

不同遗传背景下大豆百粒重的遗传模型分析

刘 阳, [王 艳], 战宇航, 赵 月, 杜 雪, 韩英鹏, 赵 雪, 李文滨

(东北农业大学 大豆研究所/大豆生物学教育部重点实验室/农业部东北大豆生物学与遗传育种重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150030)

摘 要:以 1 个共同亲本(合丰 25)衍生的 3 个重组自交系(合丰 25 × Bayfield 杂交衍生的 144 个 F_{2:12}, 合丰 25 × Conrad 杂交衍生的 140 个 F_{2:11}, 合丰 25 × Mapple Arrow 杂交衍生的 117 个 F_{2:12})为研究材料,利用主基因 + 多基因遗传体系对这 3 个群体在 2013 年哈尔滨环境条件下的百粒重遗传模型进行分析。结果表明:合丰 25 × Conrad 群体后代大豆百粒重遗传呈现 2 对主基因 + 多基因遗传模型,合丰 25 × Mapple Arrow 群体后代大豆百粒重遗传呈现主基因 + 加性多基因的遗传模型,合丰 25 × Bayfield 杂交群体后代大豆百粒重遗传呈现 2 对主基因 + 多基因遗传模型,表明有相似的遗传背景的重组自交系群体在相同环境条件下,具有类似的遗传模型,为大豆高产育种提供了有益的参考。
关键词:大豆籽粒重;多遗传背景;遗传模型
中图分类号:S565.1 **文献标识码:**A **DOI:**10.11861/j.issn.1000-9841.2016.02.0193

Genetic Model Analysis of Soybean 100-seed Weight Across Different Genetic Backgrounds

LIU Yang, [WANG Yan], ZHAN Yu-hang, ZHAO Yue, DU Xue, HAN Ying-peng, ZHAO Xue, LI Wen-bin
(Agronomy College of Northeast Agricultural University / Key Laboratory of Soybean Biology in Chinese Ministry of Education / Key Laboratory of Soybean Biology and Breeding / Genetics of Chinese Agricultural Ministry, Harbin 150030, China)

Abstract: This study analyzed the genetic model of soybean 100-seed weight across different genetic backgrounds, aims to provide an useful reference for understanding inheritance of soybean 100-seed weight and assist high-yield soybean breeding. In this study, a total of 3 recombinant inbred populations (140 F_{2:12} recombinant inbred lines from the cross of ‘Hefeng 25’ and ‘Conrad’, 117 F_{2:11} recombinant inbred lines from the cross of ‘Hefeng 25’ and ‘Maple Arrow’, and 144 F_{2:12} recombinant inbred lines from the cross of ‘Hefeng 25’ and ‘Bayfield’, respectively.), derived from a common parent (‘Hefeng 25’), were used as materials. The major gene and polygene genetic system were used to analyze the genetic model of seed weight in those 3 populations in 2013 Harbin environment. 100-seed weight of the population (‘Hefeng 25’ × ‘Conrad’) was controlled by two major genes and polygenes, 100-seed weight of the population (‘Hefeng 25’ × ‘Maple Arrow’) was controlled by major genes and additive polygenes, while 100-seed weight of the population (‘Hefeng 25’ × ‘Bayfield’) was controlled by two major genes and polygenes. These results showed that populations that had similar genetic backgrounds in same environment could display similar genetic models, which could be useful for further understanding the genetic law.
Keywords: Soybean seed weight; Different genetic background; Genetic model

大豆籽粒重是大豆产量性状的重要构成因子,是选育高产大豆品种的重要目标。然而大豆籽粒重受多基因控制,表现为数量性状遗传^[1]且以加性效应为主,在群体遗传变异中占主导地位^[2,4]。大豆籽粒重受不同遗传背景的影响,在年际间波动较大,是高产大豆育种进展缓慢的主要原因之一,因此深入分析大豆籽粒重的遗传规律具有重要意义。盖钧镒等^[5]提出了研究植物数量性状遗传体系的主基因 + 多基因混合遗传分离分析法,采用这套分离分析方法解决了水稻、大豆、油菜、玉米等作物重要数量性状的遗传分析问题,改进了遗传分析

的效果,提取了新的遗传信息。詹秋文等^[6-7]和吴业春^[8]利用该方法分析了大豆对食叶性害虫的田间综合虫种抗性以及对斜纹夜蛾单一虫种植株抗性,发现其均表现为一对或两对主基因 + 多基因的遗传。罗庆云等^[9]利用该方法发现栽培大豆耐盐性的遗传规律为加性 - 显性 - 上位性多基因遗传模式。郑文静等^[10]发现水稻条纹叶枯病的抗性遗传由 3 对主基因 + 多基因控制,为加性主基因 + 加性 - 显性多基因模型。

为了明确大豆籽粒重的遗传规律,本研究利用主基因 + 多基因遗传体系,对 3 个具有同一亲本的

收稿日期:2015-06-17
基金项目:国家重点基础研究发展计划“973 计划”前期项目(2012CB126311);国家自然科学基金(31201227,31301339);国家“十二五”科技支撑计划(2011BAD35B06-1);现代农业产业技术体系(CARS-04-PS04);中国博士后项目(20110491024);黑龙江省博士后项目(LBH11220, LBH-TZ1210);黑龙江省教育厅青年学术骨干项目(1252G014);黑龙江省教育厅新世纪优秀人才项目(1253-NCET-005);教育部博士点项目(20122325120012);东北农业大学博士后启动金项目(2012RCB11)。
第一作者简介:刘阳(1990-),女,硕士,主要从事大豆分子标记研究。E-mail:liuyang19900822@163.com。
通讯作者:李文滨(1958-),男,教授,博导,主要从事大豆遗传育种研究和分子生物技术。E-mail:wenbinli@neau.edu.cn。

重组自交系群体 (RILs) 在成熟期的百粒重遗传模型进行了分析,旨在为理解大豆百粒重的遗传规律并为大豆高产育种提供有益参考。

1 材料与方法

1.1 材料

合丰 25 与 Bayfield 杂交衍生的 144 个 F_{2:12} 代重组自交系,合丰 25 与 Conrad 杂交衍生的 140 个 F_{2:11} 代重组自交系,合丰 25 与 Mapple Arrow 杂交衍生的 117 个 F_{2:12} 代重组自交系。其中 Bayfield 为加拿大高维生素 E 含量品种^[11],Conrad 为北美高抗大豆疫根腐病品种^[12],Mapple Arrow 为加拿大引进的抗菌核病品种^[13]。

1.2 方法

2013 年分别将上述亲本及重组自交系群体种植于东北农业大学香坊实验实习基地,行长 3 m,行距 0.6 m,株距 0.05 m。随机区组设计,3 次重复,精量点播,采用常规田间管理。待材料成熟后,晾干至大豆籽粒恒重后,测量百粒重。

1.3 数据分析

首先,根据研究的世代群体类型分析世代遗传数据,建立各类不同遗传模型的混合分布函数,函数包有各个成分分布的参数(如分布的频率、平均

值、方差等),并建立模型对数极大似然函数。其次,根据 RIL 群体及其世代的观察次数分布,通过 EICM 算法从各模型对数极大似然函中计算出各成分分布的参数以及相应的似然函数值。第三,由极大函数值计算出相应的 AIC 值。最后,根据 AIC 准则(AIC 值最小的模型为相对最适模型),似然比检验(检验模型间的差异性)以及一组适合性检验,从各种候选模型中选出最佳最适模型及其相应的一组成分分布参数^[5]。

2 结果与分析

2.1 不同遗传背景下的大豆百粒重遗传分析

3 个群体及其亲本百粒重的表现型值(表 1)显示,3 个重组自交系的百粒重在亲本间均存在差异,高值亲本(合丰 25)与低值亲本(Conrad、Maple Arrow、Bayfield)之间的差异显著。而且不同遗传背景下重组自交系的百粒重平均值均不同,均存在百粒重超亲的家系,说明本研究所采用的 3 个 RIL 群体的表现型值变异较大。

为明确 RILs 中大豆百粒重的频次分布是否符合正态分布,需要检验分布的偏度和峰值。本研究中大豆百粒重的偏度和丰度值显示,3 个不同群体的百粒重均接近正态分布,适合进行遗传模型分析。

表 1 成熟时期 3 个 RIL 群体的父母本及家系百粒重的遗传参数统计

Table 1 Statistical analysis of 100-seed weight of family and parents of three RILs at maturity time

亲本 Parent		重组自交系 Recombinant inbred line				
母本 Female	父本 Male	范围 Range /g	平均数 Mean /g	变异度 Coefficient of variation/%	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
合丰 25 Hefeng 25 (20.75)	Conrad (17.04)	11.24 ~ 23.92	18.74	54.39	-1.29	0.78
合丰 25 Hefeng 25 (20.75)	Maple Arrow (18.49)	14.67 ~ 22.58	17.89	38.97	1.03	0.94
合丰 25 Hefeng 25 (20.75)	Bayfield (15.47)	11.78 ~ 22.28	18.20	57.30	0.76	0.95

表中括号内数据为亲本的百粒重。
Values followed the parents were their 100-seed weight data.

2.2 三个 RIL 群体的大豆百粒重遗传模型分析

按照盖钧镒等^[5]提出的有关主基因 + 多基因混合遗传模型单个世代数量性状分离分析的方法,计算了 53 种假设遗传模型的最大似然函数值和 AIC 值,并选择大豆百粒重中的各个组分的最优最适遗传模型,具体分析如下:

2.2.1 合丰 25 × Bayfield 群体大豆百粒重遗传模型分析 通过分析主效基因 AIC 值(表 2),发现模

型 B-1-8、E-2-1、E-2-6 和 G-2 的 AIC 值相对其它模型较低,且 4 个模型间 AIC 值与极大似然数值的差异不大。
依据统计量 U1、U2、U3 的均匀性检验,W 的 Smirnov 检验以及 D 的 Kolomogorov 检验对分布进行适合性检验(表 3),发现模型 E-2-6 检验达显著水平,所以这个模型可作为此群体百粒重的遗传最适模型。

表 2 合丰 25 × Baybfield 群体大豆百粒重主效基因 AIC 值分析

Table 2 AIC value analysis of main gene of 100-seed weight of soybean of RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Bayfield

遗传模型	极大似然数	AIC	遗传模型	极大似然数	AIC
Model	Maximum log likelihood values		Model	Maximum log likelihood values	
B-1-8	−466.087	938.1743	F-2	−467.096	944.1926
E-2-1	−461.634	939.2673	G-1	−461.691	945.3823
E-2-0	−460.735	939.4695	G-0	−460.750	945.4997
B-2-8	−465.796	939.5921	E-1-9	−469.572	949.1439
B-2-7	−465.796	939.5922	C-0	−469.717	949.4332
B-1-4	−465.911	939.8224	F-4	−470.880	949.7609
B-1-6	−465.965	939.9306	F-1	−465.882	949.7635
E-1-8	−465.103	940.2066	E-2-9	−469.566	951.1311
E-1-7	−465.103	940.2067	F-3	−472.637	951.2739
E-1-6	−464.274	940.5477	D-0	−469.721	951.4422
B-2-6	−465.592	941.1848	G-3	−471.568	953.1360
B-2-4	−465.601	941.2022	A-1	−473.614	953.2287
E-1-0	−462.807	941.6149	C-1	−472.703	953.4063
E-2-8	−464.812	941.6248	B-1-3	−474.163	954.3264
E-2-7	−464.812	941.6249	B-1-5	−473.633	955.2664
E-1-4	−464.845	941.6899	E-1-3	−472.651	955.3027
E-1-5	−464.845	941.6901	D-1	−472.670	955.3401
B-1-1	−465.966	941.9330	B-2-3	−474.026	956.0513
E-2-4	−464.110	942.2206	B-1-2	−474.136	956.2718
E-2-5	−464.110	942.2208	B-2-5	−473.632	957.2643
B-1-7	−483.951	973.9016	G-4	−472.645	957.2909
B-1-9	−489.787	985.5749	E-2-3	−472.652	957.3034
B-2-9	−488.818	985.6361	E-1-2	−472.654	957.3085
G-2	−462.595	937.1898	E-1-1	−464.274	942.5477
E-2-6	−461.634	937.2675	B-2-1	−465.593	943.1854
A-0	−495.087	994.1749			

表 3 合丰 25 × Baybfield 群体模型的适合性测验

Table 3 Tests for goodness of models of RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Bayfield

性状	模型	世代	统计量 Statistic				
			U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW ²	Dn
百粒重 100-seed weight	G-2	P ₁	0.001(0.97183) ^a	0.513(0.47379) [*]	9.012(0.00268) [*]	0.544 [*]	0.357(0.32056) [*]
		P ₂	0.304(0.58150)	2.042(0.15302) [*]	12.824(0.00034) [*]	0.529 [*]	0.310(0.32056)
		RIL	0.533(0.46520) [*]	0.662(0.41577) [*]	0.182(0.66967)	0.094	0.058(0.11577)
	E-2-6	P ₁	0.306(0.57991)	1.598(0.20622) [*]	8.482(0.00359) [*]	0.570 [*]	0.319(0.32056)
		P ₂	0.046(0.83052)	1.013(0.31430) [*]	10.214(0.00139) [*]	0.451	0.315(0.32056)
		RIL	0.050(0.82245)	0.048(0.82707)	0.000(0.99618)	0.027	0.041(0.11577)
	B-1-8	P ₁	0.291(0.58953)	1.882(0.17007) [*]	11.549(0.00068) [*]	0.637 [*]	0.339(0.32056) [*]
		P ₂	0.147(0.70103)	0.006(0.93869)	3.221(0.07272) [*]	0.323	0.304(0.32056)
	E-2-1	P ₁	0.306(0.57992)	1.598(0.20623) [*]	8.482(0.00359) [*]	0.570 [*]	0.319(0.32056)
		P ₂	0.046(0.83051)	1.013(0.31429) [*]	10.215(0.00139) [*]	0.451	0.315(0.32056)

^a 适合性检验值,括号内为适合性检验的概率; ^{*} $P < 0.05$ 为差异显著。下同。

^a Values of model goodness tests, the value in bracket is the probability of the tests for goodness. ^{*} $P < 0.05$ means significant difference. The same below.

合丰 25 × Baybfield 这个组合根据 AIC 值和适合性测验分析发现,百粒重的遗传的最适模型为 E-2-6,即 2 对主基因 + 多基因遗传模型,是累加作用的主基因 + 加性多基因的遗传模型。百粒重在此最适遗传模型下,RIL 群体成分的均值为 6.27,9.64,16.88,权重为 0.11,0.77,0.12,成分分布方

差为 6.05(表 4)。
2.2.2 合丰 25 × Conrad 群体大豆百粒重遗传模型分析 通过分析主效基因 AIC 值(表 5),发现模型 E-2-0、F-1、F-2 和 G-0 的 AIC 值相对其它模型较低,且 4 个模型间 AIC 值与极大似然数值相的差异不大。

表 4 合丰 25 × Baybfield 群体模型主效基因遗传参数分析

Table 4 Genetic parameter analysis of main gene of RIL derived from a cross between Hefeng25 and Bayfield								
性状	模型	成分	平均数	权重	成分分布方差	平均值	加性效应值	互作值
Trait	Model	Content	Mean	Weight	Content Anova	Mean	Additived	Interactive
百粒重	E-2-6	1	6.273	0.111	6.048	10.609	-2.651	0.965
100-seed		2	9.644	0.767				
weight		3	16.877	0.121				

表 5 合丰 25 × Conrad 群体大豆百粒重主效基因 AIC 值分析

Table 5 AIC value analysis of main gene of 100-seed weight of soybean of RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Conrad

遗传模型	极大似然数	AIC	遗传模型	极大似然数	AIC
Model	Maximum log likelihood values		Model	Maximum log likelihood values	
F-2	-430.254791	870.509583	E-1-1	-445.053528	904.107056
E-2-0	-426.867676	871.735352	E-1-0	-445.145905	906.291809
F-1	-427.156799	872.313599	C-0	-450.598083	911.196167
G-0	-426.858459	877.716919	E-1-9	-450.668793	911.337585
B-2-2	-434.176147	878.352295	G-3	-451.150635	912.301270
G-1	-429.901733	881.803467	E-1-7	-451.464355	912.928711
E-2-5	-434.010986	882.021973	E-1-8	-451.464417	912.928833
E-2-4	-434.011017	882.022034	D-0	-450.601929	913.203857
E-2-1	-433.967224	883.934448	E-2-8	-450.607086	913.214172
B-1-1	-438.043579	886.087158	E-2-7	-450.607605	913.215210
B-2-6	-439.042145	888.084290	E-2-9	-450.677185	913.354370
B-1-9	-441.088806	888.177612	E-1-6	-450.684448	913.368896
B-1-5	-440.13559	888.271179	C-1	-453.410614	914.821228
E-2-6	-437.229248	888.458496	E-1-3	-453.380096	916.760193
B-2-5	-439.286896	888.573792	D-1	-453.391693	916.783386
B-2-1	-438.640533	889.281067	E-2-3	-453.276306	918.552612
B-2-9	-440.688965	889.377930	E-1-2	-453.295471	918.590942
E-1-5	-444.987091	901.974182	G-4	-453.37796	918.755920
G-2	-453.389130	918.778259	B-2-7	-462.111053	932.222107
E-2-2	-453.296173	920.592346	B-2-8	-462.116028	932.232056
F-4	-457.873322	923.746643	B-1-7	-463.661285	933.322571
B-1-2	-459.428070	926.856140	B-2-3	-462.838654	933.677307
B-1-6	-460.252899	928.505798	F-3	-463.867096	933.734192
B-1-8	-462.212616	930.425232	B-2-4	-470.091156	950.182312
A-1	-462.806854	931.613708	B-1-4	-471.199097	950.398193
B-1-3	-463.098816	932.197632	A-0	-475.661407	955.322815
E-1-4	-444.987396	901.974792			

依据统计量 U_1 、 U_2 、 U_3 的均匀性检验, W 的 Smirnov 检验以及 D 的 Kolomogorov 检验对分布进行适合性检验(表 6), 模型 E-2-0 检验达显著水平, 所以这个模型可作为此群体百粒重的遗传最适模型。

合丰 25 × Conrad 这个组合根据 AIC 值和适合

性测验, 百粒重的遗传的最适模型为 E-2-0, 即 2 对主基因 + 多基因遗传模型, 是加性 - 上位性的主基因 + 加性 - 上位性多基因的遗传模型。百粒重在此最适遗传模型下, RIL 群体成分的均值为 9.32, 16.94, 19.39, 23.90, 权重为 0.09, 0.44, 0.40, 0.08, 成分分布方差为 2.47(表 7)。

表 6 合丰 25 × Conrad 群体模型的适合性测验

Table 6 Tests for goodness of modelsof RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Conrad								
性状	模型	世代	统计量 Statistic					
Trait	Model	Generations	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn	
百粒重 100-seed weight	F-2	P_1	1.781(0.18199) *	7.620(0.00577) *	34.492(0.00000) *	1.191 *	0.508(0.32056) *	
		P_2	0.219(0.63985) ^a	2.006(0.15664) *	14.850(0.00012) *	0.747 *	0.367(0.32056) *	
		RIL	5.963(0.01461) *	2.229(0.13548) *	12.151(0.00049) *	1.012 *	0.198(0.11662) *	
	E-2-0	P_1	1.294(0.25525) *	5.969(0.01456) *	28.793(0.00000) *	1.085 *	0.486(0.32056) *	
		P_2	0.001(0.96977)	0.906(0.34116) *	15.636(0.00008) *	0.741 *	0.402(0.32056) *	
		RIL	0.426(0.51414)	0.356(0.55098)	0.020(0.88739)	0.110	0.073(0.11662)	
	F-1	P_1	0.994(0.31883) *	4.675(0.03060) *	22.924(0.00000) *	0.988 *	0.468(0.32056) *	
		P_2	0.039(0.84429)	1.446(0.22916) *	16.397(0.00005) *	0.775 *	0.392(0.32056) *	
		RIL	0.331(0.56518)	0.179(0.67185)	0.284(0.59391)	0.097	0.067(0.11662)	
	G-0	P_1	1.059(0.30354) *	4.954(0.02603) *	24.190(0.00000) *	1.009 *	0.472(0.32056) *	
		P_2	0.000(0.98299)	1.062(0.30273) *	16.320(0.00005) *	0.765 *	0.403(0.32056) *	
		RIL	0.188(0.66484)	0.050(0.82231)	0.608(0.43560) *	0.089	0.064(0.11662)	

表 7 合丰 25 × Conrad 群体模型主效基因遗传参数分析

Table 7 Genetic parameter analysis of main gene of RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Conrad								
性状	模型	成分	平均数	权重	成分分布方差	平均值	加性效应值	互作值
Trait	Model	Content	Mean	Weight	Content Anova	Mean	Additived	Interactive
百粒重	E-2-0	1	9.316	0.086	2.465	17.387	-4.259	-3.034
100-seed		2	16.94	0.435				
Weight		3	19.39	0.403				
		4	23.903	0.075				

2.2.3 合丰 25 × Maple Arrow 群体大豆百粒重遗传模型分析 通过分析主效基因 AIC 值(表 8), 发现模型 B-2-2、E-2-0、E-2-1 和 E-2-5 的 AIC 值相对

其它模型较低, 且 4 个模型间 AIC 值与极大似然数值差异不大。

表 8 合丰 25 × Maple Arrow 群体大豆百粒重主效基因 AIC 值分析

Table 8 AIC value analysis of main gene of 100-seed weight of soybean of RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Maple Arrow					
遗传模型	极大似然数	AIC	遗传模型	极大似然数	AIC
Model	Maximum log likelihood values		Model	Maximum log likelihood values	
E-2-5	-547.777283	1109.554565	E-1-4	-554.571716	1121.143433
E-2-1	-547.953552	1111.907104	E-2-8	-554.571716	1121.143433
B-2-2	-551.117065	1112.234131	E-2-7	-554.573730	1121.147461
E-2-0	-547.624878	1113.249756	G-2	-554.596497	1121.192993
C-1	-554.605103	1117.210205	E-2-3	-554.608887	1121.217773
E-1-5	-552.749451	1117.498901	E-1-2	-554.608948	1121.217896

续表 8

遗传模型	极大似然数	AIC	遗传模型	极大似然数	AIC
Model	Maximum log likelihood values		Model	Maximum log likelihood values	
B-2-9	-555.142334	1118.284668	G-4	-554.609558	1121.219116
E-1-0	-551.166016	1118.332031	E-1-6	-554.634888	1121.269775
F-1	-550.390686	1118.781372	E-2-4	-554.572388	1123.144775
C-0	-554.564636	1119.129272	E-2-2	-554.608215	1123.216431
E-1-9	-554.564819	1119.129639	E-2-6	-554.629883	1123.259766
G-3	-554.569031	1119.138062	E-1-1	-554.635010	1123.270020
E-1-8	-554.569397	1119.138794	B-1-9	-558.707214	1123.414429
E-1-7	-554.569458	1119.138916	F-4	-558.776001	1125.552002
D-1	-554.607849	1119.215698	G-1	-553.020386	1128.040771
E-1-3	-554.608948	1119.217896	B-1-2	-560.370483	1128.740967
G-0	-548.262573	1120.525146	B-1-7	-561.607422	1129.214844
B-1-3	-562.396057	1130.792114	B-2-5	-561.412476	1132.824951
B-2-7	-561.411987	1130.823975	B-2-6	-561.414307	1132.828613
B-2-8	-561.412109	1130.824219	B-1-1	-561.585632	1133.171265
F-2	-560.564636	1131.129272	B-2-1	-561.414246	1134.828491
B-1-6	-561.585632	1131.171265	B-1-4	-565.392700	1138.785400
B-1-5	-561.596741	1131.193481	B-2-4	-565.105042	1140.210083
F-3	-562.598877	1131.197754	A-0	-578.093872	1160.187744
B-2-3	-561.919006	1131.838013	D-0	-554.567688	1121.135376
B-1-8	-563.155579	1132.311157	A-1	-561.892151	1129.784302
E-2-9	-554.564819	1121.129639			

依据统计量 U_1 、 U_2 、 U_3 的均匀性检验, W 的 Smirnov 检验以及 D 的 Kolomogorov 检验对分布进行适合性检验(表 9), 模型 E-2-5 检验达显著水平, 所以这个模型可作为此群体百粒重的遗传最适模型。

表 9 合丰 25 × Maple Arrow 群体模型的适合性测验
Table 9 Tests for goodness of models of RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Maple Arrow

性状 Trait	模型 Model	世代 Generations	统计量 Statistic				
			U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
百粒重 100-seed weight	E-2-5	P_1	0.050(0.82302) ^a	0.390(0.53246)	2.659(0.10294) [*]	0.265	0.263(0.32056)
		P_2	0.234(0.62839)	0.291(0.58941)	0.081(0.77621)	0.283	0.285(0.32056)
		RIL	0.407(0.52365)	0.347(0.55587)	0.013(0.90928)	0.103	0.080(0.12116)
	E-2-1	P_1	0.000(0.98616)	0.182(0.66925)	2.695(0.10068) [*]	0.263	0.254(0.32056)
		P_2	0.061(0.80449)	0.081(0.77609)	0.032(0.85799)	0.258	0.264(0.32056)
		RIL	0.024(0.87587)	0.026(0.87300)	0.001(0.97254)	0.075	0.070(0.12116)
	B-2-2	P_1	0.528(0.46764) [*]	0.507(0.47643) [*]	0.001(0.97198)	0.241	0.247(0.32056)
		P_2	1.206(0.27217) [*]	0.675(0.41141) [*]	0.935(0.33345) [*]	0.372	0.327(0.32056) [*]
		RIL	0.124(0.72429)	0.027(0.86856)	0.496(0.48133) [*]	0.097	0.073(0.12116)
	E-2-0	P_1	0.001(0.98206)	0.186(0.66595)	2.689(0.10105) [*]	0.263	0.254(0.32056)
		P_2	0.064(0.80001)	0.084(0.77158)	0.032(0.85710)	0.258	0.264(0.32056)
		RIL	0.070(0.79140)	0.058(0.81045)	0.004(0.94815)	0.057	0.062(0.12116)

合丰 25 × Maple Arrow 这个组合根据 AIC 值和适合性测验,百粒重的遗传的最适模型为 E-2-5,即 2 对主基因 + 多基因遗传模型,是隐性上位的主基因 + 加性多基因的遗传模型。百粒重在此最适遗传模型下, RIL 群体成分的均值为 14. 70, 36. 79, 13. 53, 权重为 0. 47, 0. 03, 0. 50, 成分分布方差为 41. 91 (表 10)。

表 10 合丰 25 × Maple Arrow 群体模型主效基因遗传参数分析

Table 10 Genetic parameter analysis of main gene of RIL derived from a cross between Hefeng 25 and Maple Arrow								
性状	模型	成分	平均数	权重	成分分布方差	平均值	加性效应值	互作值
Trait	Model	Content	Mean	Weight	Content Anova	Mean	Addited	Interactive
百粒重	E-2-0	1	14. 701	0. 468	41. 91	19. 636	6. 111	- 11. 046
100-seed		2	36. 793	0. 029				
weight		3	13. 525	0. 501				

3 结论与讨论

本研究发现有相似遗传背景的重组自交系群体在相同环境条件下具有类似的遗传模型,即合丰 25 × Baybfield 群体的百粒重遗传模型为 2 对主基因 + 多基因遗传,是累加作用的主基因 + 加性多基因的遗传模型;合丰 25 × Conrad 群体的百粒重遗传模型为 2 对主基因 + 多基因遗传,是加性 - 上位性的主基因 + 加性 - 上位性多基因的遗传模型;合丰 25 × Maple Arrow 群体的百粒重遗传模型为 2 对主基因 + 多基因遗传,是隐性上位的主基因 + 加性多基因的遗传模型,为明确大豆百粒重的遗传规律及高产大豆分子辅助育种提供了理论支持。

目前,数量性状的主基因 - 多基因混合遗传模型分析较多,而主基因 - 多基因混合遗传模型分离分析法应用较多^[14-16]。其中位艳丽^[17]利用 RIL 群体发现大豆百粒重性状符合 F-3 模型,即百粒重受 3 对加性主基因控制,蔡立楠^[18]发现大豆百粒重性状符合 D-2 模型,即受一对加性主基因 + 加性 - 显性多基因控制遗传。其原因可能是由于与本研究的遗传背景不同所致,或是由于多基因效应比较大,使微量的主基因效应掩盖,或是由于其在一种环境下表现为主基因,在另一种条件下可表现为微效多基因。此外,本研究利用 3 个不同遗传背景的 RIL 群体进行分析,大大增加了信息的获取量,有助于提高遗传模型分析的准确性^[19-21]。同时,采用 RIL 群体可以较方便准确地研究两个以上主基因的基因作用方式及效应大小(甚至包括两基因座位间的互作),与早期分离世代(F₂、B₁、B₂乃至 F₃群体)相比,RIL 群体中基因遗传效应不含显性效应,遗传参数较少,而且用于统计分析的数据为有重复的家系均值,减少了环境的影响,能够有效地代表其相应的基因型表达值^[22]。

参考文献

[1] 王连铮,王金陵. 大豆遗传育种学[M]. 北京:科学出版社, 1992;60-65. (Wang L Z, Wang J L. Soybean genetic breeding [M]. Beijing: Science Press, 1992;60 -65.)

[2] Brim C A, Cockerham C C. Inheritance of quantitative characters in soybeans[J]. Crop Science, 1961, 1: 187-190.

[3] Leffell R C, Weiss M G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybean[J]. Agronomy Journal, 1958, 50: 528-534.

[4] Johnson H W, Robison H F, Comstock R E. Estimates of genetic and environmental variability in soybean[J]. Agronomy Journal, 1955, 47:314-318.

[5] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社,2003: 120-126. (Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. Plant quantitative traits genetic system [M]. Beijing: Science Press,2003;120-126.)

[6] 詹秋文,盖钧镒,章元明,等. 大豆对食叶性害虫的抗性遗传[J]. 中国农业科学,2002,35(8):1016-1020. (Zhan Q W, Gai J Y, Zhang Y M, et al. Soybean resistance genetic of leaf-eating pests [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2002, 35(8): 1016-1020.)

[7] 詹秋文,盖钧镒,章元明,等. 大豆对斜纹夜蛾幼虫抗性遗传的发展表达过程[J]. 遗传学报,2001,28(10): 956-963. (Zhan Q W, Gai J Y, Zhang Y M, Sun Z D. The development of the resistance of soybean to the moth larvae genetic expression process[J]. Journal of Genetics and Genomics, 2001, 28(10): 956-963.)

[8] 吴业春. 大豆对食叶性害虫抗性的鉴定及对斜纹夜蛾抗生性的遗传研究[D]. 南京:南京农业大学,2003:52-57. (Wu Y C. Soybean of leaf-eating pests resistance identification and genetic research on the nature of the moth [D]. Nanjing : Nanjing Agricultural University, 2003: 52-57.)

[9] 罗庆云,於丙军,刘友良,等. 栽培大豆耐盐性的主基因 + 多基因混合遗传分析[J]. 大豆科学,2004,23(4): 239-244. (Luo Q Y, Yu B J, Liu Y L, et al. The cultivated soybean resistant to major gene and salt ofpolygene mixed genetic analysis[J]. Soybean Science, 2004,23(4): 239-244.)

[10] 郑文静,刘志恒,张燕之,等. 水稻恢复系 C161 对条纹叶枯病的抗性遗传及相关 QTL 定位研究[J]. 沈阳农业大学学报,

2010,41(1):3-7. (Zheng W J, Liu Z H, Zhang Y Z, et al. Study on the genetic resistance to stripe disease of department of C161 and related QTL location and recovery of rice[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2010,41(1):3-7.)

[11] 李海燕,大豆维生素 E 遗传图谱构建及 QTL 分析[J]. 大豆科学,2014,28(4):12-16. (Li H Y, Soybean vitamin E genetic mapping and QTL analysis of translation [J]. Soybean Science, 2014,28(4):12-16.)

[12] Fehr W R, Cianzio S R, Voss B K, et al. Registration of ‘Conrad’ soybean[J]. Crop Science, 1989, 29:830.

[13] 吕春梅. 大豆品种 Maple Arrow 耐菌核病生化机制[J]. 中国油料作报,2014,36(5):63-68. (Lyu C M, Biochenical resistance mechanism of soybean cultivar Maple Arrow to *Sclerotinia sclerotin-irum*[J]. Chinese Oil Crops News, 2014,36(5):63-68.)

[14] Li D, Pfeiffer T W, Cornelius P L. Soybean QTL for yield and yield components associated with *Glycine soja* alleles [J]. Crop Science, 2008, 48: 571-581.

[15] 刘华,王慧,李群,等. 大豆对斜纹夜蛾抗性的遗传分析及相关 QTL 的定位[J]. 中国农业科学,2005,38(7):1369-1372. (Liu H, Wang H, Li Q, et al. Positioning soybean cutworm resistance and related genetic analysis of QTL[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2005,38(7):1369-1372.)

[16] 刘莹. 大豆根区逆境耐性的鉴定和相关根系性状的遗传分析及 QTL 定位[D]. 南京:南京农业大学,2005:51-54. (Liu Y. Genetic analysis and identification of QTL mapping and related traits in soybean root root abiotic stress tolerance [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2005: 51-54.)

[17] 位艳丽. 大豆农艺和品质性状遗传模型分析与 QTL 定位 [D]. 河南:河南农业大学,2011:62-67. (Wei Y L. Localization of genetic analysis of Prodenia litura resistant soybean and related QTL [D]. Henan:Henan Agricultural University, 2011:62-67.)

[18] 蔡立楠. 大豆主要农艺性状和品质性状的主基因 + 多基因混合遗传分析[D]. 吉林:吉林农业大学,2012:45-48. (Cai L N. Studies on the major gene plus polygene interitance of principal agronomy traits and quality traits in soybean [D]. Jilin:Jilin Agricultural University, 2012:45-48.)

[19] 章元明,盖钧镒. 数量性状分离分析的精确度及其改善途径 [J]. 作物学报,2001,27(6):110-116. (Zhang Y M, Gai J Y. The accuracy of the separation and analysis of quantitative traits and improve route [J]. Acta Agronomica Sinica, 2001,27(6):110-116.)

[20] 罗庆云,於丙军,刘友良,等. 栽培大豆耐盐性主基因 + 多基因混合遗传分析[J]. 大豆科学,2004,23(4):239-244. (Luo Q Y, Yu B J, Liu Y L, et al. The cultivated soybean resistant to major gene and salt of polygene mixed genetic analysis [J]. Soybean Science, 2004,23(4):239-244.)

[21] 刘顺湖,周瑞宝,盖钧镒. 大豆蛋白质有关性状遗传的分离分析[J]. 作物学报,2009,35(11):1958-1966. (Liu S H, Zhou R B, Gai J Y, The separation of soybean protein on genetic analysis [J]. Acta Agronomica Sinica, 2009,35(11):1958-1966.)

[22] 杨加银,贺建波,管荣展,等. 大豆杂种产量的主-微位点组遗传分析[J]. 作物学报,2010,36(9):1468-1475. (Yang J Y, He J B, Guan R Z, et al. Soybean yield hybrid master - micro locus genetic analysis group [J]. Acta Agronomica Sinica, 2010,36(9):1468-1475.)

农业部:增加大豆产量 农产品将更好适应消费升级

调减玉米产量、增加大豆产量、提升牛奶质量,农产品将更好适应消费升级。

2016 年 3 月 7 日,在十二届全国人大四次会议的记者会上,农业部部长韩长赋、新闻发言人叶贞琴回答了中外记者提出的农业领域热点问题。

我国粮食生产“十二连增”,粮食库存位于历史高位,进口量增长,出现了“三量齐增”现象。韩长赋认为,粮食产量实现历史性连增,这说明我国口粮的保障能力提升。从中长期看,要始终绷紧粮食安全这根弦。他提到,“十三五”期间,我国面临三个明显增加。一是全面“二孩”政策放开,人口总量增加。二是城镇化快速推进,城镇人口增加。三是消费结构变化,消费水平提升。这三个增加,导致我国粮食需求仍是刚性增长,必须始终保持粮食稳定生产。

韩长赋说,粮食进口增加,主要是结构性需求和价格性竞争导致的结果。我国农业规模小、成本高、价格竞争力弱。未来,应发展适度规模经营,推广新的农业技术,降低粮食生产成本。“十三五”期间,不追求粮食连续增产,但一定要巩固和提升粮食产能。

回答本报记者关于农业供给侧结构性改革的问题时,韩长赋说,“十三五”期间,将重点从调减玉米产量、增加大豆产量和提升牛奶质量 3 个方面,推进农业供给侧结构性改革。他认为,推进农业供给侧结构性改革的目的,一是使农产品能够适应消费升级的需要,提高农业供给体系的质量和效率。二是推动农业转型升级,提高农业质量、效益和竞争力,使农民得到更多收入。三是实现扬长补短,在巩固生产能力的同时,缓解资源环境的压力。

2015 年,农民人均可支配收入达11 422元,连续 6 年农民收入增幅高于 GDP 增幅,高于城镇居民收入增幅。但当下多数农产品价格走低,农民工工资水平增长也较难,影响农民的工资性收入和经营性收入增长。韩长赋认为,要“五路进财”,支持农民收入增长。一是节本增效。二是推进农业产业化。三是推进城乡一体化。四是强化政策支持。五是推进农村产权制度改革。

韩长赋说,“十三五”规划纲要草案提出,在“十三五”末要基本上实现农业现代化。力争 2020 年,老百姓的“米袋子”更满,“菜篮子”更优,农民的“钱袋子”更鼓,农业更有魅力,农村更有活力。

转自《人民日报》