

大豆远缘杂交 F_2 代农艺性状的遗传规律研究

曹海潮, 谢甫绋, 张惠君, 王海英

(沈阳农业大学农学院, 辽宁 沈阳 110161)

摘要:采用地理纬度相近的中国辽宁省和美国俄亥俄州新育成亚有限型品种各4个和4个辽宁省20年代老品种为亲本,按照不完全双列杂交模式组配成辽宁当代品种×俄亥俄当代品种($L_{new} \times O_{new}$)、辽宁当代品种×辽宁20年代老品种($L_{new} \times L_{old}$)、俄亥俄当代品种×辽宁20年代老品种($O_{new} \times L_{old}$)3种类型共45个杂交组合,对其 F_2 代主要性状的遗传参数进行了分析,为远缘杂交大豆后代选择和品种选育提供一定的理论基础。结果表明:(1)不同来源杂交组合的主要性状都具有较高的遗传变异系数,其变化规律趋于一致,分枝数的遗传变异系数最大,单株产量、单株荚数、单株粒数的GCV也较大;(2)不同组合的百粒重、株高的遗传力较高;(3)分枝数的相对遗传进度最大,而单株粒数、单株荚数、单株产量、粒茎比的相对遗传进度居中。3类杂交组合后代遗传变异丰富,性状选择的潜力较大,尤其是时代远缘杂交,今后在进行特定性状改良时,可加强这类杂交组合的研究。

关键词:大豆;远缘杂交;变异系数;遗传力;遗传进展

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

文章编号:1000-9841(2008)04-0576-05

Genetic Variation of Agronomic Traits in F_2 Generation of Soybeans from Wide Pedigree

CAO Hai-chao, XIE Fu-ti, ZHANG Hui-jun, WANG Hai-ying

(Agriculture College of Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161, Liaoning, China)

Abstract: In the last decades, introduced soybean germplasm was used in soybean breeding, in order to broaden the genetic bases of Chinese soybean cultivars. The objective of this paper is to provide theoretical basis for the selection and breeding of distant hybrid soybean progenies. 45 cross combinations of soybean, whose parents were from 4 current varieties released in Liaoning, China and 4 released in Ohio, USA, and 4 old varieties released in Liaoning in about 1920s' respectively, were arranged in incomplete diallel crosses. The agronomic parameters in F_2 generation were analyzed. The results showed that the main characters of different combinations had higher genetic variation coefficients (GCV) and had a similar trend. The number of branch had the highest GCV. And the GCV of yield per plant, pod number per plant and seed number per plant also had high GCV. The 100-seed weight and plant height of different combinations had high heritability. The relative genetic schedule (RGS) of the number of branch was the biggest one, while seeds number per plant, pods number per plant, yield per plant and seed-stem rate had medium RGS. There were abundant genetic variations and great selection potential in the hybrid soybean progenies, especially the crosses with parents released in different decades.

Key words: Soybean; Distant hybridization; Genetic variation coefficients; Heritability; Genetic gain

我国作为大豆的原产国,有很长的栽培历史,种质资源也十分丰富。但由于近年来优良大豆品种的推广应用以及育种中对优良亲本的反复应用,使得种质资源趋于一致,遗传基础变得狭窄^[1]。盖钧镒等通过对我国在1923~1995年育成的651个大豆品种的系谱分析发现,其遗传基础来源于348个亲

本,这348个祖先亲本基本上代表了我国大豆品种的种质来源^[2]。而从这348个祖先亲本中遴选出的75个核心祖先亲本应是其中的优秀代表,这些具有代表性的核心祖先亲本为我国已育成大豆品种提供了70%左右的种质来源^[3]。特别是其中的38个祖先亲本,它们仅占祖先亲本数的10.9%,但对我国

收稿日期:2008-04-01

基金项目:辽宁省科技厅资助项目(2006201008);辽宁省教育厅创新团队资助项目(2006T116)。

作者简介:曹海潮(1984-),男,硕士研究生,研究方向为数量遗传学。E-mail: caohaichao66@126.com.cn。

通讯作者:谢甫绋,教授,博士生导师。E-mail: snssoybean@yahoo.com.cn。

大豆育成品种的核、质遗传贡献分别为 54. 18% 与 56. 84%^[4]。熊冬金等根据 1923 ~ 2005 年中国育成的 1 300 个大豆品种的系谱资料分析,结果表明我国大豆育成品种的核心祖先亲本的遗传贡献值增长幅度很快,种质血缘进一步集中,大豆育成品种遗传基础趋同^[5]。采用生态型上有所不同及地理距离较远的品种进行杂交,其后代的遗传基础将较为丰富,基因重组和相互作用的机会多一些,更有利于获得超亲的有利性状,从而选育出具有突出优良性状的品种。

美国大豆虽然引种自中国,但是几十年的育种过程已经使两国的大豆品种按照各自不同的基因库进行发展^[6]。邱丽娟等用 RAPD 标记评价中美两国具有代表性的大豆种质,发现中国种质与美国种质相聚在不同类别^[7]。Cui 等的研究表明中国和美国大豆品种的表型不同,是潜在的彼此扩展育种进程中农艺的,形态的以及生化的多样性的较好的遗传资源库^[8]。这些研究为利用美国大豆品种资源,丰富中国大豆品种遗传基础,提供了理论依据。中国的大豆育种者已经认识到了中美大豆品种可以互相作为遗传多样性的保持库。但美国大豆种质在中国的利用仍然很少,对于整个中国大豆遗传基础的贡献率仅为 7. 3%^[9]。

以辽宁当代品种,俄亥俄当代品种,辽宁 20 年代老品种组配成不同的杂交组合,研究不同地理来源和不同时代的品种杂交后代各农艺性状的变异,遗传,根据其遗传特性,扩展大豆遗传基础,为大豆杂交育种提供理论依据。

1 材料与方法

1. 1 供试材料

采用辽宁当代品种,俄亥俄当代品种,辽宁 20 年代老品种各 4 个为亲本配置三种类型杂交组合,各类型的杂交组合数分别为 16、16 和 13 个。

表 1 杂交组合亲本来源
Table 1 Origin of experimental parents

组 号 Group	品 种 Cultivar	试材来源 Origin
俄亥俄当代品种(A)	HS93-4118、OhioFG1、Darby、Kottman	美国俄亥俄州
Current cultivars of Ohio(A)		Ohio State, USA
辽宁当代品种(B)	辽豆 11 号、辽豆 12 号、沈农 94-11、沈豆 4 号	中国辽宁省
Current cultivars of Liaoning(B)	Liaodou 11、Liaodou 12、Shennong 94-11、Shendou 4	Liaoning, China
辽宁 20 年代老品种(C)	Shingto、Mukden、Harbinsoy、Boone	美国大豆种质资源库
Old cultivars of Liaoning(C)		Illinois soybean gene bank

1. 2 试验方法

2005 年配置杂交组合,2006 年种植 F₁ 代,2007 年将亲本与 F₂ 进行单行种植,亲本 3 次重复。行长 4 m,株距 0. 11 m,垄距 0. 6 m,正常田间管理。收获时,每行取 20 株进行考种,调查株高、结荚高度、主茎节数、分枝数、单株荚数、单株粒数、百粒重和单株粒重等性状。

1. 3 主要遗传参数的估计方法如下:

遗传变异系数(GCV) = S/\bar{X}
广义遗传力(Heritability in broad sense): $h_b^2 = 1 - (V_{p1} + V_{p2})/2V_{F2}$
遗传进度 $GS = k \cdot \sigma_g \sqrt{h_b^2}$
相对遗传进度 $RGS = GS/\bar{X}$
式中 k 为选择强度,取值 2. 06(选择率为 5%),
 σ_g 为标准差

2 结果与分析

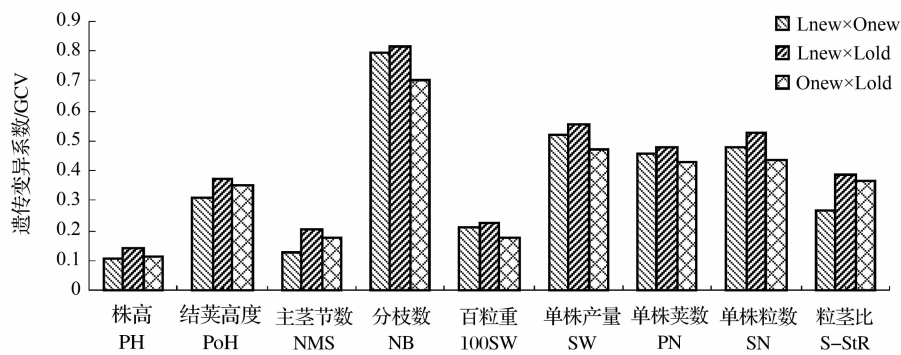
2. 1 杂交组合 F₂ 代变异系数分析

遗传变异系数(GCV)表示某性状变异程度大小的相对值,是一个相对数值,其大小与性状的平均数、计量单位无关,是准确显示各性状变异程度的指标。凡 GCV 大的性状表示群体中该性状的变异丰富,选择潜力较大。

根据考种结果,计算了株高、结荚高度、主茎节数、分枝数、单株荚数、单株粒数、百粒重和单株粒重等性状的遗传变异系数,结果如图 1 所示。不同来源杂交组合的主要农艺性状都具有较高的遗传变异系数,其变化规律趋于一致。各性状中,分枝数的遗传变异系数(0. 776)是最大的,单株产量(0. 516)、单株荚数(0. 487)、单株粒数(0. 484)的 GCV 也较

大,而结荚高度(0.345)、粒茎比(0.342)、百粒重(0.206)、主茎节数(0.169)、株高(0.119)的遗传变异较小,这与前人的研究结果相同^[10-12],在这些杂

交组合中,除主茎节数和株高外,其余农艺性状均具有丰富的选择潜力。



PH: plant height; PoH: podding height; NMS: node of main stem; NB: number of branch; 100SW: 100-seed weight (g); SW: seed weight per plant (g); PN: pods number per plant; SN: seeds number per plant; S-StR: seed-stem ratio

图1 杂交组合 F₂代遗传变异系数

Fig.1 Genetic variation coefficients of the combinations in F₂ generation

不同来源的杂交组合后代各个性状的遗传变异系数有相同的变化规律,但具体性状之间稍有不同。由图1可以看出,辽宁当代品种×辽宁20年代老品种各个性状的遗传变异系数都较高,说明该组合出现基因分离与重组的机会相对较大,选择潜力较大。

2.2 杂交组合广义遗传力的分析

遗传力的大小体现了遗传因素和环境条件两者对性状表现的影响程度,同时,也指示了依据表型进行选择的可靠程度。因此,主要性状遗传力可作为

育种的一项重要遗传参数。对于遗传基础变异丰富的早代,遗传力值高的性状根据其表型变异直接选择,收效比较显著。因此可以根据遗传力的大小确定在杂交育种中哪些性状在哪一代中进行选择比较有效^[13]。从表2可以看出,遗传力最高的是百粒重,45个杂交组合平均为84.6%,其次为株高(78.8%),主茎节数、分枝数、粒茎比、单株荚数和单株粒数的遗传力居中,而结荚高度(58.1%)和单株产量(50.7%)的遗传力较低。说明株高和籽粒大小性状的选择可以在早世代进行。

表2 各杂交组合 F₂代农艺性状的遗传力分析

Table 2 Analysis on the heritability of the combinations of the agronomic traits on the F₂ generation

杂交组合 Cross	株高 Plant height	结荚高度 Podding height	主茎节数 Node of main stem	分枝数 Branch number	单株产量 Seed weight per plant	单株荚数 Pod per plant	单株粒数 Seed per plant	粒茎比 Seed-stem ratio	百粒重 100-seed weight
Lnew × Onew	78.3	71.8	78.2	76.5	53.7	70.5	70.0	69.2	76.9
Lnew × Lold	84.2	53.7	80.7	76.3	42.7	74.9	74.9	75.1	88.2
Onew × Lold	73.9	48.9	74.9	74.3	55.7	68.7	64.1	72.9	88.6
平均 Average	78.8	58.1	77.9	75.7	50.7	71.4	69.6	72.4	84.6

2.3 F₂代农艺性状的遗传进度估计

遗传进度是杂交后代某一数量性状的平均数在一定选择强度下比原来群体平均数提高的相对数值。预期遗传进度综合了群体的遗传变异度和遗传力的两个方面的信息,它可作为从该群体内进行品种选择时效果大小的预测。绝对遗传进度受性状平均值的影响较大,相对遗传进度能够消除平均数的

影响,更能准确地反映在一定选择强度下,其后代群体从上代群体获得遗传增量的多少。

图2显示,三个杂交组合类型的单株荚数和单株粒数的预期遗传进度比较大,其次为株高,单株产量,结荚高度,百粒重和主茎节数;而分枝数,茎粒比的预期遗传进度较小。

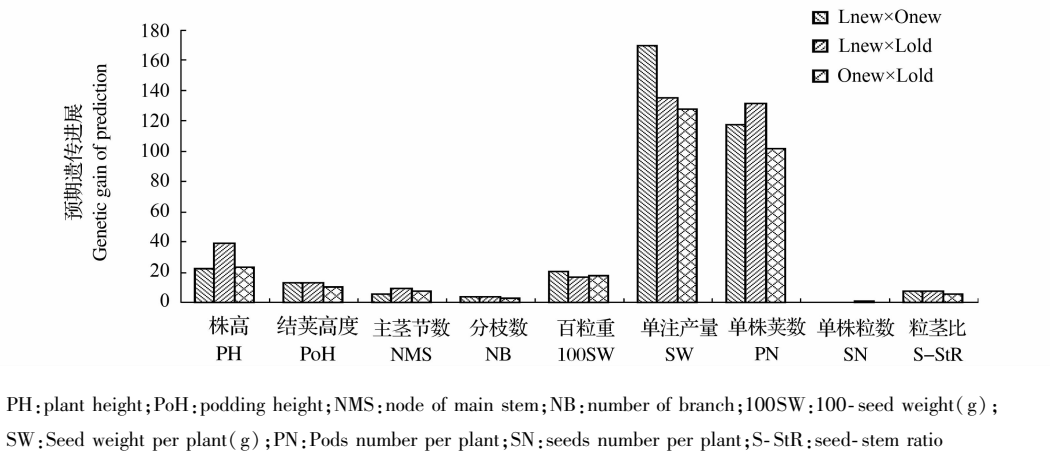


图2 杂交组合 F₂代预期遗传进展分析

Fig.2 Analysis on the genetic gain of prediction of the combination in F₂ generation

表3 杂交组合 F₂代农艺性状的相对遗传进度分析

Table 3 Analysis on the RGS of the combinations of the agronomic traits on the F₂ generation

杂交组合 Cross	株高 Plant height	结荚高度 Podding height	主茎节数 Node of main stem	分枝数 Branch number	单株产量 Seed weight per plant	单株荚数 Pod per plant	单株粒数 Seed per plant	粒茎比 Seed – stem ratio	百粒重 100 – seed weight
Lnew × Onew	0.20	0.53	0.24	1.44	0.79	0.80	0.83	0.46	0.39
Lnew × Lold	0.27	0.55	0.39	1.46	0.75	0.85	0.94	0.72	0.44
Onew × Lold	0.19	0.48	0.32	1.20	0.71	0.74	0.70	0.69	0.32
平均 Average	0.22	0.52	0.31	1.37	0.75	0.80	0.83	0.63	0.38

从表3中可以看出,分枝数的相对遗传进度最大,为1.37,而单株粒数,单株荚数,单株产量,粒茎比的相对遗传进度居中,在0.6~1.0之间,结荚高度,百粒重,主茎节数和株高的相对遗传进度较小,在0.6以下。需要指出这里求得的相对遗传进展是根据株系的性状的遗传力求得的,因此是株系的相对遗传进展。

对于遗传进度的分析表明,在杂交早世代进行多荚,多粒性状的选择是可行的;分枝数的RGS较大,说明杂交后代该性状的改良潜力较大。

3 讨论

辽宁当代品种×俄亥俄当代品种,辽宁当代品种×辽宁20年代老品种,俄亥俄当代品种×辽宁20年代老品种所组配的杂交组合,亲本间遗传基础差异较大,其后代各性状的遗传变异系数均较高,说明这些组合的后代性状选择潜力较大。而俄亥俄当代品种×辽宁20年代老品种的后代的遗传变异系数相对较小,这可能是由于美国品种引种于同纬度的中国早期品种,亲缘关系较近造成的。Li等研究

表明,北美大豆的祖先亲本同中国东北大豆的祖先亲本之间的多样性较小^[14]。Gizlice等分析了美国从1947到1988年推广的所有品种,结果显示近当代品种75%的基因可以追踪到1960年之前推广的17个祖先品系的血缘^[15]。薛庆喜分析了伊利诺、依阿华、印第安纳3个州40年来培育的大豆品种系谱,可以看到,它们的血缘仅仅来自几个重要骨干亲缘品种,即:Mukden、Dunfield、Mandain、Manchu和由它们作亲本而衍生出来的桥梁亲缘品种 Lincoln、Harosoy、Clark、Williams等。对以上4个原始亲缘进一步追溯,这些品种是在1901至1909年期间由美国农业部从中国东北引入美国的。因此,3个州的大豆品种基因库中大部分血缘来自中国东北。而中国东北大豆大多具有金元,黄宝珠等少数优良亲本的遗传基础,所以美国的品种同辽宁早期品种之间的亲缘关系可能相对较近^[16]。在今后的研究中,可采用RAPD等标记技术确定其亲缘关系大小,以便更好的进行杂交组合。而辽宁20年代老品种同辽宁当代品种杂交后代遗传变异丰富,性状选择的潜力较大,今后在进行特定性状改良时,可加强这类时

代远缘组合的研究。

在遗传力方面大家一致公认的是株高和百粒重的遗传力较高,本试验也得到类似的结论。遗传力较高的性状,适于在早世代进行选择。而产量性状(除百粒重)的遗传力较低些,受环境影响较大,在早世代选择可靠性较差。

分枝数,单株粒数,单株荚数等的相对遗传进展较大,说明杂交后代这些性状的改良潜力较大。

参考文献

- [1] 彭玉华. 大豆杂交组合类型的研究 I. 我国大豆品种亲本组合类型的演变[J]. 中国油料, 1988, 3: 18-20. (Peng Y H. Study on soybean cross-types I. Rules for the change of Chinese soybean cross-types[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 1988, 3: 18-20.)
- [2] 盖钧镒, 赵团结, 崔章林, 等. 中国 1923-1995 年育成的 651 个大豆品种的遗传基础[J]. 中国油料作物学报, 1998, 20(1): 17-23. (Gai J Y, Zhao T J, Cui Z L, et al. The genetic base for 651 soybean cultivars released during 1923-1995 in China[J]. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 1998, 20(1): 17-23.)
- [3] 盖钧镒, 赵团结. 中国大豆育种的核心祖先亲本分析[J]. 南京农业大学学报, 2001, 24(2): 20-23. (Gai J Y, Zhao T J. The core ancestors of soybean cultivars in China[J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2001, 24(2): 20-23.)
- [4] 盖钧镒, 赵团结, 崔章林, 等. 中国大豆育成品种中不同地理来源种质的遗传贡献[J]. 中国农业科学, 1998, 31(5): 35-43. (Gai J Y, Zhao T J, Cui Z L, et al. Nuclear and cytoplasmic contributions of germplasm from distinct areas to the soybean cultivars released during 1923-1995 in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 1998, 31(5): 35-43.)
- [5] 熊冬金, 赵团结, 盖钧镒. 1923-2005 年中国大豆育成品种的核心祖先亲本分析[J]. 大豆科学, 2007, 26(5): 641-647. (Xiong D J, Zhao T J, Gai J Y. The core ancestors of soybean cultivars released during 1923-2005 in China[J]. Soybean Science, 2007, 26(5): 641-647.)
- [6] Ude G N, Kenworthy W J, Costa J M, et al. Genetic diversity of soybean cultivars from China, Japan, North America, and North American ancestral lines determined by amplified fragment length polymorphism[J]. Crop Science, 2003, 43: 1858-1867.
- [7] 邱丽娟, Randall L. Nelson, Lila O. Vodkin. 利用 RAPD 标记鉴定大豆种质[J]. 作物学报, 1997, 23(4): 408-417. (Qiu L J, Randall L. Nelson, Lila O. Vodkin. Evaluation of soybean germplasm with Random Amplification Polymorphic DNA (RAPD) markers[J]. Acta Agronomica Sinica, 1997, 23(4): 408-417.)
- [8] Cui Z L, Carter Jr T E, Burton J W, et al. Phenotypic diversity of modern Chinese and North American soybean cultivars[J]. Crop Science, 2001, 41: 1954-1967.
- [9] Cui Z L, Carter Jr T E, Burton J W. Genetic diversity patterns in Chinese soybean cultivars based on coefficient of parentage[J]. Crop Science, 2000, 40: 1780-1793.
- [10] 周长军. 大豆有性杂交 F₂ 代产量性状的遗传力分析与遗传相关研究[J]. 黑龙江农业科学, 2006(6): 14-16. (Zhou C J. The heritability analysis and genetic correlation for yield traits in hybridization F₂ generation of soybean[J]. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2006(6): 14-16.)
- [11] 陈学珍, 谢皓, 陈岩, 等. 大豆杂交 F₄ 代农艺性状的遗传变异参数分析[J]. 分子植物育种, 2004, 2(4): 520-526. (Chen X Z, Xie H, Chen Y, et al. Analysis on genetic parameters of the agronomic characters in F₄ generation of soybean[J]. Molecular Plant Breeding, 2004, 2(4): 520-526.)
- [12] 张淑珍, 杨庆凯. 中美半矮秆大豆杂交早期世代农艺性状遗传变异研究[J]. 大豆科学, 2000, 19(4): 320-326. (Zhang S Z, Yang Q K. Study on genetic variation in early generation of China-America semi-dwarf soybean crosses[J]. Soybean Science, 2000, 19(4): 320-326.)
- [13] 朱军. 遗传学(第三版)[M]. 北京: 中国农业出版社, 2002: 322. (Zhu J. Genetics (3rd edition)[M]. Beijing: Agricultural Press, 2002: 322.)
- [14] Li Z L, Qiu L J, Thompson J A, et al. Molecular genetic analysis of U. S. and Chinese soybean ancestral lines[J]. Crop Science, 2001, 41: 1330-1336.
- [15] Gizlice Z, Carter Jr T E, Burton J W. Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988[J]. Crop Science, 1994, 34: 1143-1151.
- [16] 薛庆喜. 美国伊利诺、依阿华、印第安纳州大豆品种系谱分析[J]. 大豆科学, 1989, 8(3): 309-314. (Xue X Q. Pedigree analysis of soybean cultivar developed in Illinois, Iowa, Indiana states of United States[J]. Soybean Science, 1989, 8(3): 309-314.)

启 事

《大豆科学》编辑部现有少量 2006 年和 2007 年过刊及精装合订本, 其中过刊每册 10.00 元, 2006 年合订本(4 期)每册 65.00 元, 2007 年合订本(6 期)每册 85.00 元。邮费 10.00 元。数量有限, 欲购从速。

汇款请寄: 哈尔滨市南岗区学府路 368 号《大豆科学》编辑部。

邮 编: 150086

电 话: 0451-86668735

E-mail: dadoukx@sina.com, ddkexue@126.com