

文章编号: 1003-8701(2001)04-0009-05

爆裂玉米膨胀倍数的遗传研究

马晓萍¹, 杨振宇¹, 王玉兰²

(1. 吉林省农科院大豆所, 吉林 公主岭 136100; 2. 吉林农业大学, 吉林 长春 130118)

摘要: 试验选用 8 份遗传差异较大的爆裂玉米自交系做亲本, 按 Griffing 方法 2 进行配制组合。对所获得的 F₁ 代及部分组合的 F₂ 代、回交世代和亲本材料进行系统的调查和探讨, 研究了膨胀倍数性状在杂交后代的优势表现。结果表明: 膨胀倍数性状存在杂种优势, 在 F₁ 代中, 膨胀倍数性状呈正向优势的组数数目明显少于呈负向优势的组数数目, 无显性的组数数目为 0。膨胀倍数的遗传力较高, 选择响应较大, 这决定了膨胀倍数性状适于早代选择。通过计算说明至少有 7 对等位基因影响着膨胀倍数的表现, 基因效应分析表明其遗传符合加性-显性模型, 其中加性效应占主要地位。

关键词: 爆裂玉米; 膨胀倍数; 遗传研究

中图分类号: S513

文献标识码: A

爆裂玉米的重要特性为爆裂性, 而膨胀倍数和爆粒率是衡量爆裂性的重要指标。膨胀倍数与米花的品质呈高度正相关, 膨胀倍数大的米花具有酥脆、无核、体积大、适口性好等特性, 膨胀倍数越大越符合消费者的要求, 其商品价值越高。因此, 在爆裂玉米的改良中应把膨胀倍数作为主要的性状加以改良。对于膨胀倍数的杂种优势、选择响应、有效因子数、基因效应的研究论文很少见, 希望本文能对爆裂玉米今后的遗传育种研究起到一定的指导意义。

1 材料与方法

1.1 试验材料

表 1 杂交亲本的主要特征

序号	亲本名称	膨胀倍数	单穗重 (g)	百粒重 (g)	爆粒率 (%)	株高 (cm)	穗位高 (cm)	生育期 (d)	叶片数
1	P-18	10.0	89.8	15.0	86.1	217.0	85.7	106.7	21.7
2	W-45	7.0	71.4	14.7	63.5	198.0	65.3	99.0	19.3
3	W-23	12.9	69.2	12.6	89.3	218.0	76.7	98.3	19.3
4	W-15	7.5	43.0	9.3	61.9	165.0	47.7	98.0	18.3
5	RL-3	6.6	73.0	15.0	64.5	199.7	86.7	106.7	21.3
6	Y-7	8.7	75.1	13.6	70.6	195.0	61.7	98.7	20.7
7	Y-9	6.8	69.0	13.4	78.9	189.7	71.3	98.7	19.3
8	Y-25	7.0	90.5	15.8	72.5	207.7	72.7	99.3	21.0

收稿日期: 2000-08-23

作者简介: 马晓萍(1969-), 女, 吉林省榆树市人, 吉林省农科院大豆所助理研究员, 硕士, 从事大豆野生资源育种研究。

本试验由 8 份性状差异较大的自交系组成,各试验材料的主要特征及编号见表 1。

1995 年在农大试验田的亲本圃内选择遗传性状差异较大的自交系 8 份,然后将这 8 份自交系按 Griffing 完全双列杂交遗传选配设计方法 2 配制组合,当年收获试验材料 36 份。

1996 年将 36 份材料按随机区组设计播于农大试验田,3 次重复,3 行区,行长 5 m,行株距为 65 cm×30 cm。同年对部分组合自交成 F₂ 代种子和配成回交种 BC₁、BC₂。

1997 年,将 1996 年配制的 F₂ 种子及回交种的 6 个世代种子以随机区组,2 次重复,6 行区,行长 10 m,行株距 65 cm×30 cm,播于农大试验田。

田间管理按常规进行,播种时用二铵做底肥,用量 150 kg/hm²。3 铲 3 趟,趟三遍地时追施硝铵,用量 280 kg/hm²。

体积的测定:以 250 mL 和 1 000 mL 的直筒量筒分别测量爆前体积和爆后体积,以 mL 表示。每次处理样品 200 粒。

加工设备:美国黄金牌高级家庭用爆玉米花机。

爆花率(%) = 爆花粒数/试爆粒数×100%

膨胀倍数 = 爆后体积/爆前体积。

1.2 统计分析方法

1.2.1 显性度(相对杂种优势)和优势指数

按照 Mather(1949)、庄巧生等(1963)的公式:

$$h_p = \frac{F_1 - MP}{\frac{1}{2}(P_1 - P_2)}$$

估算显性度,其中 F₁ 是杂种一代平均值,MP 是两亲本的算术平均数。

按照 $H(\%) = \frac{F_1}{MP} \times 100$ 估算优势指数

并根据 $\delta_{n-1} = \sqrt{\frac{\sum X^2 - (\sum X)^2/n}{n-1}}$

$CV(\%) = \frac{\delta_{n-1}}{X} \times 100$ 估算优势指数的变异系数。

1.2.2 广义遗传力(h_B²)和狭义遗传力(h_N²)

$$h_B^2 = [V_{F_2} - (\frac{1}{4}V_{P_1} + \frac{1}{2}V_{F_1} + \frac{1}{4}V_{P_2})] / V_{F_2} \times 100\%$$

$$h_N^2 = [2V_{F_2} - (V_{B_1} + V_{B_2})] / V_{F_2} \times 100\%$$

1.2.3 最低基因对数

$$N = \frac{D^2}{8(\delta_{F_2}^2 - \delta_{F_1}^2)}$$

其中 D 为两亲本差值。

1.2.4 选择响应

$$\Delta_G = i \cdot \delta_p \cdot h^2$$

其中 i 代表选择强度,δ_p 代表表现型标准差,h² 代表遗传力。

1.2.5 基因效应

首先定义下列各矩阵

$$X = \begin{bmatrix} X_{11}X_{12}X_{13} \\ X_{21}X_{22}X_{23} \\ X_{31}X_{32}X_{33} \\ X_{41}X_{42}X_{43} \\ X_{51}X_{52}X_{53} \\ X_{61}X_{62}X_{63} \end{bmatrix} \quad M = \begin{bmatrix} m \\ d \\ h \end{bmatrix} \quad Y = \begin{bmatrix} P_1 \\ P_2 \\ F_1 \\ F_2 \\ B_1 \\ B_2 \end{bmatrix} \quad I = \begin{bmatrix} I_1 00000 \\ 0I_2 00000 \\ 00I_3 000 \\ 000I_4 00 \\ 0000I_5 0 \\ 00000I_6 \end{bmatrix}$$

其中 X 为平均数遗传分量等数的结构矩阵, M 为估算参数的列向量, Y 为各世代平均数的列向量, I 为平均数方差的倒数。

遗传参数正规方程: $X' M = Y$

有 $X' I X' M = X' I Y$ 设 $K = X' I X$, $B = X' I Y$ 那么有 $M = K^{-1} B$

解此方程得各分量值。

检验模型: 检验各参数估计值的显著性 $u = M_i / SM_i$ $SM_i = \sqrt{\sum IX_i^2}$

2 结果与分析

2.1 F_1 的杂种优势分析

2.1.1 显性度测定

将 28 个组合膨胀倍数的显性度和优势指数的计算结果列于表 2, 并将显性度值的分布情况和优势指数的变异幅度、变异系数列于表 3。

表 2 亲本和 F_1 各组合的膨胀倍数

杂交组合	编号	母本	父本	中亲	大亲	小亲	双亲差值	F_1 平均值	显性度	优势指数(%)
2×1	9	10.07	10.23	10.15	10.23	10.07	0.17	9.50	-7.80	93.60
3×1	10	12.87	10.23	11.55	12.87	10.23	2.63	10.30	-0.95	89.18
3×2	11	12.87	10.07	11.47	12.87	10.07	2.80	8.77	-1.93	76.45
4×1	12	7.73	10.23	8.98	10.23	7.73	2.50	7.60	-1.11	84.60
4×2	13	7.73	10.07	8.90	10.07	7.73	2.33	8.77	-0.11	98.50
4×3	14	7.73	12.87	10.30	12.87	7.73	5.13	13.97	1.43	135.60
5×1	15	6.97	10.23	8.60	10.23	6.97	3.27	8.17	-0.27	94.96
5×2	16	6.97	10.07	8.52	10.07	6.97	3.10	6.90	-1.04	81.02
5×3	17	6.97	12.87	9.92	12.87	6.97	5.90	5.97	-1.34	60.17
5×4	18	6.97	7.73	7.35	7.73	6.97	0.77	6.47	-2.30	87.98
6×1	19	8.67	10.23	9.45	10.23	8.67	1.57	11.27	2.32	119.22
6×2	20	8.67	10.07	9.37	10.07	8.67	1.40	7.20	-3.10	76.87
6×3	21	8.67	12.87	10.77	12.87	8.67	4.20	6.70	-1.94	62.23
6×4	22	8.67	7.73	8.20	8.67	7.73	0.93	7.77	-0.93	94.72
6×5	23	8.67	6.97	7.82	8.67	6.97	1.70	5.93	-2.22	75.91
7×1	24	6.80	10.23	8.52	10.23	6.80	3.43	8.07	-0.26	94.72
7×2	25	6.80	10.07	8.43	10.07	6.80	3.27	8.67	0.14	102.77
7×3	26	6.80	12.87	9.83	12.87	6.80	6.07	7.10	-0.90	72.20
7×4	27	6.80	7.73	7.27	7.73	6.80	0.93	6.77	-1.07	93.12
7×5	28	6.80	6.97	6.88	6.97	6.80	0.17	8.97	25.00	130.27
7×6	29	6.80	8.67	7.73	8.67	6.80	1.87	7.67	-0.07	99.14
8×1	30	7.70	10.23	8.97	10.23	7.70	2.53	7.77	-0.95	86.62
8×2	31	7.70	10.07	8.88	10.07	7.70	2.37	7.07	-1.54	79.55
8×3	32	7.70	12.87	10.28	12.87	7.70	5.17	5.90	-1.70	57.37
8×4	33	7.70	7.73	7.72	7.73	7.70	0.03	7.10	-37.04	92.01
8×5	34	7.70	6.97	7.33	7.70	6.97	0.73	6.00	-3.64	81.82
8×6	35	7.70	8.67	8.18	8.67	7.70	0.97	7.53	-1.34	92.06
8×7	36	7.70	6.80	7.25	7.70	6.80	0.90	7.47	0.48	102.99

由表 2 可知, 呈正向超显性优势的组, 双亲膨胀倍数不一定很高; 而呈负向超显性优

势的组合其双亲膨胀倍数也不是最低的。

表 3 膨胀倍数性状 F_1 杂种优势及变异幅度

项目	负向			无性显	正向			平均	变异幅度(%)	CV(%)
	优势	完全显性	部分显性		部分显性	完全显性	优势			
显性度	<-1.05	-1.05~	-0.95~	-0.05~	0.06~	0.95~	>1.05			
		-0.95	-0.06	0.05	0.95	1.05				
累积个数	14	3	6	0	2	0	3			
平均	79.55	85.66	92.37		102.88		128.3	97.75	57.37~135.56	28.2

由表 3 可知,在 28 个组合中,呈正向优势的组有 5 个,占 17.86%,其中超亲优势组合 3 个,占 10.71%;呈负向优势组合 23 个,占 82.14%,其中超亲优势组合 14 个,占 50.00%;表现无显性的组合没有。由此可知,在 F_1 代中,膨胀倍数性状呈正向优势的组数目明显少于呈负向优势的组数目,即多数杂交组合的 F_1 代表现出低膨胀倍数对高膨胀倍数的部分显性或超显性;少数(约六分之一)组合的 F_1 代表现出高膨胀倍数对低膨胀倍数的部分显性或超显性。

2.1.2 优势指数表现

由表 3 还可知,不同组合膨胀倍数表现出的杂种优势的差异,体现在呈负向优势的比例高于呈正向优势的比例,但呈负向优势的优势表现低于呈正向优势的优势表现,即呈负向优势的平均值低于亲本 21.45%,而呈正向优势的平均值高于亲本 28.3%。优势指数的变异幅度为 57.37%~135.56%,变异系数为 28.2%。

以上分析表明,在爆裂玉米膨胀倍数的 F_1 代中,呈负向优势的比例大于呈正向优势的比例。但呈负向优势的表现型值小于呈正向优势的表现型值,优势指数的变异较大,因此,对爆裂玉米的膨胀倍数的选择有较大的余地。

2.2 遗传力分析

遗传力是关于数量性状最基本、最重要的遗传参数之一。遗传力的大小是育种工作者制定育种方案和进行性状选择的依据。生物性状的遗传力是亲代传递给子代某一性状的能力。遗传力越大,亲子的相象程度也越大(表 4)。

表 4 表明:爆粒率、膨胀倍数、加性基因方差在基因型总方差中所占比例较大,其值分别为 93.55%、91.99% 和 98.92%,并且其广义遗传力值也较高,分别为 95.96%、90.74% 和 81.15%,因而,它们的后代容易稳定,适合于早代选择。

表 4 爆裂玉米主要性状的遗传力 %

项目	h_b^2	h_N^2	h_N^2/h_b^2
爆粒率	95.96	89.77	93.55
膨胀倍数	90.74	83.47	91.99

2.3 膨胀倍数性状有效因子数的估计

基因的数目决定性状的遗传规律,了解控制某一性状的基因对数,在育种中对该性状的选择有着积极的作用。采用数量性状估算基因数目的方法,通过计算得出爆裂玉米膨胀倍数的基因数目 $N=6.2104$,说明至少有 7 对等位基因影响着膨胀倍数的表现。

2.4 膨胀倍数的基因效应分析

本试验对组合 8×5 进行膨胀倍数基因效应分析,其结果列于表 5。

由表 5 可知: $\chi^2=0.8426 < \chi_{0.05}^2$,即卡方测验不显著,说明爆裂玉米膨胀倍数的遗传符合加性-显性模型。对表中的 3 个参数做 α 测验,结果加性效应达显著水平,而中亲值和显性效应达极显著水平,进一步说明其遗传符合加性-显性模型。此外,由爆裂玉米主要性状的遗传力可知,膨胀倍数的广义遗传力和狭义遗传力都比较高,因此,决定爆裂玉米膨胀倍

表 5 组合 8×5 膨胀倍数的基因效应分析

参 数	m	[d]	[h]	X ²	X _{0.05} ²	遗传进度
参数值	5.921 7	2.564 4	-3.633 9	0.842 6	7.81	3.243 3
标准误	1.214 7	1.225 5	1.321 8			
U 值	4.013 4* *	2.092 5*	-2.749 2* *			
u(0.05)	1.960	1.960	1.960			
u(0.01)	2.567	2.567	2.567			

数性状在早代选择有效。在本研究中,估算了 5% 选择压力下的选择响应,其结果表明,在 5% 的选择压力下有希望使爆裂玉米膨胀倍数提高 3.243 3 倍。

综上所述,爆裂玉米膨胀倍数的遗传属于数量性状遗传,符合加性-显性模型,其遗传力较高,选择响应较大,适合早代选择。F₁ 代存在杂种优势,且多数组合表现倾向膨胀倍数较高的亲本,个别组合有超亲优势。

通过对基因效应分析和有效因子数的分析,证明了膨胀倍数主要是通过基因加性效应起作用,至少有 7 对等位基因对该性状的表现起作用。

参考文献:

- [1] 王玉兰. 作物育种学[M]. 哈尔滨:黑龙江农业科学技术出版社,1991.
- [2] 刘纪麟. 玉米育种学[M]. 北京:农业出版社,1991.
- [3] 翟凤林. 作物品质育种[M]. 北京:农业出版社,1991.
- [4] 马育华. 植物育种的数量遗传学基础[M]. 南京:江苏科学技术出版社,1982.
- [5] 裴新澍. 数理遗传与育种[M]. 上海:上海科学技术出版社,1987.
- [6] 刘来福. 作物数量遗传[M]. 北京:农业出版社,1984.
- [7] 余庭跃. 玉米自交系及其杂交种性状间相互关系和杂种优势简析[J]. 重庆农业科技,1989,(2):42-44.
- [8] 潘桂娣. 爆裂玉米的爆裂性及影响因素[J]. 作物品种资源,1989,(2):17.
- [9] Singh R K. Biometrical method in quantitative genetic analysis, New delhi. 1979.

Study on Inheritance of Seed Expansion Times in Popcorn

MA Xiao-ping, YANG Zhen-yu, et al.

(Soybean Institute of Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100, China)

Abstract: In this experiment, 8 popcorn breeds which have remarkable genetic divergence were selected to make crosses by method II of Griffing. F₁s of all crosses, F₂s of some crosses, back-crossing generation and parents were used to study inheritance of progenies on seed expansion times characters which included: hybrid preponderant performance, inheritable ability, selection responses, number of affection genes, gene effect. The results showed: seed expansion times character has hybrid preponderance. In F₁ generation, the number of positive preponderant crosses in seed expansion times character was obviously less than that of negative ones, the number of non-dominant crosses was 0. Seed times expansion character is suitable to select in early generation for its inheritable ability is higher and selective responsibility is bigger. Base on this study, there were at less 7 pairs allele genes controlled the performance of times of seed expansion character. Analysis of gene effect showed that genetics of seed expansion times character was fitted to the additive-dominant model, but additive effect was most important.

Key words: Popcorn; Seed expansion times; Inheritance study