

国外农业科技资料

(38)

——生物统计与田间试验

沈阳农学院科技情报室编译

1983.3

说 明

这本译文集由我院“生物统计与田间试验”教研室供稿，主要翻译了国外部分生物统计方面的资料，介绍了国外在农作物、果树、蔬菜、植保、畜牧兽医等学科生物统计方面的新成就。现汇集成册，供参考。请予以批评指正。

沈阳农学院科技情报室

目 录

生统遗传学的生物统计学研究途径.....	(1)
水稻的障碍型耐寒性与花器性状的关系.....	(7)
黍稷产量的变异性决定于小区大小.....	(15)
甜菜白粉病：病害与减产的估算.....	(19)
随机变数变换的分布理论.....	(24)
生物统计方法摘译.....	(28)
根据乳牛泌乳曲线实验公式推测305天产奶量.....	(42)
基因型和环境间的相互作用.....	(48)
灌水的小麦对氮肥和氮肥残效的反应.....	(59)

生统遗传学的生物统计学研究途径

Kenneth Mather 和 John L. Jinks

一、多基因系统的表示

经我们详细考查过的证据证明，连续变异是部分可遗传的和部分不遗传的，而两种组分只要用合适的繁殖试验是可以分开的。不遗传的组分部分起源于外界环境因素差异的效果，但也可以反映个体内部发育上的浮动。如在果蝇试验上所验证的那样，变异的遗传组分与分散在所有染色体上的许多位点上的基因有关，而这些基因在一个多基因系统中共同起作用。由于组成的这些基因对表型的微小的、相似的和互补的效应，这样的—一个系统在特质上产生出连续变异，在该系统中单个基因的效应不可追迹，只有使用特殊的技术，比如利用在象果蝇这样仔细研究过的物种上。

就我们所知，多基因系统具有群体一般结构的性质，及其变异的性质和对选择反应的性质 (Mather 1973)。然而，这些并非我们目前所关心的，它们属于连续变异的遗传分析，而连续变异是这个系统所独特产生的。

多基因系统及其所产生的连续变异的一个极简单的例子为图 4 的上半部所阐明。包含有 A—a 和 B—b 两对基因，由大写字母所注明的等位基因每一个对性状的表现增加一个单位，而用小写字母所阐明者每一个从表型减少一个单位。假设这些基因表现无显性，亦即杂合体 Aa 或 Bb 的表现为相应纯合

体 AA 和 aa 或 BB 和 bb 表现之间的中值。而两个位点上的基因效应以一种简单的加性形式而互相补充，并且等位基因 A 和 a 频率相等而 B 和 b 也是如此。假定在两个位点上的基因在它们的分布上无关，因此不同基因型所表现出的频率是在 F_2 通常得到的频率，此处基因是不连锁的。在图的顶部表示出该家系的基因组成，而且在不存在非遗传的变异时，表现型的分布可立即表示在该图的下面。由于不存在显性以及非等位基因的简单加性效应，任何基因型的表型表现在大写字母 (指明增强性状的等位基因) 和小写字母 (指明减弱性状的等位基因) 的数目之间存在成比例的差异。某些基因型象另一些基因型一样产生相同的表型结果，最明显的例子是由 Aa Bb, AA bb 和 aa BB 所提供的，它们都给出一个中间性的重量和最普通的表型等级。这种与几种基因型相联系的表型的相似性与在家系中的某些基因型的较高的频率相结合产生出一种频率的分布，在这种分布中，中间型的表现最多，而极端型的表现最少，正好是连续变异的特征。因为增强性状的每一个基因内由一个等量的减弱性状的等位基因相搭配，分布具有平均数 (\bar{x}) 为 0，变量 (v) 为 1 并且分布是对称的。

我们所以改变建立在假设上的模式。例如，假若我们在一个位点上或两个位点上引进显性比如说 A—a，此时 Aa 不再落在 AA 与 aa 之间的中点上，而是具有象 AA 那样的表型。基因型以与前述相同的频率而存在，则 Aa BB 具有 2 的表型象 AABB 一样，Aa Bb

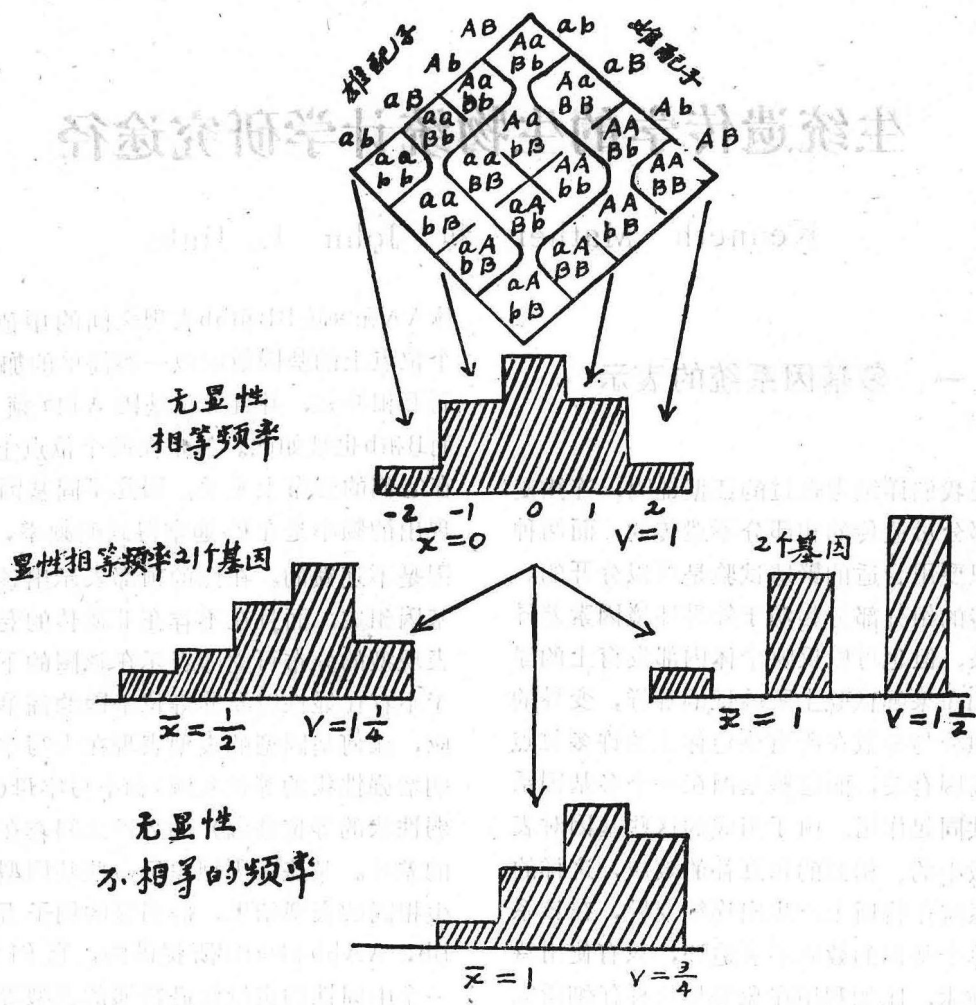


图4 连续变异的多基因解释。最上部的柱形图表明相等效应的、加性效应的、无显性的两对基因的表型分布，并忽略掉非遗传的变异。等位基因A和a以及B和b的频率是相等的。每一个大写字母对表型的表现加 $\frac{1}{2}$ ，而每一个小写字母加 $-\frac{1}{2}$ 。中间的两个柱形图左边者表示一个基因的显性效应，右边者表示两个基因的显性效应。无显性的小写字母所注明的基因当与大写字母注明的它的等位基因杂合时表现出显性。基部的柱形图表明不等位基因频率的效应：假定A和B的频率是 $\frac{2}{3}$ 而a和b的频率是 $\frac{1}{3}$ 。在每一柱形图的下面标出平均数(\bar{x})和变量(v)。在本例中，不管是显性还是不等基因频率在分布上都出现不对称性。

和AABb一起具有1的表型，而Aabb与AAbb及aaBB一起具有0的表型，剩下的aaBb和aabb分别具有-1和-2的表型。表型的频率分布就这样地变化成为图4(中左)所示的那样。平均数已经从0提高到 $\frac{1}{2}$ ，变量已

经提高到 $1\frac{1}{4}$ ，而分布在低值一端具有长尾是不对的。使A与B对它们相对应的等位基因都具有显性使分布的改变更大。平均数进一步提高到1而变量进一步提高到 $1\frac{1}{2}$ ，而不对称性大到极端大的表型最多以致于某些表

型一起消失掉了。

现在再让我们回到无显性的假设，但改变基因的频率，因此A和a以及B和b在群体中不再一样多了。让A以三倍于a的频率而出现，B以三倍于b的频率出现，或者以另外一种方法表示，使基因的频率为 $\frac{3}{4}A$ ， $\frac{1}{4}a$ 和 $\frac{3}{4}B$ ， $\frac{1}{4}b$ 。象图4顶端的原始模式一样基因型将产生相同的表型，但它们将以不同频率出现。因此AABB个体的比例将是

$$\frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{81}{256}$$

$$\text{率每一种将是 } 2 \times \frac{3}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{54}{256}$$

等等。表型最终的频率分布由图4的下部所表示。在某些方面改变分布类似于由显性引起者：平均数也是提高到1，而分布是不对称的，向着低值的一端具有长尾。然而这个新的分布与由显性产生者不同，这种分布的方差并不提高，而事实上由1减低到 $\frac{1}{4}$ 。因此不论是显性假设还是不等基因频率的假设都导致表型分布的统计性质的改变，并且每一种产生它自己独特的改变的一致性。

虽然连续变化性状的分布具有广泛的一致性，图4的分布在一个重要的方面与它不同，由于表型分成少数的间断等级，它们并不是严格的连续的。差异起源于三个简化的我们已经做成模式的假设，根据这些假设导出图4的频率分布。首先我们假设A—a和B—b的效应是相似的：假若我们没有做这样的假设较多的表型是可能的。第二，我们假定不存在非遗传的变异：它的存在会模糊由不同基因型所造成的表型分级的界线并使它们重叠，因此产生连续变异。第三，我们所考虑的是只包括两个基因对的一个很简单的多基因体系，当两个基因对的作用相等时非遗传效应除外，它们只产生五种表型等级。图5阐明提高系统中基因对数目的影响。由于包括四个位点，有九种表型等级，而具有八个位点有十七种。因此，在极端的表型之

间给定的相同的整体差异由每一基因代换所产生的阶差是小的，而一个给定的改变需要较多的基因代换去产生它在体系中有较多的基因。结果极近似于连续变异，而且虽然在理论上表型的分布仍存在有小的不连续性，减少非遗传变异的数量将有助于修饰它并产生完全的连续性。

在图5中表示出关于分布还有一点应当被看到。它们的一切都是根据无显性的假设和在每一个位点上两个等位基因的相等频率。其结果所有的分布是对称的并具有0的平均数。但是分布的变量因基因对数的增加而减少，具有四个基因对的是具有两个基因对的一半的变量，具有八个基因对的是具有两个基因对的四分之一变量。再次我们可以看到多基因体系的遗传性质的形式有特点的反映出表现频率分布的统计性质。

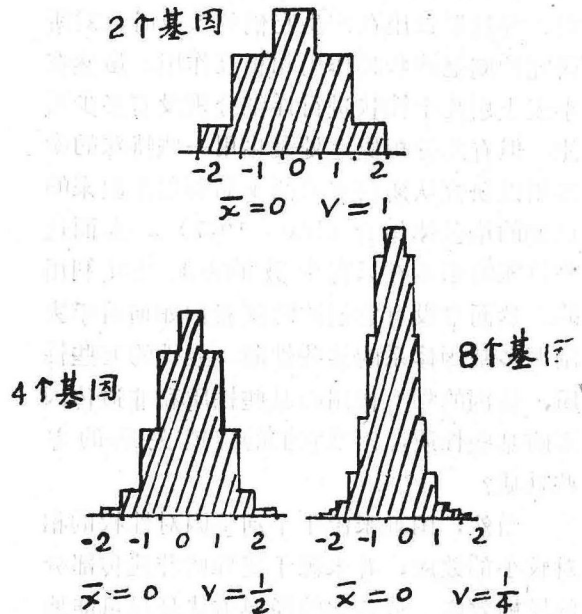


图5 在多基因体系中基因数目改变的效应。三个柱形图表示在体系中分别包括二个、四个和八个基因的分布。在所有的情况下基因的频率是相等的，而且在体系中的基因具有相等的效应和加性效应，而不具有显

性。在性状的最高的和最低的表现之间的幅度在三种情况下是相同的，在四个基因和八个基因情况下的基因分别具有在两个基因情况下每个基因的一半和四分之一的各自的效应。基因型类别和表型类别的数目因基因数目而增加，并与近似于完全的连续变异相密合。分布的平均数是不变的，而变量的下降与基因的提高成反比。

二、遗传分析和体质分析

应用在果蝇上所利用的特殊的亲本和繁殖方法，使我们不仅能够识别由多基因体系所提供的连续变异的遗传部分（确实认识到这样的体系提供了了解连续变异的基础），很早以前这样的试验用果蝇进行，而且至少能在染色体内定位和计算在体系中的某些基因，并且调查出在产生它们的效应时，对所研究的刚毛性状的作用和相互作用。虽然在小麦上用几个性状进行详细分析没有多少可能，但有几分相似之处是也用一些特殊的亲本用以研究从所研究的两个品种衍生出来的已知的染色体组合（low, 1967）。然而这些特殊的亲本在只有少数的种上是可利用的。然而在没有它们的时候我们如何着手去阐明多基因体系的某些性质，显性的某些性质，基因的相互作用的某些性质和非遗传因素的某些性质，以及它们的连锁关系的某些性质？

当然，困难来源于个别基因对性状的相对较小的效应，并来源于变异的非遗传部分的模糊效应。遗传学的经典方法是尽可能地把许多基因分离开来研究它们的个别特性，而这就是不管怎样到目前为止已经用果蝇做过的，利用它们的染色体的特殊部位，象分离的一些基因那样作为识别它们的基础。在理论上，当不可能把个别的基因确定到特殊染色体的特殊部位时，我们可以按照连续变

异的任何例证这种方法处置。我们可以设法控制环境，而把生物有机体培育在这种控制环境中以便减少非遗传的变异及其对基因分离的修饰作用，虽然在非遗传的变异范围内起源于发育的机会效应而不是起源于外界因素的影响，这种变异不能够完全消除。我们可以设法从群体中或从杂交的后代中产生自交系用来研究，如此则至少部分地把多基因系统分成较小因素，与较少的基因差异有关，并给我们提供可重复观察的平均数和后代测验不管到怎样的程度对确定不管多么少小的遗传差异都是需要的。需要许多这样的自交系，并在缺少特殊的亲本时多代的近亲繁殖给我们以所需要的材料。并在最后当我们就要把多基因体系的各部分重新放在一起以便看它们互作的形式，我们必然再一次面对许多遗传的复杂性，而这些复杂性我们一直在设法去战胜它。这样的研究途径显然不是一般的实际问题。

分解多基因体系的不同途径多次被采用过，那就是把所研究的性状在理论的预期上分解成组分的亚性状，于是这些亚性状比之整个性状本身可在较简单遗传控制的情况下被证明，并因此易于分析。因此小麦植株的产量可以看作是由植株所生产的平均粒重、每穗平均粒数和穗数的乘积。假若不同的基因调节这些个别的亚性状的话，那末至少我们在简化从遗传上分析产量的连续变异的问题上作了一个开端，尤其是我们能够在减少变异的非遗传组分的同时更是这样。

事实上，就相信通过被叫做体质分析的研究方法而言，某些领域具有作为遗传分析辅助的价值。Spickett (1963) 曾报导他能够根据果蝇染色体的部位鉴别它们的基因，所有这些基因作用于尾侧部刚毛的数目，并以不同方式起作用，一种是决定毛梳位于特殊节的部位效应，而另一种是一般地决定分布的效应。在有些粗略的水平上，已知基因作用于尾侧刚毛的数目，而不作用于腹部刚

毛的数目或正好相反。但已知的另外一些基因同时作用于两个部位的刚毛。这些基因可被不是对尾侧和腹部的效应而识别，并且它们在表型分布上产生不连续性，因此可用孟德尔的技术去查明。假若它们的效应限制在所考虑的刚毛上，并且小得不足以产生个别的可发觉的特征，它们同时在家系或群体中分离，则我们应当发现企图从另一组中分别出分析一组刚毛的遗传控制在事实上并不能简化问题；由于当这个体质分析适合于分离某些基因时，并不分离另外一些既作用于亚性状又作用于在两种分析中都出现的基因。在两个亚性状的变异由于某些基因共同作用于二者应有相关，但仅一部分如此，因为另外一些基因只具有单独的作用。

这种情况在孟德尔遗传学上是平凡的事例，拿植物的花色为例，已知一些基因既作用于花青素色素又作用于花黄素色素，而另外一些基因只作用于一种色素，还有一些基因作用于另外的色素。甚至后者的这些基因也可导致两种色素的相关效应，由于色素的两种类型可分享一种共同的前驱物，有限量供应时，这种前驱物将被利用于较大量地生产一种色素类型，由于基因的作用，假若另一种色素类型生产较少并导致对前驱物较少的要求。因此两种类型色素的数量之间产生一种负相关。

得自连续变化性状体质分析的尝试中的证据与这种理论的期望一致。假若我们把禾谷类子粒的产量细分为平均粒重、每穗平均粒数，和每株穗数，我们发现在这些亚性状之间有相关，大多数情况是一个负相关。同理甜菜糖的产量是块根中含糖百分数和块根重量的乘积；但二者是负相关，而且用选择的方法提高块根的产量相对的容易，可是含糖百分数则趋于下降，相反亦然。在探求选育糖产量时，用两个性状分别处理的方法得不到多大的好处，由于其体质分析的值尽管很大，其一部分却被它们之间的负相关所抵

消。

在基因及其中间生化产物的基础水平上，在基因的改变和产物的改变之间可能有一种简单的一对一的相应性，正如我们在血红蛋白和酶这种蛋白质的变异上所看到的。但是当我们叙述我们所讨论过的这类性状时，在生化上和发育上离基因的初级效应较远，发育上的复杂性正好保证性状被许多基因所影响，如果我们发现了这些基因对有机体所有表型的所有影响时，一个基因可被发现影响许多性状，并确实通常如此。除非在极其基本的水平上，体质分析和遗传分析在简单的形式上将不同时进行，并且把表型的改变与基因型的改变联系起来的唯一形式将是分离基因并确定它们的效应。体质分析只在事先的遗传分析生效之后是有用的：对遗传分析本身来说，它并非一种通常可靠的前奏。对只在实验和观察已证明它的应用是有理而且实用的，就遗传目的而言它是有用的；在我们涉及到的连续变异的方面，一般来说，由于基因在分离中我们不能期望是容易辨别的，我们不能期望用预先的体质分析去克服现状的内在的困难。

三、生统遗传学

假若我们接受大多数情况，我们就不能区分任何单独的基因，为其分布提供连续变异（甚至用果蝇的特殊亲本我们也不能区分它们的一切），我们必须满足把适当的多基因体系作为整体看待。由于我们不能把分离等级的一种与另一种区分，我们不能够采用建立在象经典的孟德尔方法那样的等级频率的分析形式。样而，我们可以识别表型频率分布的生统特性，表型频率的分布是我们的素材，我们可以估算统计量，平均数、变量等等，它们决定分布的特征。如我们已经看到的那样，这些参数可以反映，并且具有特性的反映产生遗传变异组分的多基因体系的

特性。于是以连续变异为基础，用分析统计量的方法，我们能够找到基因性质的资料，统计量决定与家系和群体有关的表型的频率分布的特征。我们必须预期这样所得到的资料并不正好相似于由经典的遗传分析所产生者。特别是，由于我们并不是追踪个别基因，我们不了解它们的个别特性：由于我们把体系看作是一个整体，我们将得到其许多基因成员的联合性质或平均性质的资料。同时，由于我们考虑的是性状表现的所有变异，因此应当把所有适当的基因都纳入推算，用孟德尔技术或识别和了解个别基因我们从未达到目的，因为不可避免的一定有一些相对较小效应的基因逃避了识别。

在任何家系或其他适当的组中的个体的表型产生对我们有用的两个统计量，分布的平均数(由于对 x 它是线性的是一个初级的统计，是度量性状表现的)和变量(由 x^2 有关的次级统计)。此外，任何一对有关的家系或组可能产生相互作用，它也是次级统计。也可以获得高次的统计，值得注意的是度量斜度(与 x^3 有关)的三级统计和度量陡度(与 x^4 有关)的四次统计。然而，这些很少被用在遗传分析上，因此我们就不再考虑它们了。我们应当集中注意力于遗传资料上，这些遗传资料在个体的有关家系或组的平均数。变量和相互作用中间的比较中可被推导出来。我们要去解释代表我们可能感兴趣的不同的遗传现象的影响的适合的参数。已经规定了这些参数，就我们试验中的家系或组的平均数、变量和相互作用而言把期望值公式化。所观察到的平均数等于是与这些期望值有关，按照这样的办法以便产生参数的估计值，并测定它们的显著性。

在任何试验中，我们都可能遇到遗传现象的复杂性。特别是当我们必须期望涉及许多基因，而所有这些基因一个对另一个的关系都不相同时：诚然我们已经看到这一点，就是调节果蝇尾侧刚毛数目变异的体系的情

况，此处 x 染色体的基因与II和III染色体的基因相互作用，虽然除了加性关系而外，II、III染色体不表现任何方面的迹象。这种现象上的复杂性，使参数的多样性符合大型试验和复杂试验以外的结果，考虑把所观察的统计学的理论值列成公式时参数是必需的，从参数估计理论值比用统计量估计用得更多。因此某些简化在方法上必须进行：只有那些被看作是具有重要性以及资料可应付的参数应当引入原始的分析，而其它的则视需要而定。

在原始的分析中所应用的最简单的遗传公式被用作代表基因加性效应的及其显性性质参数的那一些。假设试验材料是充实的，试验设计妥善而且统计分析可靠，于是我们可以估算这些参数，并测定原始简单公式对观察值的适合度。假若证明是足够的适合，我们没有理由去要求更复杂的遗传状况。另一方面，假若证明适合度不够，可去考虑较复杂的编入较多参数的公式，代表非等位基因、连锁基因和任何看来适合的基因之间的相互作用。反过来这也证明对适合观察值也不够适合，而且资料本身足够的广泛，可探索可能有更复杂的一组参数，代表更复杂的遗传情况。

在下列的章节将发挥和阐明这一途径。我们将从考虑在稳定繁殖系之间杂交的基础上，控制繁殖试验所得到的资料开始，然后转向较难以从随机交配群体得来的资料的分析，正如经典遗传学开始于实验性的杂交，而后来从事于群体的遗传分析一样。

译自《Introduction to Biometrical Genetics》，pp21—31，1977.

Chapman and Hall Ltd

译者 徐锦

校者 赵仁鎔

水稻的障碍型耐寒性与花器性状的关系

Ⅱ. 分离世代的花器性状与障碍型耐寒性的关系

铃木正一

(名古屋大学农学部, 名古屋市)

用金南风(障碍型耐寒性弱) × 染分同极强的 F_2 及 F_3 对花器长、柱头长与障碍型耐寒性的关系进行了研讨。用以下的两种方法推断了两性状的关系。(1)由用 F_2 测定的花药长及柱头长和用 F_3 品系评价障碍型耐寒性的程度之间的关系进行推断的方法。

(2)把 F_2 个体在分蘖期分株由具有同一基因型的分株个体的药长、柱头长和障碍型耐寒性的程度之间的关系进行推断的方法。其结果发现(1)的方法在药长和不孕指数

($\arcsin\sqrt{\text{不孕率}}$)之间,(2)的方法在药长、柱头长和不孕指数之间,各自存在着负相关。还发现两种方法药长和柱头长的积和不孕指数之间存在着负相关。从表示不孕指数(y)与药长(x_1)及柱头长(x_2)的关系的复回归式 $y = 122,944 - 17,462x_1 - 45,877x_2$ 看出,药、柱头都长的比只是药或柱头长的,障碍型耐寒性的程度高。药长、柱头长对不稔指数的影响大约占35%

($R^2 = 0.3449$)可以把两性状做为障碍型耐寒性的一个指标。

绪 言

关于水稻的障碍型耐寒性和花器性状的关系,曾有过耐寒性程度高的品种具有长花药的报告(桥本 1961)。还有,著者在前报

曾报告(铃木1981)药长、柱头长在不同品种间差异显著,以及近年育成的耐寒性品种有长药(はやゆき, シモキタなど)或长柱头(北稔, イイラセなど)。本报告就是研讨在分离世代,把药长、柱头长做为障碍型耐寒性的选择指标来用是否可能的问题。

材料及方法

对在分离世代,药长、柱头长和障碍型耐寒性的关系用以下的方法进行了推断。即用以下两种方法:对 F_2 个体的药长、柱头长进行测定,第二年对 F_3 品系用低温处理,以调查障碍型耐寒性的程度,并从 F_2 个体和 F_3 品系之间的相关关系进行推断的方法(1978—1979年)以及把 F_2 个体分株从具有同一基因型的分株个体的药长、柱头长与障碍型耐寒性的程度之间的关系进行推断的方法(1980年)。

1978年:将金南风(障碍型耐寒性弱,短药,短柱头) × 染分(同极强,长药,长柱头)的 F_2 种子,在5月上旬,进行床播,在5叶展开期往苯乙稀制的杯(口径9cm,深度13cm)中移植。每杯中栽一株,在水田里把杯排开,在自然条件下进行了栽培。施肥是

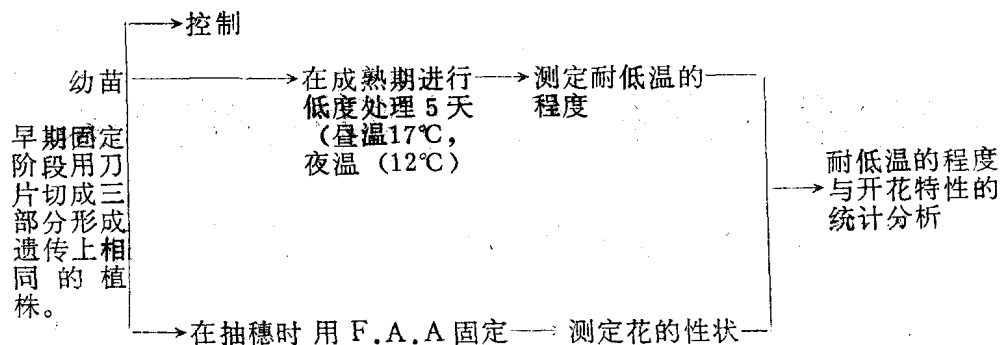


图1 1980年试验程序

用合成肥料 (N: 12%、P: 5.0%、K: 10%)、移植一周后, 在7月上旬及8月上旬每杯施 0.5 克液肥。在出穗日, 对每个个体用富尔马林、醋酸、酒精混合液 (F·A·A) 固定 1 穗。在测定时, 从上位, 从第 2、3、的一次枝梗, 用了第 3、4、的颖花。测定颖花在显微镜下进行解剖, 用投影机 (Micro viewer m—400, Hoken Shizai Hanbai Co., Ltd.) 进行。从柱头毛的着生位置到先端的长度做为柱头长 (铃木 1981)。

1979年, 在1978年, 从测定过药长及柱头长的F₂群体, 随机取 50 个个体, 做为F₃品系, 进行了障碍型耐寒性的评价。用与1978年同样的方法, 每个品系栽培38株。把从叶耳间长认为处于减数分裂期的个体 (叶耳间长 - 5~0cm) 移入人工气候调节器 (昼温17°C, 夜温12°C) 进行了五天的低温处理。低温处理后用第7~9天出的穗, 调查了不孕率。

1980年: 把金南风×染分的F₂种子在5月上旬播种。为了促进分蘖的生育, 降低播种的密度 (3cm间隔) 在第2个分蘖的3叶期, 将主干和分蘖用安全剃刀切离分别移植在杯中。栽培管理和1978年同样进行。为了研讨分蘖对药长、柱头长的影响。随机选 18 组 (从主干形成的个体和从分蘖形成的个体) 在出穗日, 用F·A·A固定, 测定了药长

和柱头长, 就这些性状进行了调查。

如图1所示, 在分株个体之中, 把一株做对照栽培到成熟期, 1 个体在减数分裂期移入人工气候调节器 (昼温 17°C, 夜温 12°C), 进行 5 天的低温处理。对另一个个体, 在出穗日, 每个个体用 F·A·A 固定一穗, 测定了药长及柱头长。药长、柱头长及不孕率的调查方法分别与1978年和1979年一样。

因为1979年, 1980年在对照区均未有发现异常不孕的现象, 所以按着鸟、山蓬原 (1960) 方法做为表示障碍型耐寒性的程度的指标, 用角度变换值 (不孕指数 = $\arcsin \sqrt{\text{不孕率}}$), 表示了低温处理个体的不孕率。

结 果

1978~1979年的结果

F₂ 的药长和柱头长的关系, 如表 1 所示。药长从 2.01mm 到 2.75mm 之间, 柱头长从 0.78mm 到 1.40mm 之间分布着。药长和柱头长之间的相关关系基本上没有发现 ($r = 0.169^{**}$)。用畑村 (1964) 的方法, 从F₂和亲本的方差求广义的遗传率, 则得到了药长为0.87、柱头长为0.85的值。F₂个体的药长和不孕指数的F₃品系平均的关系, 如表 2 所示, F₂个体的柱头长和不孕指数F₃品系平均的关系如图 3 所示。不孕指数的F₃

图形1.

F₂的花药长度与柱头长度 (1978)

花药长度 (m.m.)	柱头长度 (m.m.)												总计	
	0.75-0.80	0.80-0.85	0.85-0.90	0.90-0.95	0.95-1.00	1.00-1.05	1.05-1.10	1.10-1.15	1.15-1.20	1.20-1.25	1.25-1.30	1.35-1.40		
2.00—	1	k		1	1	2	1	1					7	
2.05—	1	1	2	1	1	2					1		10	
2.10—		2		2	2	4	3		1				14	
2.15—	2	2*	3		1	4	1	2	1*	1			17	
2.20—		5*	3		2	3	4	3*	3	1*			24	
2.25—	1	2	3**	9*	6	11*	11*	6	2				51	
2.30—	5	3*	5	2	10	15**	13*	9*	8***	2			72	
2.35—	1	3	7**	11	6*	4*	10*	13*	8	4*	2		1 70	
2.40—	4	2	6*	3*	5*	6	21***	7	7*	2			63	
2.45—	1	2	6*	4*	5*	6*	13	9	5*	6**	1		58	
2.50—			6*	4*	4	5	9**	8	9**	1	1		47	
2.55—	1	2*	3*		2	3	3	5*	4	1	1		25	
2.60—		2	3*		1	1*	1	1	1	1			11	
2.65—		1		1	1			1			1		5	
2.70—							S		1		1		2	
2.75—					1								1	
总计	1	19	31	51	33	46	73	93	60	46	17	6	0	1

*: *号相当于所达到的随机线。

K, S: 父母本品种Kinmaze与Sonewake

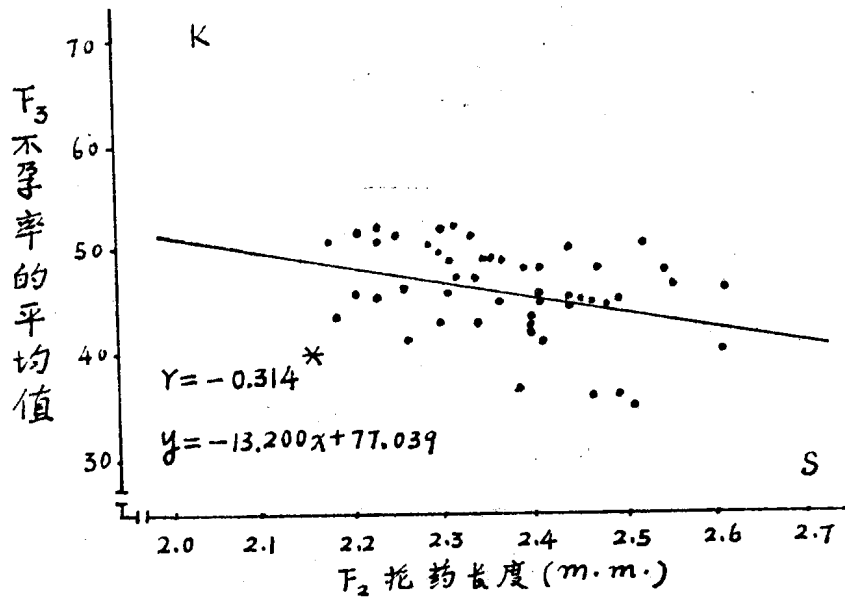


图2. F₃不孕率的平均值与F₂花药长度

K, S: 父母本品种Kinmaze与Somewake.

*: 显著程度在5%平准。

品系平均值分布在33.90~54.34之间，没有发现像金南风那样具有较高的平均不孕指数的品系。在 F_2 个体的药长和不孕指数的 F_3 品系平均值之间发现显著的负相关，但相关系数为 $r = -0.314^*$ ，是比较小的值。另一方面，对柱头长之间来说， $r = -0.265$ 不显著。再如图4所示，用 F_2 的药长和柱头长之积时，与不孕指数的 F_3 品系平均值的相关比只用药长时为高（ $r = -0.377^{**}$ ）。

1980年的结果

F_2 的主干和分蘖个体的药长及柱头长的值如表2所示。方差分析的结果，在分株的个体，也没有发现个体间显著的差异。在由主干形成的个体和由分蘖形成的个体之间没有发现差异。因此，使由分株得到的具有同一基因型的个体的药长、柱头长和不孕指数相对应，进行以下的解析。

分株的 F_2 个体的药长和柱头长的关系如表3所示。药长在1.91mm到2.61mm之间，柱头长在0.86mm到1.23mm之间分

布。发现药长和柱头长之间存在着显著的正相关，但相关系数为 $r = 0.316^{**}$ ，显示出比较小的值。从 F_2 及亲本的变异量求药长及柱头长的广义的遗传率，则分别为0.74和0.84。

药长、柱头长和不孕指数的关系如图5及图6所示。发现药随着柱头变长，不孕指数有变低的倾向。相关系数在药长和不孕指数之间 $r = -0.363^{***}$ ，在柱头长和不孕指数之间 $r = -0.552^{***}$ 。再如表7所示，发现用药长和柱头长之积时，有显著的负相关（ $r = -0.589^{***}$ ）。

因此，用奥野（1971）的方法，将不孕指数（ y ）做为目的变数（被说明变数），药长（ x_1 ）和柱头长（ x_2 ）做为说明变数，求复回归式，则

$$y = 122,944 - 17.462x_1 - 45,877x_2$$

寄与率 $R^2 = 0.3449$ 。进一步将各变数标准化时，则

$$y' = 0.209x'_1 - 0.486x'_2。$$

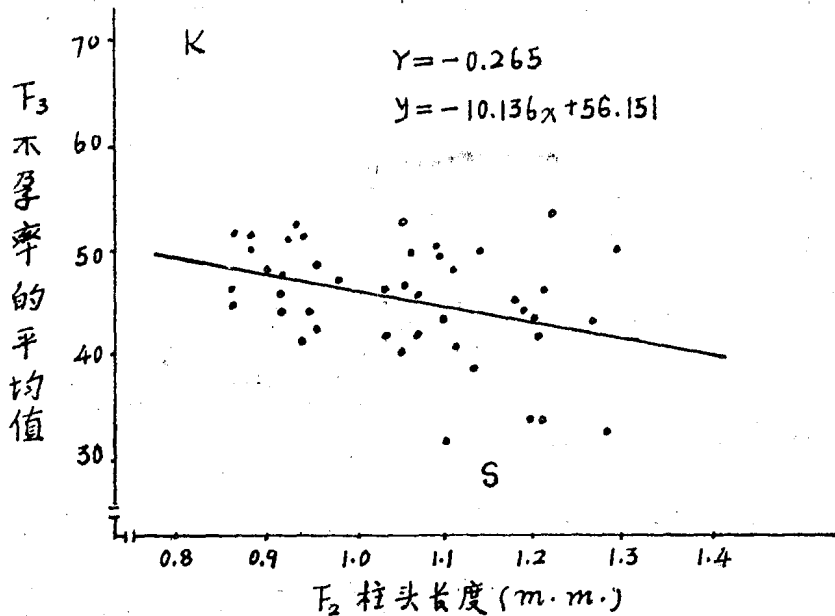


图3. F_3 不孕率的平均值与 F_2 柱头长度

K, S: 父母本品种Kinmaze与Somewake

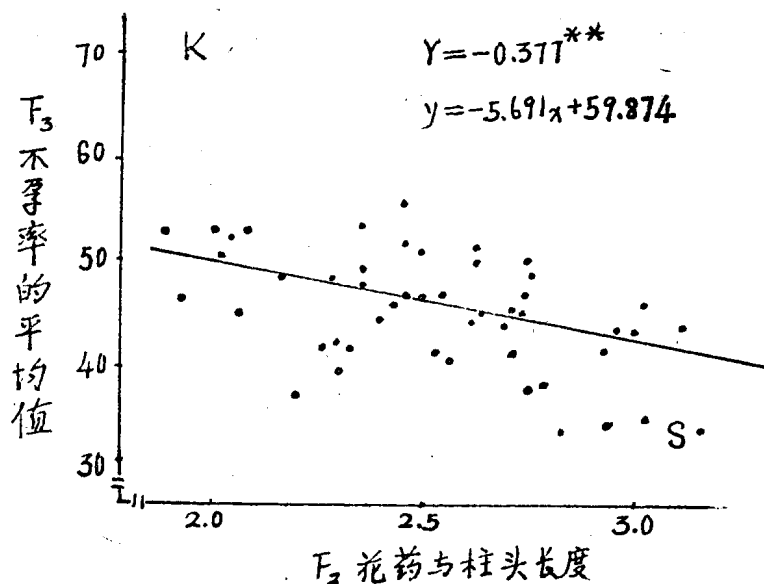


图4. F₃ 不孕率的平均值与F₂ 花药和柱头的长度

K, S: 父母本品种 Kinmaze与Somewake
 **: 显著程度在0.1% 平准。

图形 2

F₂ 的开花特性分成阶段

附号*	植株由主茎形成 (M)		植株由幼苗形成 (T)		M—T	
	花 药 长度 (m. m.)	柱 头 长度 (m. m.)	花 药 长度 (m. m.)	柱 头 长度 (m. m.)	花 药 长度 (m. m.)	柱 头 长度 (m. m.)
1	2.59	1.13	2.47	1.07	0.12	0.06
2	2.46	1.19	2.53	1.15	-0.07	0.04
3	2.42	1.01	2.39	1.06	0.03	-0.05
4	2.42	0.99	2.38	0.98	0.04	0.01
5	2.41	1.05	2.32	1.00	0.09	0.05
6	2.39	0.96	2.44	1.03	-0.05	-0.07
7	2.39	1.06	2.43	1.13	-0.04	0.07
8	2.37	1.04	2.40	0.97	-0.03	0.07
9	2.35	0.98	2.24	0.96	0.11	0.02
10	2.32	1.13	2.26	1.16	0.06	-0.03
11	2.32	1.06	2.24	1.05	0.08	0.01
12	2.31	0.76	2.27	0.77	0.04	-0.01
13	2.29	1.07	2.38	1.07	-0.04	0
14	2.28	0.99	2.26	0.98	0.02	0.01
15	2.26	0.98	2.36	1.03	-0.10	-0.05
16	2.17	0.98	2.12	1.07	0.05	-0.09
17	2.10	0.99	2.24	1.14	-0.14	-0.15
18	2.09	0.94	2.01	0.99	0.08	-0.05
平均	2.83 ± 0.12	1.02 ± 0.09	2.32 ± 0.13	1.03 ± 0.09	0.01 ± 0.08	-0.02 ± 0.06

* 植株 (M与T) 属于相象的遗传型

图形 3

F₂ 花药长度与柱头长度 (1980)

花药长度 (mm)	柱头长度											总计			
	0.65-0.70	0.70-0.75	0.75-0.80	0.80-0.85	0.85-0.90	0.90-0.95	1.00-1.05	1.05-1.10	1.10-1.15	1.15-1.20	1.20-				
1.80—															
1.85—															
1.90—				1		1									2
1.95—			1					1							2
2.00—		1								1					2
2.05—		2	3	2	1		1		1						10
2.10—				2		1	1	6	1				1		12
2.15—				1	1	4	6	1		3					16
2.20—	1		2			6	7	3	2	1	2				24
2.25—		1		1	2	5	1	2	2	2	2				18
2.30—				2	4	2	6	3	4	5	5	1			32
2.35—			3	1	2		3	3	5	3	3				25
2.40—					3	4	3	2	4	3				1	20
2.45—					1		2	2	2	3				1	11
2.50—					1	1		1	2	1	S		1		7
2.55—											1				1
2.60—			1					1							2
总计	1	3	10	10	16	23	31	25	23	23	12	7			148

K, S, 父母本品种 Kinmaze 与 Somewake

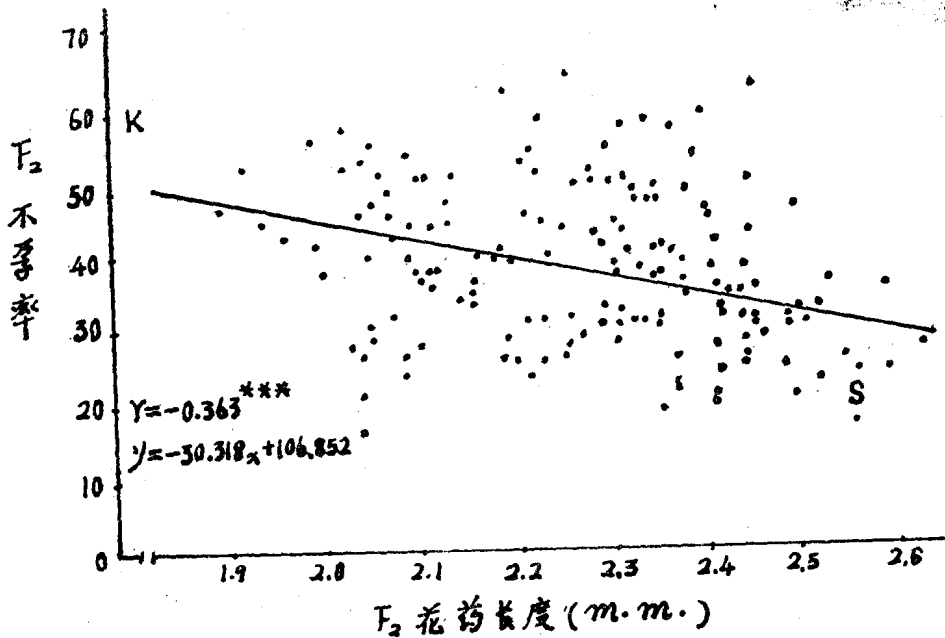


图5. 不孕率平均值与F₂花药长度与

K, S: 父母本品种 Kinmaze 与 Somewake

***: 显著程度在0.1%水准。

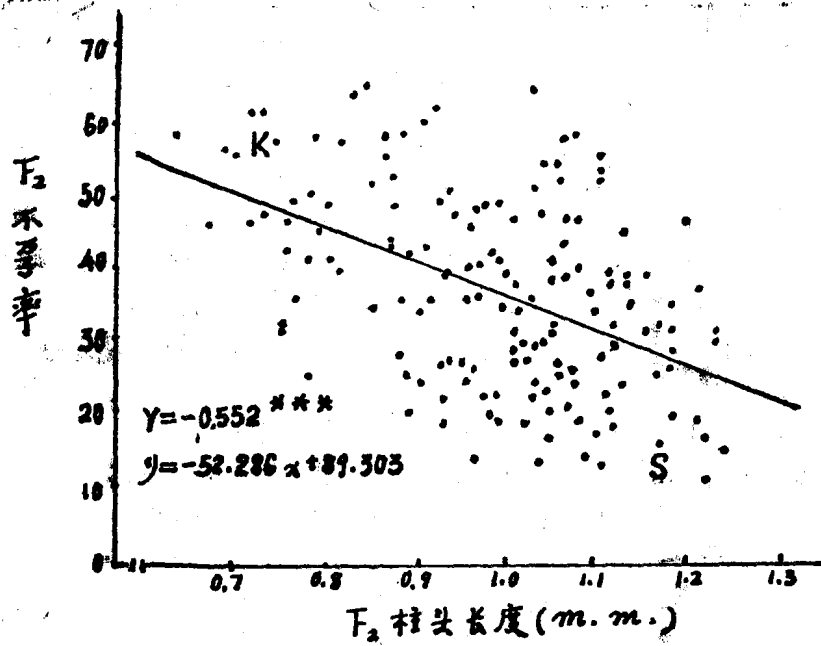


图6 不孕率与F₂柱头长度
 K, S: 父母本品种Kinmaze与Somewake
 ***: 显著程度在0.1%平准。

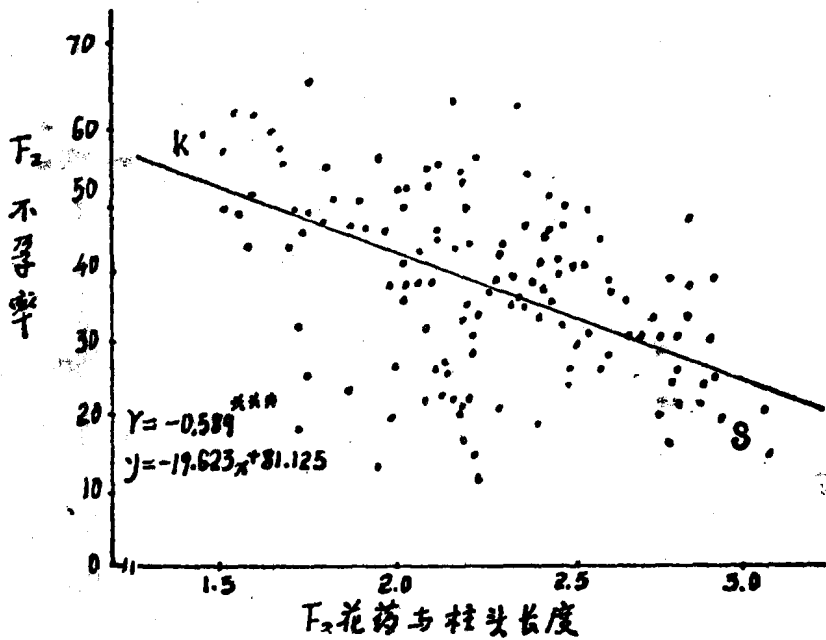


图7 不孕率与F₂花药与柱头长度
 K, S, 父母本品种Kinmaze与Samewake
 ***: 显著程度在0.1%平准。

考 察

西山(1976)从由低温发生的诸异常的因果关系来考察,认为不孕的直接原因,是由于药组织的异常、花粉粒的形成及生长的阻碍,而造成不裂开的缘故。森胁(1958)用冷水处理实验,弄清了柱头上花粉粒数随着灌溉水温的增高而增加,以及在低水温区,冷水抵抗性大的品种比抵抗性小的品种柱头上花粉粒数多。户刈、柏仓(1958)就氮素条件和日照条件与不孕的发生程度进行了探讨,弄清了光及氮素的处理条件,开花时的气候条件,通过柱头上发芽花粉数的减少,与不孕的发生有关系。还报告了柱头上发芽花粉数受柱头的花粉着粒数所左右。岛崎等(1964)用低温处理实验,发现由于受粉花粉的发芽障碍,变成不孕的比例极少,不孕的原因主要是药的不裂开,所以不受粉。还有,Sawada(1978)报道,随着每个颖花的裂开药数的减少,柱头上花粉粒数便显著减少。即是,在柱头上附着的花粉粒数的显著减少,被认为是发生不孕的原因。从而,为了从受粉和受精的过程弄清障碍型耐寒性的品种间差异和品系间差异,必须考虑受粉效率。

在本实验用的两种方法之间,药长、柱头长与不孕指数的相关程度显著不同的,同1978~1979年比,1980年两者间的相关是高的。这可以认为,由于1979年进行低温处理的F₃品系中,没有发现与金南风具有同程度的平均不孕指数的品系,从整体来看,不孕指数变小,以及在1980年,由于生育期间冷凉,各个体的障碍型耐寒性的程度能够明显地表现出来。

根据1978~1979年的结果,虽然发现在药长和不孕指数之间的负相关,但在柱头长和不孕指数之间没有发现显著的相关关系。

然而,发现在药长和柱头长之积与不孕指数之间,比药长和不孕指数之间有比较高的相关关系,暗示柱头长和药长同样,与障碍型耐寒性的程度的差异有关。另一方面,根据1980年的结果,发现药长、柱头长与不孕指数之间存在着显著的负相关。再有,与1978~1979年的结果同样,从药长和柱头长之积与不孕指数之间存在着显著的负相关,这一点表明不孕指数的大小,是药、柱头均短的个体>药或柱头的一方长的个体>药、柱头均长的个体。

从复回归分析的结果,说明在无处理区,药长、柱头长的2个性状,为不孕指数的方差的约占35% ($GR^2 = 0.3449$),表示出,说明障碍型耐寒性程度之差的一个指标的有效性。如Virmani and Athwal(1973)指出那样,本实验的结果,药长、柱头长的遗传率也高,而两者间的相关不一定高。还发现药长、柱头长与不孕指数之间的相关程度在各年间是有差异的,在低温处理的影响比较少的1978~1979年的结果,药长和不孕指数之间的相关较之柱头与不孕指数之间的相关还高。与此相反,据各个体的障碍型耐寒性的程度明确表现的1980年的结果,柱头长和不孕指数之间的相关高,从标准偏回归系数表明柱头长的减少比药长的减少,对不孕指数的增加给予约2倍的影响。因而在由出穗日不同的亲本而来的分离世代,以药长、柱头长做为障碍型耐寒性的选择指标时,比单用药长或柱头长时是有效的。

耐寒性和芒性以及株型之间的关系已经弄清(鸟山,蓬原1960,1961),进一步弄清药长、柱头长和这些性状的关系是必要的。再者,就本实验发现的各相关的年次的差异研讨一下,则同时有必要研讨一下其它的品种的组合。还有,在低温处理后开花时由于用健全的花粉受粉,得到了较高的孕实率。雌蕊虽遇低温,不会发生 (下转第47页)