

文章编号: 1003-8701(2001)03-0032-04

玉米品质性状的遗传模型分析

祁新¹, 赵颖君¹, 李鹏志², 邬信康¹

(1. 吉林农业大学农学院, 长春 130118; 2. 吉林省农科院, 吉林 公主岭 136100)

摘要: 试验采用不完全双列杂交法, 把 10 个自交系配成 24 个组合, 对普通玉米的 4 个品质性状的遗传模型、基因效应进行了研究。赖氨酸含量的遗传符合加性-显性模型, 淀粉含量、油分含量、蛋白质含量符合加性-显性-上位性模型, 4 个品质性状的遗传方式均以加性效应为主。

关键词: 玉米; 品质性状; 遗传模型

中图分类号: S513.02

文献标识码: A

Hayman 和 Jinks 的双列杂交设计、Comstock 和 Robinson 的 NC II 遗传交配设计, 都能对生物性状的遗传模型进行测验。莫惠栋在 1991 年提出了增广 NC II 设计^[1]。本文对普通玉米品质性状中的淀粉含量、油分含量、蛋白质含量和赖氨酸含量的遗传模型进行了测验, 以便为普通玉米品质育种提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 供试材料及试验设计

试验以 10 个普通玉米自交系为亲本(表 1)。母本为自选系, 其中 1=9526, 2=9538, 3=9569, 4=9583, 5=9577, 6=9595; 父本为生产上常用的自交系, 7=吉 853, 8=Mo17, 9=340, 10=7922。采用 NC II (North Carolina II) 设计, 配制 24 个杂交组合, 将 24 个杂交组合及 10 个亲本按随机区组设计, 3 次重复种植, 套袋自交, 收获后将装在网袋中的果穗放在通风处阴干。干燥后, 每区选有代表性的果穗 5 个, 脱粒混合。

表 1 自交系的品质性状 %

自交系名称	淀粉	油分	蛋白质	赖氨酸
9526	69.58	4.13	10.23	0.210
9538	68.11	4.34	12.59	0.264
9569	69.47	3.95	13.35	0.210
9583	70.94	3.51	11.04	0.190
9577	66.66	4.29	12.47	0.269
9595	69.42	3.37	13.03	0.254
吉 853	69.01	3.86	13.14	0.238
Mo17	70.04	3.10	13.35	0.191
340	66.97	4.47	12.39	0.291
7922	70.59	5.03	12.53	0.230

1.2 成分测定

蛋白质含量用凯氏定氮仪测定, 氨基酸含量用氨基酸自动分析仪测定, 油分含量用油脂萃取仪测定, 淀粉含量用酶解法测定。分析结果均以百分含量表示。

1.3 统计分析

方差分析采用随机模型, 计算以小区平均数为单位^[2-5]。

收稿日期: 2000-11-16

作者简介: 祁新(1968-), 男, 吉林省梨树县人, 吉林农业大学农学院讲师, 硕士, 从事作物遗传育种教学和玉米育种工作。

遗传模型测验,计算程序参照莫惠栋的方法^[1]。

2 结果与讨论

2.1 淀粉、油分、蛋白质、赖氨酸含量的基因型方差分析

通过对淀粉、油分、蛋白质、赖氨酸含量4个品质性状进行的方差分析表明(表2):区组间差异不显著,而基因型之间的差异均达到了极显著水平,说明这4个品质性状的所有基因型之间的差异,都是由遗传因素引起的,是可遗传的变异。

表2 品质性状的方差分析

变异来源	自由度	MS				F			
		淀粉	油分	蛋白质	赖氨酸	淀粉	油分	蛋白质	赖氨酸
区组	2	0.463 3	0.014 5	0.001 5	0.000 026	2.94	3.65	0.11	2.18
杂种F ₁	23	7.060 0	192.060 0	135.550 0	0.001 875	45.25**	192.06**	45.25**	156.90**
母本	5	11.250 0	0.596 3	3.443 1	0.351 8	5.54**	3.69**	2.46**	9.23**
父本	3	75.720 0	4.060 6	1.387 6	0.381 3	12.43**	25.10**	0.99**	10.01**
母本×父本	15	2.030 0	0.161 8	1.401 6	0.038 1	13.01**	40.63**	103.06**	3189.12**
误差	46	0.156 0	0.003 98	0.013 6	0.000 011 95				

注:**和*为0.01和0.05显著水平。

2.2 各品质性状协方差分析及遗传模型检验

2.2.1 淀粉含量协方差分析及遗传模型检验

表3 公共亲本系列方差(V_r)和协方差(W_r)

		雌亲系列		雄亲系列			
系列号	成分	V _r =X	W _r =Y	系列号	成分	V _r =X	W _r =Y
1	淀粉	4.513 2	4.422 7	7	淀粉	23.873 9	17.809 8
	油分	1.308 8	1.864 8		油分	0.882 7	0.130 9
	蛋白质	2.212 1	0.340 2		蛋白质	5.014 6	3.582 6
	赖氨酸	0.001 372 5	0.001 657 5		赖氨酸	0.003 511 4	-0.001 467 1
2	淀粉	6.440 8	4.962 4	8	淀粉	14.174 7	12.727 1
	油分	2.120 6	2.427 0		油分	0.157 1	0.182 6
	蛋白质	2.262 4	1.392 2		蛋白质	11.492 2	2.566 2
	赖氨酸	0.005 290 8	0.006 136 8		赖氨酸	0.001 118 6	-0.000 411 4
3	淀粉	13.070 1	7.139 4	9	淀粉	9.480 9	9.141 6
	油分	1.124 4	1.749 9		油分	1.644 7	0.443 9
	蛋白质	1.420 3	1.118 8		蛋白质	3.775 9	0.207 8
	赖氨酸	0.001 214 3	0.001 967 5		赖氨酸	0.005 282 8	0.004 832 4
4	淀粉	8.382 1	7.232 9	10	淀粉	16.195 1	12.956 1
	油分	0.736 5	1.364 3		油分	0.560 9	0.796 7
	蛋白质	1.237 1	0.837 9		蛋白质	2.661 3	5.234 8
	赖氨酸	0.002 837 8	0.003 722 5		赖氨酸	0.001 233 1	-0.001 163 7
5	淀粉	2.799 4	3.777 5				
	油分	1.180 5	1.400 6				
	蛋白质	5.094 7	-1.395 9				
	赖氨酸	0.004 612 1	0.005 559 8				
6	淀粉	9.157 7	6.477 0				
	油分	0.833 6	1.358 5				
	蛋白质	0.365 7	0.479 9				
	赖氨酸	0.003 080 7	0.004 154				
合计	淀粉	44.363 3	34.011 9			63.724 6	52.634 6
	油分	7.304 4	10.165 1			3.245 4	1.554 1
	蛋白质	12.592 3	2.773 1			22.944 0	11.591 4
	赖氨酸	0.018 408 2	0.231 981			0.011 255 9	0.001 790 2

表 4 协方差分析

变异来源	Df	S _{s_x}	S _{s_y}	sp	离回归分析			
					Df	Q	MS	F
总 和								
淀粉	9	349.409 8	183.528 4	241.300 5	8	16.884 0		
油 分	9	2.798 7	5.246 8	2.303 3	8	3.351 2		
蛋白质	9	91.923 2	32.419 4	10.718 2	8	31.169 7		
赖氨酸	9	2.543 8	7.088 9	3.233 0	8	3.444 7		
Fvs·M								
淀粉	2	174.939 0	134.640 3	153.471 0				
油 分	2	0.395 8	4.091 5	1.272 4				
蛋白质	2	31.751 7	14.2379	21.262 2				
赖氨酸	2	0.015 5	2.8051	0.356 9				
F+M								
淀粉	8	174.470 8	48.888 1	87.829 5	7	2.588 9	0.369 8	
油 分	8	2.402 9	1.155 3	1.030 9	7	0.815 3	0.116 5	
蛋白质	8	60.171 5	18.181 5	-10.544 0	7	14.850 8	2.121 5	
赖氨酸	8	2.528 3	5.759 0	4.283 8	7	1.099 7	0.157 1	
测验 H ₀ :pq=uv								
淀粉					1	14.295 1	14.295 1	38.656 3**
油 分					1	2.535 9	2.535 9	21.770 0**
蛋白质					1	16.318 9	16.318 9	7.692 2**
赖氨酸					1	2.345 0	2.345 0	14.930 0**

注:Fvs·M表示雌、雄系列之差,F+M表示雌内系列间和雄内系列间的合并变异。**表示在0.01水平上显著。

通过表3、表4可以计算出 $b_{F+M} = SP_{F+M} / SS_{X(F+M)} = 0.503 4$, $S_b^2 = [MS_{F+M} / SS_{X(F+M)}]$, $S_b = 0.046 0$ 。因此,测验 $H_0: \beta_{F+M} = 0$, $t = b / S_b = 10.943 5$, ($df = 7$, $t_{0.01} = 3.500$)极显著;测验 $H_0: \beta_{F+M} = 1$, $t = 10.795 7$ 极显著,进而测验 $H_0: pq = uv$, 得 $F = 28.12$, 极显著。这表明淀粉含量性状的遗传不符合加性-显性模型,说明 $W_r - V_r$ 呈多样性,其多样性是由于非等位基因互作引起的,即有上位性作用。从表5计算出淀粉含量的 $W_r - V_r = -2.024 1 < 0$, 说明淀粉含量性状显性的平均性质为超显性,但也有不同的组合表现为部分显性。通过总和与 $W_r + V_r$ 呈显著正相关判断,显性方向为减效等位基因为显性。国内外研究报告显示,在玉米基因库中,直接影响普通玉米淀粉含量及成分的基因主要有 W_x 、 ae 、 al 、 du 、 sh_2 等显、隐性基因,确实存在上位性和互补性,并且有一些修饰基因影响直链淀粉的含量^[10-15]。

2.2.2 油分含量协方差分析及遗传模型检验

通过表3、表4可以计算出 $b_{F+M} = SP_{F+M} / SS_{X(F+M)} = 0.429 0$, $S_b^2 = [MS_{F+M} / SS_{X(F+M)}]$, $S_b = 0.220 2$ 。因此,测验 $H_0: \beta_{F+M} = 0$, $t = b / S_b = 9.318 3$, ($df = 7$, $t_{0.01} = 3.500$)极显著;测验 $H_0: \beta_{F+M} = 1$, $t = 12.413 0$ 极显著。这表明油分含量性状显性的遗传不符合加性-显性模型,说明 $W_r - V_r$ 呈多样性,其多样性是由于非等位基因互作引起的,即有上位性作用。从表5计算出油分含量的 $W_r - V_r = 0.116 9 > 0$, 说明油分含量性状显性的平均性质为部分显性,但也有个别组合表现为超显性。通过总和与 $W_r + V_r$ 为不显著负相关判断,显性方向为双向显性,即增、减效等位基因均可能为显性或隐性,随位点不同而不同。据报道,含油量的遗传受许多基因控制,至少有55对基因与玉米子粒的含油量有关^[11,15]。有的高油对低油是显性的,也有低油对高油是显性的。本试验结果含油量以加性基因效应为主,这与其他报道相同^[17]。

2.2.3 蛋白质含量协方差分析及遗传模型检验

通过表3、表4可以计算出 $b_{F+M} = SP_{F+M} / SS_{X(F+M)} = 0.175 2$, $S_b^2 = [MS_{F+M} / SS_{X(F+M)}]$, S_b

$=0.1878$ 。因此,测验 $H_0: \beta_{F+M}=0, t=b/S_b=0.9331, (df=7, t_{0.01}=3.500)$ 不显著;测验 $H_0: \beta_{F+M}=1, t=4.3919$ 极显著。这表明蛋白质含量性状的遗传不符合加性-显性模型,有2种可能:①不存在显性效应;②除显性-加性效应外,还有上位性效应。从表5计算出蛋白质含量的平均 $W_r-V_r=-2.1172 < 0$,说明蛋白质含量性状显性的平均性质为超显性,但也有不同的组合表现为部分显性。通过总和与 W_r+V_r 为显著性正相关判断,显性方向以减效等位基因为显性。所以,蛋白质含量的基因效应应该是除显性-加性效应外,还有上位性效应。玉米子粒的蛋白质含量至少受122个基因控制,关于这些基因作用方式的报道各不相同^[6-11,16,18,19]。但实践告诉我们,通过连续选择,可以大幅度提高玉米子粒的蛋白质含量,当然是以降低其它品质性状含量为代价的。

表5 各品质性状的 W_r+V_r 和 W_r-V_r 值

编号	W_r+V_r				W_r-V_r			
	淀粉	油分	蛋白质	赖氨酸	淀粉	油分	蛋白质	赖氨酸
1	8.9359	3.1736	2.5523	0.003030	-0.0905	0.5560	-1.8719	0.000285
	852.07	56.07	147.94	2.466				
2	10.4032	4.5476	3.6546	0.011428	-0.4784	0.3064	-0.8702	0.000846
	844.27	62.76	150.29	2.805				
3	20.2095	2.8743	2.5391	0.003182	-5.9307	0.6255	-0.3015	0.000753
	851.20	57.20	154.29	2.608				
4	15.6150	2.1009	2.0750	0.006560	-1.1492	0.6278	-0.3992	0.000885
	859.43	59.26	136.89	2.702				
5	6.5769	2.5811	3.6988	0.012172	0.9781	0.2201	-6.4906	0.000948
	821.82	58.18	140.93	2.519				
6	15.6347	2.1921	0.8456	0.007235	-2.6807	0.5249	0.1142	0.000107
	855.67	55.31	148.97	2.648				
7	41.6838	1.0136	8.5973	0.002044	-7.5801	-0.9396	-1.7900	-0.00622
	1270.87	82.54	226.41	3.965				
8	26.9018	0.3397	14.0583	0.000818	-1.8095	0.0320	-11.1575	-0.00205
	1289.99	79.09	220.93	3.446				
9	18.6226	2.0886	3.9837	0.010115	-0.4242	-1.5010	-4.4602	-0.000563
	1246.21	88.55	215.35	4.380				
10	23.3370	1.3576	7.8961	0.000070	-1.3165	0.2948	3.2169	-0.00300
	1277.09	98.60	216.62	3.957				
总和与 W_r+V_r 相关系数(r)	0.7600*	-0.5908	0.7903**	-0.2617				

注: *、** 分别代表在0.05和0.01水平显著。

2.2.4 赖氨酸含量协方差分析及遗传模型检验

通过表3、表4可以计算出 $b_{F+M}=SP_{F+M}/SS_{X(F+M)}=1.1218, S_b^2=[MS_{F+M}/SS_{X(F+M)}], S_b=0.2493$ 。因此,测验 $H_0: \beta_{F+M}=0, t=b/S_b=4.5003, (df=7, t_{0.01}=3.500)$ 极显著;测验 $H_0: \beta_{F+M}=1, t=0.5166$ 不显著。这表明赖氨酸含量性状的遗传符合加性-显性模型,但控制该性状的增、减效等位基因在雄、雌间不相等。从表5计算出赖氨酸含量的平均 $W_r-V_r=-4.6758 \times 10^{-4} < 0$,说明赖氨酸含量性状显性的平均性质为超显性,但有不同的组合表现为部分显性。通过总和与 W_r+V_r 不显著负相关,因此显性方向为双向显性,即增、减效等位基因均可能为显性或隐性,随位点不同而不同。关于普通玉米子粒赖氨酸含量遗传控制方面的报道很少。

参考文献:

[1] 莫惠栋·增广 NC II 设计和遗传模型测验[J]. 作物学报, 1991, 17(1): 1-9.

[2] 裴新澍·数理遗传与育种[M]. 上海:上海科学技术出版社, 1987.

(下转第39页)

穗型较大,着粒密度适中,平均一穗粒数100粒左右。颖及颖尖均黄色,少数穗上有间短黄芒。粒形椭圆,稻谷千粒重25.5g。

3.4 抗逆性

耐病虫害性强。抗早霜耐寒冷,活秆成熟不早衰,根系发达,耐旱性较强。早生快发,长势旺,适应性广。

4 栽培技术要点

4月上中旬播种育苗,稀播育壮秧,每平方米播催芽种子200~250g。5月中旬插秧,秧龄30~35d,插秧方式30cm×15cm或30cm×25cm,稀、密植均可,每穴插3~4苗。施肥量每公顷标准氮量125~150kg,并配合施用磷、钾肥。切勿因植株颜色浅绿,误以为缺肥而过多施用氮肥,以防止倒伏和病虫害发生。

适于我省吉林、四平、通化、长春、辽源和松原等地有效积温为2800℃左右的中晚熟稻作区种植。

(上接第35页)

- [3] 马育华. 植物育种的数量遗传学基础[M]. 南京:江苏出版社,1982.
- [4] 郭平仲. 数量遗传分析[M]. 北京:北京师范学院出版社,1987.
- [5] 刘仁东. 玉米子粒蛋白质、赖氨酸和油分含量的遗传成分的比较研究[J]. 作物学报,1994,20(1):93-98.
- [6] 王立秋. 玉米蛋白质品质的遗传及育种研究[J]. 国外农学——杂粮作物,1994,(2):11-13.
- [7] 刘治先. 玉米胚乳蛋白质及氨基酸遗传控制的研究现状[J]. 山东农业科学,1996,(1):8-13.
- [8] 蓝希鸾. 高蛋白与高赖氨酸玉米杂交后代主要产量和品质性状遗传及选育[J]. 北京农业科学,1999,17(3):7-10.
- [9] Dully J W, et al. 90-Generations of selection for oil and protein in maize[J]. *Maydica*, 1992, (37):81-87.
- [10] 李学渊. 玉米胚乳突变基因与互作对子粒成分的影响[J]. 作物学报,1994,20(4):439-445.
- [11] 刘纪麟. 玉米育种学[M]. 北京:农业出版社,1991.
- [12] 庄铁成,等. 玉米淀粉含量的遗传育种[J]. 中国农学通报,1993,(6):6-9.
- [13] Creech R G. Genetic control of carbohydrate synthesis in maize endosperm[J]. *Genetics*, 1965, (52):1175-1186.
- [14] Creech R G, et al. Gene interaction for quantitative changes in carbohydrates in maize kernels[J]. *Crop Science*, 1966, (6):193-194.
- [15] Dudley J W. Generations of selection for oil and protein percentage in maize. in Proc. Of the Internation Conf. On Quantitative Genetics. Iowa Stata University Press. Ames, Iowa, USA; 1977, 459-473.
- [16] 王玉杰,等. 玉米子粒含油量的遗传分析[J]. 玉米科学,1997,5(3):20-23.
- [17] Glover D V, et al. Genetics of endosperm mutants in maize as related to protein quality and quantity. In high-quality protein maize. CIMMYT-Purdue Hutchinson Ross Inc. Stroudsburg, Penn; 1975, 220-240.
- [18] Pollmer W C, et al. Inheritance of protein and yield of grain and stover in maize[J]. *Crop Science*, 1978, (18):757-759.

Analysis of Genetic Model on Quality Characters of Maize

QI Xin¹, ZHAO Ying-jun¹, LI Peng-zhi², WU Xin-kang¹

(1. College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China;

2. Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100, China)

Abstract: Ten inbred lines of maize were tested in the incomplete parallel cross design including 24 cross sets. The genetic models, gene effects of 4 quality characters were studied. The additive-dominance and additive-dominance-epistatic genetic models were inlined with lysine content and starch, oil, protein content respectively. Additive gene effects were significantly high in 4 quality characters.

Key words: Maize; Quality character; Genetic model