean chromosomes. It was proved that the suitable size of a backcross population was $n=8$ and $m=10\sim15$ (n means family numbers in F_1 generation and m means plant numbers of each family in F_2 generation). If quantitative traits were ignored, ninety or one hundred plants would be enough for a BC_0F_2 population to contain nearly most of the genetic diversity. In addition, the so called "dynamic correlation" was observed between traits of BC_0 , BC_1 and BC_2 populations.

Among content of five fatty acid and protein, only a negative correlation was observed between oleic acid and protein content. The result suggested that the negative correlation between oil and protein content should be caused mainly by the above correlation. Therefore, the ratio between $C_{18:1}$ and $C_{18:2}$ could be used as an index of high oil content. It seemed to be very hard to obtain lines with both high protein and high oil content in the population of interspecific hybrids.