

高粱亲本间遗传距离的测定 及模糊聚类分析

王 月 马玉波

(长春市农科院作物所)

摘 要

本试验于1991年在长春市农科院试验田进行。利用7个数量性状测定了高粱19个亲本(9个不育系和8个恢复系)间的遗传距离。以遗传距离为依据,进行模糊聚类分析。结果表明,17个亲本共分为6类。距离较大的不同类群间亲本所组配的杂交组合优势较强。因此,选用距离较大的不同数群的亲本组配杂交种,可提高优良组合出现的频率。同时也看出,模糊聚类分析方法更为合理,其结果与实际较为相符。

关键词 遗传距离 模糊聚类分析 亲本选配 高粱

合理选配亲本是育种过程中的关键措施之一。近年来大量研究都证明地理差异与遗传差异无明显联系,而遗传差异往往可能比地理上远距离所引起的差异更重要。遗传距离可以作为一种对生物遗传差异的定量描述。选用若干相关的数量性状,采用多元遗传分析法测定亲本间的遗传距离,依据亲本间遗传距离进行聚类分析,其结果对预测杂种优势,从而指导亲本选配具有一定意义。

本试验估算了高粱一些常用不育系和恢复系间遗传距离,并进行了模糊聚类分析,为组配高粱杂交种提供一些参考依据。

材 料 与 方 法

选用高粱常用不育系9份,恢复系8份(表1),1991年在长春市农科院试验田种植。随机区组设计,3次重复,3行区,行长3米,行距0.7米,株距0.17米。每小区随机取样10株,考察了单穗粒重、单穗粒数、穗长、千粒重、株高、一级枝梗数、出苗至抽穗天数和茎粗等8个数量性状。

表1 不育系和恢复系编号表

| 编号 | 不育系名称 | 编号 | 不育系名称 | 编号 | 恢复系名称 | 编号 | 恢复系名称 |
|----|--------|----|------------------|----|-------|----|-------|
| 1 | 2219A | 6 | 钨1A | 10 | 吉恢82 | 15 | 5222 |
| 2 | T×622A | 7 | V ₄ A | 11 | 哈恢2 | 16 | 7313 |
| 3 | 57A | 8 | 188A | 12 | 吉恢81 | 17 | 7384 |
| 4 | 1105A | 9 | 黑11A | 13 | 哲32恢 | | |
| 5 | 2731A | | | 14 | 忻梁52 | | |

采用方差—协方差模式,以小区平均数为单位,估算性状遗传相关系数、特征根和特征向量,选留前3个特征根,使累计贡献率 $\geq 85\%$,从而计算主成分值和各亲本标准化基因型值,估算亲本间遗传距离(D^2)。利用 D^2 建立模糊相似矩阵,求出其模糊等价矩阵。依不同阈值(λ)水平对17个亲本进行模糊聚类分析。

全部统计分析,参照胡秉民编的BASIC程序,在PC—9801FC微机上进行。

结 果 和 分 析

经方差分析,淘汰差异不显著的茎粗性状。计算所得各亲本间遗传距离列于表2。将模

糊聚类分析所得不同λ水平下分类情况列于表3,并画出17个亲本模糊聚类图。

表2

亲本间遗传距离(D²)

| D ² 亲本 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 |
|-------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2 | 17.41 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 3 | 69.70 | 52.96 | | | | | | | | | | | | | | |
| 4 | 36.35 | 30.09 | 66.07 | | | | | | | | | | | | | |
| 5 | 48.88 | 32.81 | 55.97 | 23.66 | | | | | | | | | | | | |
| 6 | 14.03 | 28.33 | 81.07 | 36.24 | 45.50 | | | | | | | | | | | |
| 7 | 17.56 | 15.93 | 59.34 | 42.20 | 39.86 | 27.29 | | | | | | | | | | |
| 8 | 24.00 | 14.59 | 56.50 | 19.69 | 31.68 | 31.16 | 29.87 | | | | | | | | | |
| 9 | 31.66 | 27.56 | 67.95 | 13.93 | 18.81 | 29.47 | 34.84 | 23.99 | | | | | | | | |
| 10 | 32.48 | 16.85 | 43.55 | 26.96 | 30.95 | 41.96 | 31.91 | 13.05 | 31.15 | | | | | | | |
| 11 | 9.03 | 16.90 | 68.34 | 34.04 | 37.65 | 13.90 | 14.05 | 25.14 | 26.29 | 32.67 | | | | | | |
| 12 | 39.69 | 23.92 | 42.21 | 24.67 | 18.11 | 46.33 | 35.62 | 21.95 | 26.38 | 14.93 | 36.42 | | | | | |
| 13 | 34.35 | 21.33 | 51.19 | 16.60 | 14.93 | 38.94 | 33.16 | 17.39 | 17.42 | 16.79 | 30.65 | 9.22 | | | | |
| 14 | 7.10 | 16.96 | 66.80 | 39.91 | 47.38 | 20.67 | 17.96 | 24.47 | 36.78 | 31.25 | 14.84 | 40.55 | 36.52 | | | |
| 15 | 16.29 | 17.77 | 62.74 | 42.24 | 40.41 | 24.66 | 3.60 | 30.94 | 34.14 | 34.18 | 11.90 | 37.52 | 34.29 | 17.83 | | |
| 16 | 40.91 | 27.82 | 47.83 | 24.93 | 34.29 | 48.43 | 43.54 | 17.38 | 34.21 | 12.50 | 41.76 | 19.60 | 20.80 | 40.12 | 45.43 | |
| 17 | 11.53 | 12.38 | 64.49 | 25.08 | 34.11 | 17.83 | 20.84 | 14.12 | 21.86 | 24.13 | 11.65 | 29.96 | 23.64 | 15.28 | 20.48 | 31.25 |

表3 不同λ水平下的分类情况

| 类号 | 不育系编号 | λ值 | 类号 | 恢复系编号 | λ值 |
|----------------|-------|------|----------------|-------|------|
| I _A | 3 | 0.95 | I _C | 11 | 0.83 |
| | 6 | 0.95 | | 14 | 0.81 |
| I _A | 1 | 0.84 | I _C | 17 | 0.78 |
| | 9 | 0.82 | | 15 | 0.76 |
| | 4 | 0.80 | | | |
| I _A | 7 | 0.72 | I _C | 13 | 0.62 |
| | 8 | 0.68 | | 16 | 0.59 |
| | 5 | 0.68 | | | |
| N _A | 2 | 0.63 | N _C | 12 | 0.56 |
| | | | | 10 | 0.53 |

根据模糊聚类分析,可将9个不育系分为4类, I_A[3,6], I_A[1,4,9], III_A[7,5,8] N_A[2]。8个恢复系也可分为4类, I_C[11,14], I_C[17,15], III_C[13,16], N_C[12,10]。当不育系和恢复系统一分类时,可将 I_A和 I_C归为一类, N_A和 III_C归为一类,这样17个亲本共分为6类, I_A[3,6], I_A I_C[1,4,9,11,14], I_C[17,15], III_C[7,5,8], N_A III_C[2,13,16], N_C[12,10]。类内距离小于类间距离,表明分类是合理的。

从不育系与恢复系类间距离看,距离最大的为 I_A与 N_C,之后依次为 I_A与 III_C, N_A与 I_C, I_A与 N_C N_A,与 I_C, N_A与 III_C, I_A与 III_C和 III_A与 N_C等。

不育系与恢复系彼此间分类差别可作为组配杂交种的重要依据,所以选用类间距离较大 I_A、I_A与 III_C、N_C; III_A与 I_C、N_C; N_A与 I_C、I_C配组合,后代杂种优势可能较大。如目前生产上表现较好的吉杂57,其组合为1105A(I_A中的4)×吉恢82(N_C中的10);冀杂7,其组合是Tx622A(N_A中的2)×忻梁52(I_C中的14);吉杂26,其组合是2731(III_A中的5)×7313(III_C中的16等,其亲本都是来自距离较大的不同类间。据我们用这些亲本所组配的组合来看,优势较强的组合也都是类间距离较大的亲本组配的组合。

不育系 Tx622A(N_A中的2)与所选用的多数恢复系间距离较大,说明其利用潜力很大。实际上,自从Tx622A引进以来,各育种单位利用其组配出较多杂种优势较强的杂交种,并在生产上广泛应用。而 V₄(III_A中的7)从我们组配的组合看,虽然有一定的优势,但

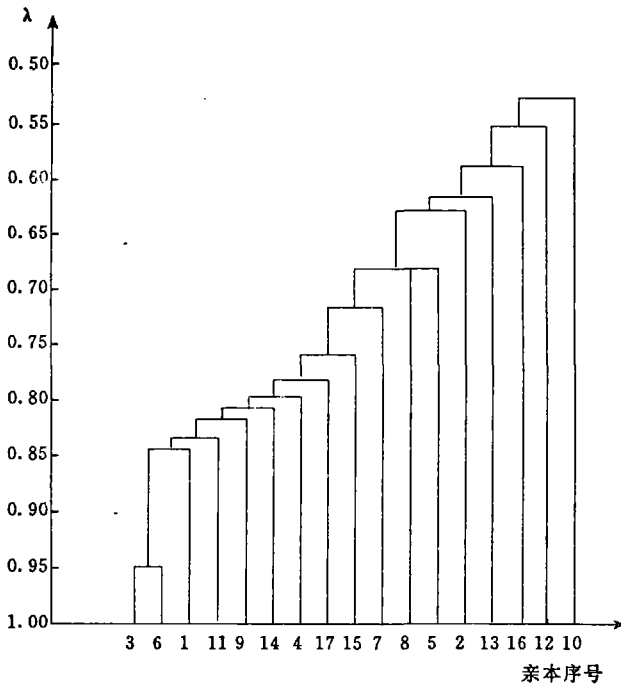


图1 17个亲本模糊聚类图

无突出组合,从本试验分类情况看,它与恢复系间距离都不大,所以应用中应选用距离较大的恢复系与之组配。

选配亲本时,结合育种目标同时考虑熟性、抗病性和抗逆性等具体条件,遵循杂交亲本选配的一般原则,可减少盲目性,提高选配效果。

讨 论

高粱杂交育种的主要选择指标的构成因素多属数量性状,而且性状间存在着不同程度的相关性。因此,从定量角度来分析杂交间的基因型差异大小,并按一定的指标和育种方向加以分类,采用类间亲本且遗传距离相对较大的作为杂

交亲本,进行组配,就有可能产生强优势组合,这一方法可作为育种工作者选配亲本的参考依据之一。

研究目的不同,可以选择不同性状进行遗传聚类分析。从产量育种角度看,以产量形成的源流库生理角度来选择性状是一个更为有效的方法,这方面还有待进一步研究(龙漫远,1984)。

聚类的概念,只有用模糊数学的语言才最为自然(汪培庄,1980)。因为模糊聚类法不但考虑了两个元素直接的相似关系,而且还考虑了这两个元素通过所有可能的其它元素造成的间接相似关系,模糊聚类是依据等价关系进行的,因此在分类上较为合理,在数学上较为严格。本试验分析结果也证明了这一点,模糊聚类分析结果与实际较为相符。

参 考 文 献

- (1)高之仁,《数学遗传学》,四川大学出版社,1986。
- (2)胡秉民,《微电脑在农业科学中的应用》,科学出版社,1987。
- (3)曹增生,玉米自交系模糊聚类分析,《黑龙江农业科学》,1989,2。
- (4)龙漫远,玉米遗传距离测量方法及其产量的杂种优势种特殊合力的关系,《作物学报》,1987,13(3)。

(下转第37)

吉林 20 两品种对环境条件要求严, 稳定性差。公交8203—1、公交8017—1两品种的褐斑粒率对外界条件反应不敏感, 稳定性好; 品种延交7808—15、吉林 20.褐斑粒率对外界条件反映敏感, 稳定性差。

小结与讨论

大豆的完全粒率、褐斑粒率、虫食粒率的高低几乎决定了子粒的外观品质性状。

(一) 本文试验结果表明: 试验地点对大豆品种的完全粒率和褐斑粒率影响很大。

(二) 不同品种的完全粒率、褐斑粒率的稳定性不一样。

(三) 大豆的虫食粒率与环境的互作差异不显著, 但这不能说明大豆虫食粒率不受环境条件影响, 可能和参试地点、材料有关, 还待进一步探讨。

(四) 大豆区域试验的目的是评定品种的产量潜力和综合性状的优劣, 大豆的完全粒率、褐斑粒率、虫食粒率是综合性状的重要标准之一, 因此, 我们在考虑区试参试品种和地点时, 不仅要考虑产量在不同环境条件下的稳定性, 也要考虑外观品质性状的稳定性, 以免顾此失彼。

参 考 文 献

- [1] 王玫、杨庆凯: 大豆品种稳定性分析及与主要农艺性状相关性的初报, 《黑龙江农业科学》, 1985, (1) 6~10。
- [2] 周守年: 淮北地区大豆新品种的产量稳定性初步分析, 《湖南农业科学》, 1989, (3) 139~143。
- [3] 卢菊华: 春大豆新品种产量稳定性初步分析, 《湖南农业科学》, 1989, (3) 26~28。
- [4] 黄中文等: 黑龙江垦区大豆生产品种产量稳定性分析, 《现代化农业》, 1989, (5) 6~7。
- [5] 王玫等: 大豆品种蛋白质和脂肪含量稳定性的研究, 《黑龙江农业科学》, 1988, (3) 9~12。
- [6] 兰巨生: 《作物遗传参数统计法》, 河北人民出版社, 1978年。

(上接第30页)

ESTIMATING OF GENETIC DISTANCE BETWEEN PARENTS AND FUZZY CLUSTER ANALYSIS IN SORGHUM

Wang Yue and Ma Yubo

(Chang chun Academy of Agricultural Sciences)

ABSTRACT

Genetic distance between parents were estimated using the data of seven quantitative characters of seventeen sorghum parents. Fuzzy cluster analysis was carried out based on the genetic distance. The results showed that seventeen parents were fallen into six groups. Genetic distance and the derived groups of parents provided a basis for selection of hybrid parents. It was discovered that the method of fuzzy cluster analysis seemed to be more valid.

key words: Genetic distance, Fuzzy cluster analysis, Selection of hybrid parents, Sorghum