

不同遗传背景大豆杂交 F₂ 代脂肪含量遗传分析

李盛有¹, 宋书宏²

(1. 沈阳农业大学 农学院, 辽宁 沈阳 110161; 2. 辽宁省农业科学院 作物研究所, 辽宁 沈阳 110161)

摘要: 选用 11 个脂肪含量不同的大豆品种配置 6 个杂交组合, 对遗传背景不同的大豆杂交组合 F₂ 代脂肪含量遗传变异进行分析, 并对脂肪含量与蛋白质含量和主要农艺性状进行相关分析。结果表明: (1) 双亲脂肪含量高, 其 F₂ 代脂肪平均值高, F₂ 代脂肪含量与中亲值呈极显著正相关; (2) F₂ 代脂肪含量存在广泛的变异, 遗传变异的大小与杂交组合的遗传丰度和双亲脂肪含量差值密切相关; (3) F₂ 代脂肪含量超亲率随着双亲脂肪含量差值的增大而减少; (4) 大豆脂肪含量与蛋白质含量、百粒重和底荚高呈极显著负相关, 与单株粒数和株高呈极显著正相关。

关键词: 大豆; F₂ 代; 脂肪含量; 遗传变异; 超亲分离; 农艺性状

中图分类号: S565.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-9841(2011)06-0916-05

Genetic Analysis for Fat Content in F₂ Generation of Crosses with Different Genetic Background Soybeans

LI Sheng-you¹, SONG Shu-hong²

(1. Agronomy College of Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161; 2. Crops Institute of Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110161, Liaoning, China)

Abstract: Six hybrid crosses among eleven soybean cultivars with different fat content were used in the study to analyze the genetic variation of fat content in their F₂ generation, and the correlation between fat content, protein content, and main agronomic characters. The results showed that in all crosses the higher the fat content of their parents, the higher the mean values of fat content in F₂ generation, and F₂ mean values had extremely positive correlation with mid-parent. It was found that extensive variation of fat content existed in F₂ generation. The range of genetic variation was closely related with the Degree of Genetic Variety (D. G. V.) of cross and the difference of fat content between their parents. The transgressive rates of fat content in F₂ generation decreased with the increasing of differences between their parents. The fat content in soybean had extremely negative correlation with the protein content, 100-seed weight and the lowest pod height, but it had extremely positive correlation with seeds per plant and plant height.

Key words: Soybean; F₂ generation; Fat content; Genetic variation; Transgressive segregation; Agronomic characters

脂肪含量是大豆重要的品质性状。在以高脂肪为育种目标的大豆品种改良中, 通过选配优良杂交组合使后代产生广泛的遗传变异是实现育种目标进行选择的基础。因此, 明确亲本的选配原则对于提高后代的选择效果和选育优良品种具有重要意义。针对大豆杂交早期世代单株间脂肪含量的遗传变异和群体内的分布以及亲本对后代脂肪含量的影响已有较多研究结果。普遍认为脂肪含量属于数量遗传, F₂ 代分离呈正态或近似正态分布, 主要受加性效应影响, 并含有部分显性和上位性效应^[1]。F₂ 代脂肪含量的平均水平和分离变异主要受双亲类型的影响, 双亲脂肪含量高, F₂ 代脂肪含

量高^[1], 双亲脂肪含量差异大, F₂ 代变异广泛, 但超亲率较小^[2-5]。该研究主要对不同遗传背景大豆杂交组合 F₂ 代脂肪含量遗传变异和超亲分离进行研究, 并对 F₂ 代品质性状与其它农艺性状的相关性进行分析, 明确不同遗传背景大豆 F₂ 代脂肪含量的遗传变异特点, 为设计合理的亲本选配以及有效的育种方案提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选用辽豆 18、抚豆 18、晋豆 19、铁豆 47、哈品 8807、中黄 35、辽豆 16、辽首 1 号、科新 3 号、中黄 13

收稿日期: 2011-07-26

基金项目: 辽宁省自然科学基金资助项目(20082133)。

第一作者简介: 李盛有(1987-), 男, 硕士, 研究方向为大豆遗传育种。E-mail: leesy1987@126.com。

通讯作者: 宋书宏(1964-), 男, 研究员, 从事大豆遗传育种和栽培生理研究。E-mail: sshun@163.com。

和东农 48 共 11 个脂肪含量不同的品种为亲本,材料由辽宁省农业科学院作物研究所提供。

1.2 试验设计

2008 年利用脂肪含量不同的 11 个大豆品种配制 6 个遗传背景不同的杂交组合(表 1),秋季收获杂交籽粒;2009 年播种杂交籽粒,田间参照亲本淘汰伪杂株,收获时按组合编号混收每个组合 F₁代种子;2010 年以组合为单位,将 6 个组合 F₁代种子及其亲本随机排列种植于辽宁省农业科学院大豆试验田。亲本按 1 行种植,F₂代按种子数量不定行种植,采用穴播,行长 6 m,行距 0.9 m,株距 10 cm。成熟时按组合收获全部单株,并进行单株编号。

表 1 试验杂交组合及亲本

Table 1 Crosses and parents in test

组合	类型	亲本
Cross	Type	Parents
C1	H × H	辽豆 18 × 抚豆 18
C2	H × H	晋豆 19 × 铁豆 47
C3	H × L	铁豆 47 × 哈品 8807
C4	H × L	中黄 35 × 辽豆 16
C5	L × L	辽首 1 号 × 科新 3 号
C6	L × L	中黄 13 × 东农 48

表中 H 和 L 分别代表高和低脂肪含量的亲本。

H and L in the table indicated high and low fat content parents, respectively.

1.3 测定项目与方法

收获的单株进行室内考种和品质分析。考种项目包括株高、主茎节数、底荚高、有效分枝数、单株粒数、单株粒重和百粒重;F₂代籽粒采用 Foss 公

司生产的 Infratec™ 1241 型近红外谷物分析仪测定大豆籽粒蛋白质及脂肪含量,蛋白质与脂肪含量分别在相应的水分条件下测得,转换为干基值的公式为:干基(%) = [测得值/(1 - 水)] × 100。

1.4 数据分析

采用 SPSS 17.0 和 Excel 2003 对各个组合亲本和 F₂代脂肪含量的平均值、变异系数和超亲率进行统计分析。正向超亲率和负超亲率分别表示为 F₂代个体脂肪含量高于高值亲本和低于低值亲本的个数所占 F₂群体总个数的百分比,总超亲率为正向超亲率和负向超亲率之和。采用遗传丰度(D. G. V.)的概念来反映各个组合亲本遗传基础的差异,遗传丰度越大,遗传基础越广泛^[6]。其计算方法为:设某组合含有 n 个品种的血缘,各血缘品种在组合中的遗传组成成分分别是 a₁、a₂、……a_n,则按下式求出 D. G. V. 的值。

$$D. G. V. = n^2 / \sum_{i=1}^n a_i^2$$

2 结果与分析

2.1 不同遗传背景大豆杂交 F₂代脂肪含量比较

由表 2 可知,脂肪含量双高组合 C1、C2 的 F₂代脂肪含量显著高于 C3、C5 和 C6;C4 组合双亲中存在 1 个极高亲本,其 F₂代脂肪含量显著高于 C3、C5 和 C6;脂肪含量双低的 C5 组合的 F₂代脂肪含量显著低于其它组合。总体趋势是高脂肪 × 高脂肪 > 高脂肪 × 低脂肪 > 低脂肪 × 低脂肪。

表 2 各个组合亲本及其 F₂代脂肪含量的平均表现

Table 2 Means of fat content in parents and F₂ generation of each cross (%)

类型	组合	母本	父本	中亲值	双亲差值	F ₂ 均值
Type	Cross	Female(♀)	Male(♂)	(♀ + ♂)/2	♀ - ♂	F ₂ mean values
H × H	C1	21.76	21.92	21.84	0.16	21.57a
	C2	21.72	21.58	21.65	0.14	21.64a
H × L	C3	21.63	20.00	20.81	1.63	20.91b
	C4	22.45	20.93	21.69	1.51	21.61a
L × L	C5	20.88	20.33	20.60	0.54	20.73c
	C6	20.86	20.87	20.87	0.01	20.91b

同列数值后不同小写字母表示在 0.05 水平的显著差异。

F₂ mean values of different crosses followed by different lowercase letters are significantly different at 0.05 probability level.

相关分析表明,F₂代脂肪含量与母本($r = 0.800$)和父本($r = 0.802$)均呈不显著正相关;F₂代脂肪含量与双亲差值($r = -0.069$)呈不显著负相关,与中亲值($r = 0.985^{**}$)呈极显著正相关,因此

用双亲中亲值来预测杂交组合 F₂代的平均值更加准确。

采用 t 测验对 6 个组合 F₂代平均值与中亲值进行差异性检验,结果表明除 C2($t = -0.46$, Sig. =

0.645)和C6($t = 2.06$, Sig. = 0.410)组合F₂代脂肪平均值与中亲值差异不显著,C1、C3、C4和C5组合F₂代脂肪含量均与中亲值差异显著或极显著。在无选择条件下,基因作用方式仅有加性效应时,杂交后代平均值与中亲值相等。由此说明C2和C6组合大豆脂肪含量的遗传效应以加性效应为主,C1、C3、C4和C5组合大豆脂肪含量的遗传除了加性效应可能存在部分显性效应。

2.2 不同遗传背景大豆杂交F₂代脂肪含量变异

大豆不同杂交组合F₂代脂肪含量分离变异广泛(19.11%~23.30%),变异系数最大的C6达到2.09%,最小的C1为1.42%,各组合平均变异系数

为1.82%。

杂种群体的变异幅度和变异系数与杂交组合的遗传丰度和双亲脂肪含量差异密切相关,通过6个组合之间对比,反映出2种趋势:一是在组合间遗传丰度相近的情况下,变异幅度和变异系数随着双亲脂肪含量差值的增大而增大,即C3>C5>C1;二是在组合间遗传丰度差异较大时,变异幅度和变异系数随着遗传丰度的增大而增大,即双亲差值小、遗传丰度大的C6和C2杂种群体变异大于双亲差值大、遗传丰度小的C4。由此可见,在影响后代脂肪含量变异的因素中,遗传丰度可能比双亲脂肪含量差值更重要。

表3 不同组合F₂代脂肪含量变异

Table 3 Variation of the fat content in F₂ generation of different crosses

类型 Type	组合 Cross	双亲差值 ♀-♂ / %	遗传丰度 D. G. V.	变异幅度(差值) Variation range(Difference) / %	变异系数 CV / %
H × H	C1	0.16	824	20.92 ~ 22.50(1.58)	1.42
H × L	C3	1.63	857	19.46 ~ 21.93(2.47)	2.00
L × L	C5	0.54	721	19.22 ~ 21.47(2.25)	1.98
H × H	C2	0.14	602	20.72 ~ 23.30(2.58)	1.78
H × L	C4	1.51	360	20.40 ~ 22.42(2.02)	1.64
L × L	C6	0.01	1645	19.11 ~ 21.93(2.81)	2.09

2.3 不同遗传背景大豆杂交F₂代脂肪含量超亲分离

如图1所示,C3和C4的总超亲率、正向和负向超亲率均低于其它组合;C1和C2的正向超亲率小于C5和C6,负向超亲率大于C5和C6。综合分析表明,双亲脂肪含量差异小,F₂代脂肪含量超亲比例大;双亲脂肪含量差异大,F₂代脂肪含量主要介于双亲之间,超亲率低。

经过F₂代脂肪含量分布的偏度检验可知,高脂肪×高脂肪类型组合C1和C2的F₂代脂肪含量呈正偏态分布(图2A),在大于平均值一侧存在拖尾,说明该类型组合内存在脂肪含量超高个体;低脂肪×低脂肪类型组合C5和C6的F₂代脂肪含量呈负偏态分布(图2B),在小于平均值一侧存在拖尾,说明该类型组合内存在脂肪含量极低个体;高脂肪×低脂肪类型组合C3和C4的F₂代脂肪含量分别呈负偏态和正偏态分布(图2C),说明该类型组合内均有可能存在脂肪含量极低值或极高值个体。

2.4 大豆脂肪含量与蛋白质含量及主要农艺性状相关分析

对亲本和F₂代脂肪含量与主要农艺性状的相关分析表明,脂肪含量与蛋白质含量($r = -0.726^{**}$)、百粒重($r = -0.146^{**}$)和底荚高($r = -0.095^{**}$)呈极显著负相关,与单株粒数

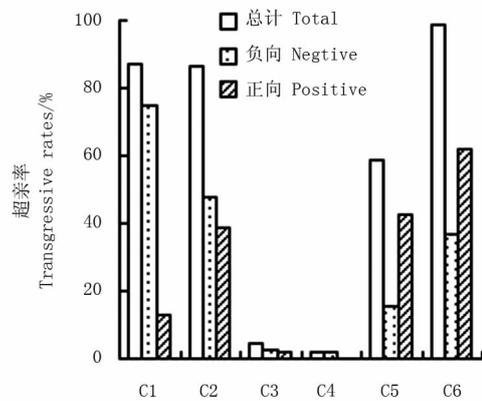
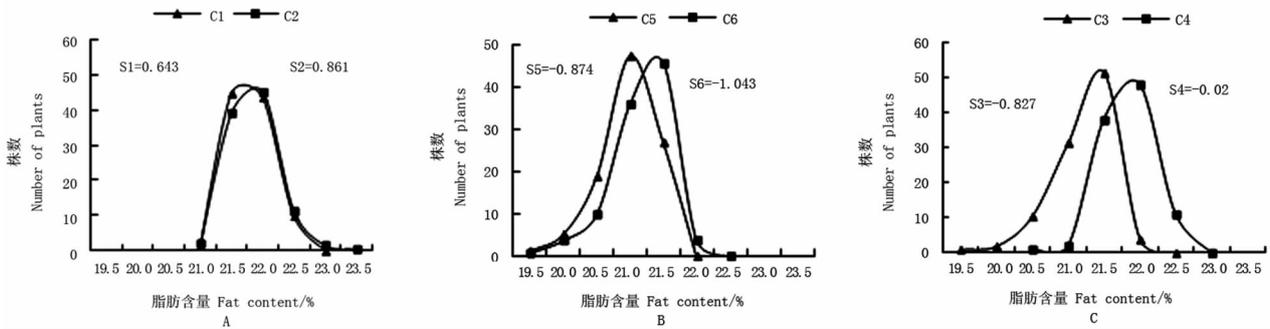


图1 F₂代脂肪含量超亲分离

Fig. 1 Transgressive segregation of fat content in F₂

图2 不同杂交组合的 F₂代脂肪含量正态分布Fig. 2 The normal distribution of fat content in F₂ of different crosses

($r=0.086^{**}$)和株高($r=0.155^{**}$)呈极显著正相关,与单株粒重($r=0.026$)和分枝数($r=0.026$)呈不显著正相关,与主茎节数($r=-0.043$)呈不显著负相关。因此,在大豆高脂肪育种中蛋白质含量、百粒重、单株粒数、株高和底荚高度可以作为间接选择的依据。

3 讨论

选配优良的杂交组合是大豆高脂肪育种的关键,通过研究亲本与杂交后各世代脂肪含量间的关系,可以在配置杂交组合的同时预测其后代的平均表现。宋启建等^[1]研究表明,双亲脂肪含量高的杂交组合,后代的脂肪含量高;双亲中存在一个脂肪含量高的亲本,其后代的脂肪含量也较高;后代脂肪含量与中亲值的相关性均大于与父本或母本的相关性,在决定选择亲本或者预测组合表现时,以中亲值较好。这与该试验的研究结果一致,即选用中亲值最高的高脂肪×高脂肪类型组合有利于提高 F₂代脂肪含量水平。

不同亲缘的亲本,由于具有不同的遗传基础,通过性状内基因位点重组,可以积累更多的增效基因和得到更多重组后的增效位点及上位效应,因此杂交后代分离广泛、变异丰富,易于选出超亲个体。孟凡刚等^[2]研究表明, F₂代脂肪含量的变异大小与双亲脂肪含量的差异有关,双亲的差异越大, F₂代脂肪含量的变异程度也越大。彭玉华等^[6]研究表明遗传丰度大的组合 F₂代蛋白质含量变异广泛,类型丰富。该试验研究结果表明,遗传丰度同样可作为预测大豆杂交后代脂肪含量变异丰富程度的指标,即遗传丰度大的组合 F₂代变异较大。说明双亲遗传背景差异大,后代脂肪含量的变异就大。由于

脂肪含量早期世代遗传力较高,适合早期世代选择^[3,4,7],因此,选配遗传背景差异大的亲本,拓宽 F₂代变异类型,可以为优良单株的选择奠定基础。

杂交育种的指导思想之一是超亲育种,但关于大豆脂肪含量是否存在超亲遗传存在争议。大豆脂肪含量属于数量性状,极易受环境的影响,亲本品种或纯系也会发生一定的分离,运用双亲分离的幅度来衡量 F₂分离是否超亲,则大豆脂肪含量超亲较少,而用亲本平均值与 F₂代单株相比,则存在广泛超亲^[3]。该试验从亲本脂肪含量平均值的角度研究不同类型组合间总体的超亲趋势,结果表明, F₂代脂肪含量存在超亲遗传且超亲率随着双亲差值的减少而增大,这与宋启建等^[5]研究结果类似。邱丽娟等^[8]认为,在不进行定向选择的情况下,大豆蛋白质含量超高亲率随着世代的增加而降低,一些高蛋白优良个体可能丢失。由于高脂肪×高脂肪类型组合 F₂群体内脂肪含量极高值个体的存在,对高脂肪单株的选择是必要的。

关于大豆脂肪含量与其它性状间的相关性研究结果,与前人结果^[9-10]略有差异,主要原因在于所选用材料的遗传背景不同或者受性状的分离变异大小和显性效应的影响。这也说明了大豆脂肪含量与其它性状间的关系是极其复杂的,因此在实际育种过程中,不仅要考虑脂肪含量,也要兼顾蛋白质等其它品质性状和丰产性状。

参考文献

- [1] 宋启建,盖钧镒,马育华.大豆品种蛋白质、油份含量的遗传特点[J].中国农业科学,1989,22(6):24-29. (Song Q J, Gai J Y, Ma Y H. A study on genetic property of protein and oil content in soybean[J]. Scientia Agricultura Sinica, 1989, 22(6): 24-29.)

- [2] 孟凡钢,富健,王新风,等.大豆高脂肪组合初世代脂肪含量相关性研究 I -F₂代高脂肪组合脂肪含量遗传与亲本相关性初探[J].大豆科学,2007,26(1):756-759. (Meng F G, Fu J, Wang X F, et al. Study on the heredity and parental correlation of the oil content of the beginning with the generation at high-oil content soybean I -Heredity and parental correlation of the oil content of F₂ generation[J]. Soybean Science, 2007, 26(1): 756-759.)
- [3] 王大秋,陈恒鹤.大豆蛋白质和脂肪含量选择效果研究[J].大豆科学,1998,17(1):72-78. (Wang D Q, Chen H H. Studies on selection effect of protein and oil content in soybeans[J]. Soybean Science, 1998, 17(1): 72-78.)
- [4] 陈恒鹤,尹丽华,王大秋,等.大豆蛋白质及脂肪含量的遗传和选择效果研究[J].大豆科学,1991,10(1):1-9. (Chen H H, Yin L H, Wang D Q, et al. Studies on inheritance and selection effect of protein and oil content in soybeans[J]. Soybean Science, 1991, 10(1): 1-9.)
- [5] 宋启建,盖钧镒,马育华.大豆品种蛋白质、油分含量在杂种后代的优势表现及分离变异[J].作物学报,1994,20(5):542-547. (Song Q J, Gai J Y, Ma Y H. Studies on heterosis and genetic variability of protein content and oil content in soybean[J]. Acta Agronomica Sinica, 1994, 20(5): 542-547.)
- [6] 彭玉华,邱丽娟,高凤兰,等.大豆不同组合 F₂代蛋白质含量的遗传变异分析[J].东北农学院学报,1988,19(4):348-353. (Peng Y H, Qiu L J, Gao F L, et al. Genetic study on soybean protein content[J]. Journal of Northeast Agricultural College, 1988, 19(4): 348-353.)
- [7] 刘显华.大豆杂种第二代种子蛋白质、脂肪及其组分的配合力与遗传力分析[J].作物学报,1988,14(4):303-309. (Liu X H. Analysis of the combining ability and heritability of protein, oil and their components in F₂ of soybean[J]. Acta Agronomica Sinica, 1988, 14(4): 303-309.)
- [8] 邱丽娟,王金陵,杨庆凯.大豆高蛋白育种的亲本选配和后代选择的研究[J].大豆科学,1990,9(4):271-276. (Qiu L J, Wang J L, Yang Q G. Studies on selection of parents and early generations of high-protein breeding in soybean[J]. Soybean Science, 1990, 9(4): 271-276.)
- [9] 彭宝,徐月玲,赵丽梅,等.关于大豆高油育种问题的探讨[J].大豆通报,2005(3):12-13. (Peng B, Xu Y L, Zhao L M, et al. Investigation about breeding problem of high oil soybean[J]. Soybean Bulletin, 2005(3): 12-13.)
- [10] 傅艳华.大豆蛋白质脂肪含量与其它农艺性状关系的遗传研究[J].吉林农业大学学报,1988,10(2):59-60. (Fu Y H. Genetic research for relation between protein, oil content and other agronomic characters[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jilinen-sis, 1988, 10(2): 59-60.)

(上接第 915 页)

- [7] 张俊英,许永利,赵同科,等.氮胁迫下高效玉米基因型的筛选研究[J].安徽农业科学,2007,35(22):6713-6715. (Zhang J Y, Xu Y L, Zhao T K, et al. Study on screening maize genotypes with high N efficiency under N stress[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2007, 35(22): 6713-6715.)
- [8] 裴雪霞,王姣爱,党建友,等.耐低氮小麦基因型筛选指标的研究[J].小麦研究,2007,28(2):1-6. (Pei X X, Wang J A, Dang J Y, et al. An approach to the screening index for low nitrogen tolerant wheat genotype[J]. Plant Nutrition and Fertilizer Science, 2007, 28(2): 1-6.)
- [9] 洪娟.油菜氮高效种质的筛选及其生理机制的初步研究[D].武汉:华中农业大学,2007. (Hong J. Screening of nitrogen efficient germplasms and preliminary study on its physiological mechanism in rapeseed [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2007.)
- [10] 汪自强,王美娥.春大豆氮利用效率的基因型变异和性状间的相关研究[J].生物数学学报,2002,17(2):221-228. (Wang Z Q, Wang M E. Study on genotypic variation in nitrogen utilization efficiency and correlation among traits of spring soybean [J]. 2002, 17(2): 221-228.)
- [11] Singh U, Ladha J K, Castillo E G, et al. Genotypic variation in nitrogen use efficiency in medium and long-duration rice[J]. Field Crops Research, 1998, 58: 35-53.
- [12] Gouis J L, Beghinc D, Heumez E, et al. Genetic difference for nitrogen uptake and nitrogen utilization efficiencies in winter wheat [J]. European Journal of Agronomy, 2000, 12: 163-173.
- [13] Sinebo W, Gretzmacher R, Edelbauer A. Genotypic variation for nitrogen use efficiency in Ethiopian barley [J]. Field Crops Research, 2004, 85: 43-60.
- [14] 汤继华,谢惠玲,黄绍敏,等.缺氮条件下玉米自交系叶绿素含量与光合效率的变化[J].华北农学报,2005,20(5):10-12. (Tang J H, Xie H L, Huang S M, et al. The changes of the content for chlorophyll and photosynthetic productivity in maize inbred lines under the low-nitrogen stress[J]. Acta Agriculturae Borealisinica, 2005, 20(5): 10-12.)
- [15] 黄农荣,钟旭华,郑海波.水稻氮高效基因型及其评价指标的筛选[J].中国农学通报,2006,22(6):29-34. (Huang N R, Zhong X H, Zheng H B. Selection of rice genotypes with high nitrogen utilization efficiency and its evaluation indices[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2006, 22(6): 29-34.)
- [16] 刁锐琦,钱晓刚.利用水培筛选玉米氮高效种质资源的研究[J].种子,2008,27(4):28-30. (Diao R Q, Qian X G. Studies on high nitrogen use efficiency maize resources in hydroponic [J]. Seed, 2008, 27(4): 28-30.)
- [17] 陈志伟,何婷,陆瑞菊,等.不同基因型大麦苗期对低氮胁迫的生物学响应[J].上海农业学报,2010,26(1):28-32. (Chen Z W, He T, Lu R J, et al. Biological responses of different-genotype barleys to low nitrogen stress at seedling stage[J]. Acta Agriculturae Shanghai, 2010, 26(1): 28-32.)