

谷子杂交育种研究

II. F₂ 代遗传及选择效果的研究

刘晓辉

(吉林省农科院作物所)

摘 要

本文分析了 8 个组合 6 个性状的 F₂ 代遗传变异及各性状间的遗传相关、表型相关、遗传力和遗传进度。结果表明: F₂ 代的粒重、码数、千粒重、株高等性状分离均呈单峰曲线, 近似于正态分布, 虽然组合不同各性状的表现各异, 但总体趋势一致。F₂ 群体普遍存在着超亲遗传现象。各性状遗传相关与表型相关的方向基本趋于一致, 而且遗传相关系数的绝对值略高于表型相关的绝对值。通过株高、穗长、码数、粒数间接的提高选择产量的效率, 通过码数、穗长达到粒多、大穗的目的。遗传力以千粒重最高, 依次呈码数、粒数、粒重、株高、穗长, 利用遗传力可确定谷子的育种规模。在 5% 的选择压力下, 码数 F₂ 群体的遗传获得量最大; 码数、粒数对粒重的相关遗传增值最大, 因此 F₂ 群体应特别注重优良变异个体的选择, 遗传力较高的千粒重可在 F₂ 开始选择, 粒数、注重后 F₃、F₄ 代选拔, 单株产量高代严格选择。

谷子的产量因子属数量性状, 受微效多基因控制, 因此在谷子育种过程中采用数量遗传的研究手段, 分析变异世代各性状间的差异, 研究后代的遗传力, 估测在一定选择压力下的选择效果, 用以衡量在表型总变异中遗传和环境影响的相互关系及相对重要性。对于增加谷子杂交组合选配的预见性和杂交后代选择的有效性具有重要的意义。

有关 F₂ 代群体各性状的遗传研究其它作物有所报道, 而谷子报道甚少, 本文根据 8 个不同组合 F₂ 代群体, 研究各农艺性状遗传变异及选择效果。

材料与 方法

本试验选用 5 个具有不同特点的谷子优良品种(系)进行杂交, 1986 年获得 8 个组合(见表 1)。1987 年获得 F₂ 种子。1988 年将 8 个组合的亲本, F₁、F₂ 种植在本院选种圃内, 随机区组, 4 次重复, 行长 2 米, 行距 60 米, 条播。亲本和 F₁ 为 2 行区, F₂ 为 5 行区。保苗密度为 65—70 万株/公顷。

表 1 亲本及杂交组合

组合编号	组合名称		
1	双八千	×	高丽贯
2	老来变	×	1309
3	高丽贯	×	公谷 62 号
4	老来变	×	高丽贯
5	1309	×	高丽贯
6	1309	×	双八千
7	双八千	×	公谷 62 号
8	双八千	×	老来变

调查了株高、穗长、码数、千粒重、穗粒数、穗粒重等农艺性状, 其中 F₂ 每个组合考种 210 株, F₁ 考种 10—20 株, 亲本考种 20 株。统计方法按:

$$1. \text{广义遗传力: } hB^2 = \frac{V_{E_2} - [\frac{1}{4}V_{P_1} + \frac{2}{4}V_{F_1} + \frac{1}{4}V_{P_2}]}{V_{F_2}}$$

$$2. \text{选择遗传进度: } \Delta G = K\sigma_p h^2$$

$$3. \text{相关遗传进度: } \Delta G_2 = r_{g_2} K \sqrt{\sigma_p^2 h_2^2}$$

4. 用 PC-1500 计算机计算表型相关和基因型相关。

结果与分析

(一) F₂ 代主要性状的遗传变异分布

从图 1—4 可以看出,谷子主要性状呈现明显的遗传分离现象,表现为一系列微小差异的连续变异,其中穗粒重、码数、千粒重、株高等性状的各组合分布次数均表现为单峰曲线,分布方式近似于正态,说明这些性状属于数量性状遗传,在遗传机制上呈现累加作用,但不同性状不同组合间随着亲本差异的不同,F₂ 变异分布也不同。码数、千粒重各组合的分布变幅差异较大。同一组合不同性状有一定的差异;同一性状不同组合也有一定的差异,但总体趋向基本一致。分析的 4 个组合 6 个性状,F₂ 代表现广泛的分离和正向超亲遗传现象,其中穗粒重以 1 号组合正向超亲值最大,其它次之,以千粒重变异较小,因此在谷子杂交后代选择时,应特别注意 F₂ 优良变异个体的选择,对于遗传变异较小的性状自 F₂ 代可进行选择。

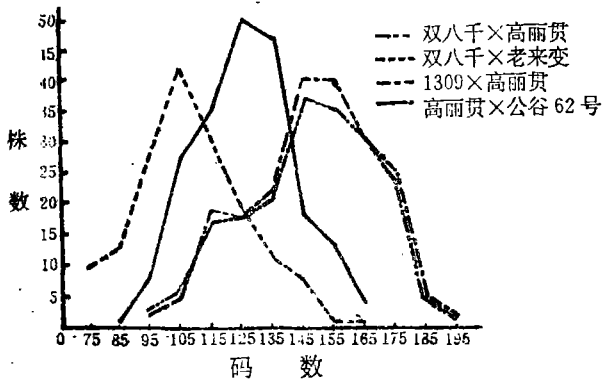
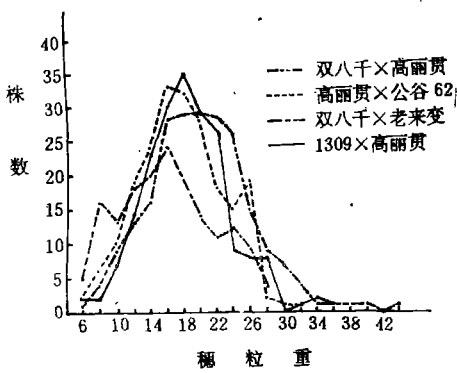


图 1 F₂ 代不同组合穗粒重分离表现

图 2 F₂ 代不同组合码数的分离表现

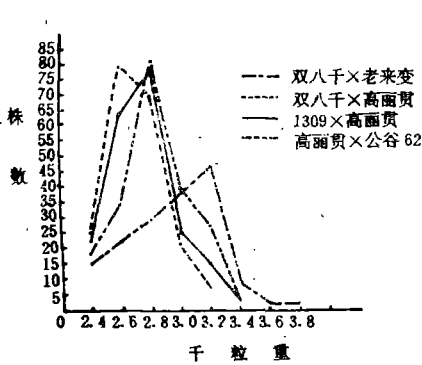


图 3 F₂ 不同组合千粒重的变异表现

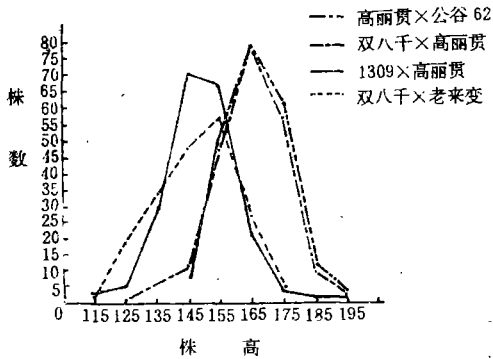


图 4 F₂ 代不同组合株高的分离表现

(二) F₂ 主要性状的基因型相关

谷子的主要经济性状受数目较多的微效基因控制,这些微效多基因对性状的单独影响效应很难被区分,因此用相关分析研究数量性状之间的相互关系是十分必要的。从表 2 的遗

传和表型相关系数可以看出,各性状间均存在着相关性,只是组合不同,各性状相关的密切程度不同而已,遗传相关与表型相关的方向是趋于一致的,而且遗传相关系数的绝对值略高于表型相关系数的绝对值。

由于谷子的农艺性状主要是基因效应起主导作用,因此在育种实践中可通过重点选择株高、穗长、码数、粒数等性状间接的提高选择产量的效率,通过选择码数、穗长来达到穗大粒多的目的。文中分析的粒数、码数与子粒的大小呈负相关,这给谷子后代的选择造成一定的困难。

表 2

主要农艺性状遗传及表型相关系数

性 状	株 高	穗 长	码 数	千粒重	穗粒数	穗粒重
株 高	1	0.0223	-0.1865	0.1046	0.0347	0.0468
	1	-0.0129	0.0271	-0.0379	0.2398	0.2458
	1	0.1941	0.2571	0.2638	0.0917	0.2815 *
	1	0.5679 *	0.2345	0.1657	0.3249 *	0.2716
穗 长	-0.3777	1	0.1897	0.2480	0.5652 *	0.6095 *
	-0.5511	1	-0.0608	-0.0279	0.3247 *	0.3153 *
	0.5265	1	0.2523	-0.0317	0.2985 *	0.4828 *
	5.5186	1	0.3280 *	0.2073	0.3285 *	0.3252 *
码 数	-0.2707	0.7834	1	-0.1731	0.2883 *	0.2239
	0.1054	-0.4854	1	0.2398	0.2786 *	0.2976 *
	0.7011	0.3859	1	-0.3044	0.3091 *	0.2374
	-0.2117	5.0236	1	-0.1518	0.4379 *	0.3013 *
千粒重	0.1191	2.2881	-0.4324	1	0.0188	0.2552
	-0.0248	-0.2372	-0.1309	1	-0.4828	-0.2329
	0.6398	-0.3562	-0.5482	1	-0.2280	0.1993
	0.1678	1.1848	-0.3455	1	-0.1362	0.1031
穗粒数	0.2798	2.5974	0.7908	-0.4520	1	0.9696 *
	0.4809	1.6642	0.4865	-0.8640	1	0.9619 *
	0.1796	0.6163	0.8667	-0.6071	1	0.8136 *
	0.7426	-0.9519	1.5814	-0.1906	1	0.9134 *
穗粒重	0.2934	2.8250	0.6170	-0.1606	0.9801	1
	0.5751	1.6293	0.5006	-0.6406	1.0007	1
	0.6539	0.9685	0.6302	0.1788	0.5831	1
	0.6119	-1.4220	1.3032	0.1535	0.8052	1

注:上三角为表型相关系数,下三角为基因型相关系数

组合顺序由上至下为1号、3号、5号、8号组合的各性状相关系数。

(三)F₂代主要性状遗传力

遗传力是遗传方差占总方差的百分数,它反映在植株体中根据表型优劣选择基因型值或育种值的可靠程度。表3利用双亲杂交类型设计的方法对各组合主要性状的广义遗传力进行了估计。从其平均值看出,以千粒重的遗传力均值最高,为63.57%,(变幅85.71—30.54);其次是码数、穗粒数、穗粒重、株高;以穗长最低,为39.09%,(变幅76.06—15.98)。实践证明遗传力与取材、试验群体有一定的关系,因而它不是一个孤立的数据,而是一个相对值,虽然估值差别很大,但是大多数性状的遗传力大小的顺序是较为一致的。本文所分析的广义遗传力值的大小顺序与其它作者所研究的趋势是相吻合的。遗传力可以确定谷子育种规模,选择方式,选择的世代和选择强度。在谷子常规育种中,广义遗传力较高的千粒重可以早代选择,对于遗传力低的性状只有在高世代选择才有效。

表3

F₂ 群体遗传力(h²B%)

组合号	株高	穗长	码数	千粒重	穗粒数	穗粒重
1	39.58	15.98	73.68	30.54	39.25	40.36
2	74.72	76.06	58.23	83.02	89.08	86.85
3	35.52	25.24	70.94	67.60	59.45	55.29
4	15.99	31.67	59.31	49.62	75.27	73.82
5	42.39	57.50	52.09	54.98	40.28	44.19
6	73.81	20.17	52.13	85.02	36.39	48.11
7	10.08	50.23	55.53	52.03	54.31	57.73
8	55.46	35.89	27.50	85.71	40.19	33.67
平均	43.44	39.09	56.18	63.57	54.29	55.00
变幅	74.72~10.08	76.06~15.98	73.68~27.50	85.71~30.54	89.18~36.39	86.85~40.36

(四) F₂ 群体选择遗传进度与相关遗传进度

在估算遗传力的基础上,预测了各性状在5%选择强度下的遗传进度和相关遗传进度。从表4可以看出,组合不同各性状遗传进度和相关遗传进度也不同。在遗传进度中,以6号组合的株高(17.03)、千粒重(0.4504)。2号组合穗粒数(4289.6)、穗粒重(10.60),4号组合的码数(30.02)等性状,F₂ 群体遗传获得量最大。8个组合码数平均遗传增值为22.17。相关遗传进度分析表明(见表4),8号组合的F₂ 群体中株高、码数,1号组合穗长,2号组合穗粒

表4

F₂ 群体选择遗传进度与相关遗传进度

组合号 性状	1	2	3	4	5	6	7	8	X
株高	9.22 5.12	11.42 -3.02	7.01 5.04	4.33 0.57	8.56 5.71	17.03 6.22	2.03 4.19	13.03 6.21	9.07 3.75
穗长	1.74 7.80	6.71 3.65	1.56 7.42	4.39 6.94	7.25 6.15	1.63 0.81	3.69 3.69	0.4361 -6.01	3.43 3.81
码数	26.62 12.16	28.73 16.48	27.04 11.93	30.02 -0.91	20.96 12.16	16.24 11.22	17.08 0.95	10.66 15.38	22.17 9.92
千粒重	0.1188 -0.22	0.4923 -1.09	0.3168 -1.83	0.2270 0.02	0.2199 0.35	0.4504 1.15	0.2168 -0.14	0.5526 0.53	0.3243 -0.15
穗粒数	1613.12 1603.21	4289.6 4091.51	2116.1 2042.15	2043.3 985.40	1359.9 830.62	1200.6 1070.59	1751.6 1749.82	1630.2 1201.47	2000.5 1696.85
穗粒重	4.654	10.60	4.88	6.06	4.36	4.04	5.14	3.59	5.42

注:上为遗传进展,下为相关遗传进度选择强度5%

数等性状对穗粒重的相关遗传进度最大;8个组合平均以码数、穗粒数对穗粒重的相关遗传增值最大,说明通过穗粒数、码数间接的选择单株产量的效果最为明显。再者凡是亲本差异大,F₂ 分离幅度较大,在一定选择压力下便会产生较高的遗传进度。

结论与讨论

本文所分析的各性状F₂ 群体遗传变异呈单峰曲线,近似于正态分布,由此表明谷子的主要性状是属数量性状。各性状的遗传变异分布总体趋向基本一致。F₂ 群体普遍存在着超亲遗传现象,因此在F₂ 代选择时,应特别注意优良变异个体的选择。

(二)本文分析的各性状的遗传相关与表型相关的方向基本一致,而且遗传相关系数的绝对值略高于表型相关系数的绝对值。研究谷子性状相关,在高产育种上的作用其一是:希望找到与产量有相关又具有较高遗传力的性状以进行相关选择;其二是:育种要求综合性状优良的材料,对一些性状进行选择时应注意摆脱产量因素间的相互制约,选择大粒型品种,必须防止粒数和码数的劣变;选择大穗型品种必须注意千粒重的变化。实践证明期望找到一种与产量高度相关、稳定、遗传力也高,以便从单一性状作有效的相关选择,看来是十分困难的,所以产量相关选择的有效途径还是依多种相关性状综合选择为宜。

(三)遗传力的分析表明:千粒重的遗传力均值最高,依次是码数、粒数、粒重、株高、以穗长最小。在选择方法上,可考虑在 F_2 世代多注重千粒重性状的提高,在 F_3 、 F_4 代多注意穗粒数及结实率的增加,而高世代再进行单株产量及其综合性状的严格选择。

(四)在遗传进度中,码数 F_2 群体的遗传获得量最大;在相关遗传进度中,码数、粒数对穗粒重相关遗传增值最大,凡亲本差异大, F_2 变异幅度亦小,在一定的选择压力下便会产生较高的遗传进度,同时相关遗传进度也较大。

参 考 文 献

[1]孟庆喜等:选择方法及选择强度对大豆杂交后代选择效应的研究,《第二次中美大豆科学讨论会论文集》,吉林科学技术出版社出版,1986,159—162。

[2]田佩占:大豆杂种 F_2 代与亲本及 F_1 代关系的研究,《吉林农业科学》,1982,(2),11—16。

[3]闵绍楷等:早粳经济性状的遗传与高产育种,《中国农业科学》,(2),31—37。

[4]刘来福:作物数量遗传学基础,三,遗传力与选择效果,《遗传》,1979,(5),44—48。

[5]南京农学院主编:《田间试验和统计方法》,农业出版社出版,1979。

[6]马育华:江淮下游地区大豆地方品种的初步研究,《作物学报》,1979,(4)。

[7]河北省农作物研究所谷子研究室:夏谷主要性状遗传力、遗传相关和选择指数的初步研究,《遗传学报》,1975,2,(3)249。

[8]Rasmusson, D. C.《自花授粉作物育种学》,农牧渔业部教育司等译,1983。

[9]Nordsog, A. W.; 1978. Some statistical properties of an index of multiple traits. Theor. Appl. Genet. S2:91—94

STUDIES ON CROSS—BREEDING IN MILLET: II. THE INHERITANCE AND EFFICIENCY OF SELECTION FOR SOME TRAITS IN F_2 POPULATIONS

Liu Xiaohui

(*Institute of Crop Breeding, Jilin Academy of Agricultural Sciences*)

ABSTRACT

Genetical variability, heritability and genetic gain for 6 traits were analyzed and correlation coefficients between the traits were estimated from 8 crosses of millet. The results showed that the distributions of F_2 s segregation for the traits, as such grain yield, numbers of spikes, 1000—kernel weight and plant height tended to be in normal curve with a peak, although varied with crosses. Transgressive phenomenon of the segregation occurred widespreadly in F_2 s. It was indicated that the absolute values for each of the genotypic correlation coefficients were higher than those for phenotypic ones, and both of the coefficients, generally, had the same direction. Selection efficiency for grain yield could be improved through indirectly selecting plant height, earhead length, and numbers of spikes and grains. An objective of large earhead could also be reached by improving numbers of spikes and earhead length. Heritability was highest for 1000—kernel weight, followed by numbers and of spikes grains, grain weight, plant height and earhead length. The highest genetic gain was observed for numbers of spikes in F_2 populations at 5% selection intensity and the correlated genetic gain of grain weight was highest in numbers of spikes and grains. It was concluded that considerable attention should be paid to single plant selection in F_2 populations, selection for 1000—kernel weight may start in F_2 due to its higher heritability, numbers of grains may selected in F_3 or F_4 , and grain yield/plant in advanced generations.