

A portrait of Rong Tingzhao, a man with glasses, wearing a suit and tie, is positioned at the top of the cover. The background is a solid blue color.

玉米农艺性状遗传与改良

——荣廷昭论文选集

Inheritance and Improvement of Agronomic Traits in Maize

李晚忱 卢艳丽 唐祈林 编
兰 海 曹墨菊 高世斌



科学出版社

玉米农艺性状遗传与改良 ——荣廷昭论文选集

李晚忱 卢艳丽 唐祈林 编
兰 海 曹墨菊 高世斌

科学出版社

北 京

内 容 简 介

本书选编了中国工程院院士荣廷昭教授几十年来发表的 100 篇学术论文,从农艺性状数量遗传与变异、种质资源发掘与利用、轮回选择与品种改良、雄性不育研究与利用、分子遗传与基因工程 5 个方面,阐释了玉米农艺性状遗传与改良的理论与实践。

本书可供高等院校师生和农业科技人员参考。

图书在版编目(CIP)数据

玉米农艺性状遗传与改良:荣廷昭论文选集/荣廷昭等主编. —北京:科学出版社, 2015.12

ISBN 978-7-03-046969-4

I. ①玉… II. ①荣… III. ①玉米-数量遗传学-文集 ②玉米-遗传育种-文集 IV. ①S513.032-53

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2015) 第 310053 号

责任编辑:杨 岭 孟 锐/责任校对:杜子昂 贾娜娜 贾伟娟

责任印制:余少力/封面设计:墨创文化

科学出版社出版

北京东黄城根北街 16 号

邮政编码:100717

<http://www.sciencep.com>

成都创新包装印刷厂印刷

科学出版社发行 各地新华书店经销

*

2015 年 12 月第 一 版 开本:787×1092 1/16

2015 年 12 月第一次印刷 印张:64.75

字数:1 500 000

定价:268.00 元

(如有印装质量问题,我社负责调换)



中国工程院院士荣廷昭教授

前 言

2016年元月，中国工程院院士荣廷昭教授八十大寿，四川农业大学玉米研究所成立20周年。荣老师数十年持之以恒，率领全所科技人员，对玉米农艺性状遗传变异和选择改良进行了全面而深入的研究，选育推广了一大批优良杂交种及其亲本自交系，对玉米生产的发展作出了巨大的贡献，并在国内外重要学术期刊发表了数百篇论文，在玉米遗传育种学科的多个研究方向卓有建树。为学习荣老师对祖国无限热爱，对事业锲而不舍，对学术严谨认真的精神，激励我们及我们的学生奋发图强，为玉米遗传育种学科进步和农业生产发展作出更大的贡献，我们几位同学从荣老师几十年来发表的数百篇论文中，精选出代表他研究历程和学术成就的100篇论文编辑成册，作为献给敬爱的学术大师的贺礼。

在农艺性状数量遗传与变异方面，荣老师倡导数量遗传研究与玉米育种实践相结合，用三重测交法将玉米农艺性状遗传变异研究与群体改良、自交系选育和杂交种选配有机结合，并结合现代生物技术，在深入解析农艺性状遗传变异规律的同时，成功选育出“48-2”等优良自交系，成为西南生态区玉米杂交种选配的骨干亲本，组配成‘川单9号’等系列优良杂交种，获得1996年四川省科技进步特等奖。

在种质资源发掘与利用方面，荣老师一改热带种质导入的常规技术路线，从热带种质群体中直接选育自交系，与温带自交系组配杂交种，创立了适应西南生态区的“热带×温带”杂交优势模式，“高配合力、高产、高抗多种病害的玉米新自交系48-2和S37”获1996年国家技术发明二等奖。近年来，他根据畜牧业发展的新形势，提出利用栽培玉米与其近缘属材料的营养体杂种优势的新思路，培育出了‘玉草一号’等饲草玉米品种，推广应用取得了良好的社会经济和生态效益。

在轮回选择与品种改良方面，荣老师针对西南生态区自然和农业生产条件复杂多样的特点，创造了人工合成育种群体、高密度选择、多生态环境鉴定等一整套集轮回选择群体改良、自交系选育、杂交种选配和品种比较鉴定于一体的技术方略，培育出了一大批优良自交系和杂交种，推广应用获得了巨大的社会效益。“四川地方种质和美国玉米种质‘三高’自交系21-ES和18-599、156选育研究”获2001年四川省科技进步一等奖，“高配合力、大穗、多抗、广适玉米自交系08-641选育与应用”获2007年四川省科技进步一等奖，“西南地区玉米杂交育种第四轮骨干自交系18-599和08-641”获2008年国家技术发明二等奖。

在雄性不育研究与利用方面，荣老师利用近缘属材料与栽培玉米的远缘杂交、地理远缘杂交、返回式卫星太空诱变、物理化学诱变等方法，创造新型玉米雄性不育材料，经测交法和分子生物学技术鉴定后，回交转育到优良骨干自交系中，实现了多个杂交种的不育化制种。“玉米新型雄性不育材料的创造研究与应用”获2002年四川省科技进步二等奖。

在分子遗传与基因工程方面，荣老师率领研究团队，综合运用现代生物技术，在玉米转基因技术体系的建立与改进，农艺性状遗传变异的分子机理，DNA分子标记辅助育种，功能基因的发掘、克隆和验证，外源基因的转化利用等多方面，进行了广泛的探索，为玉

米遗传育种学科进一步深入发展奠定了基础。“西南玉米育种重要目标性状的分子鉴定与利用”获 2014 年四川省科技进步一等奖。

本书选编的论文，在研究期得到了国家重点基础研究发展计划(“973”计划)、国家高新技术研究发展计划(“863”计划)、国家科技重大专项、国家科技支撑计划、国家自然科学基金、农业部产业技术体系、四川省农作物育种攻关、世代挑战计划(Generation Challenge Program)、洛克菲勒基金(Rockefeller Foundation)、亚洲玉米生物技术(Asian Maize Biotechnology Network)、四川农业大学学科建设双支计划等各级各类众多项目的大力支持。四川农业大学玉米研究所的建立与发展，得到了国家、四川省有关部门和学校领导的长期关心和帮助。在此书出版之际，荣老师再三叮嘱我们，让我们对各方面的支持、关心和帮助深表感谢！

祝荣老师身体健康，万事如意！

编 者

2015 年 8 月

目 录

前言

第一篇 农艺性状数量遗传与变异

试论杨允奎估算特殊配合力效应的简便方法	3
玉米果穗数变异的研究	11
玉米遗传距离测量方法及其与产量的杂种优势和特殊配合力的关系	15
玉米几个数量性状在不同发育阶段的基因效应分析	23
四种遗传距离测定方法之比较研究	30
玉米自交系间遗传距离与产量杂种优势、杂种产量的关系	34
CIMMYT 群体和我国地方群体的配合力与聚类分析	41
玉米耐旱系数的多元回归分析	47
玉米数量性状基因定位	54
干旱胁迫下玉米根系性状和产量的 QTLs 分析	66
Quantitative Trait Loci for Resistance to Banded Leaf and Sheath Blight in Maize	73
普通玉米主要营养品质性状的遗传效应分析	83
Quantitative Trait Loci Analysis of Plant Height and Ear Height in Maize (<i>Zea mays</i> L.)	95
玉米种子休眠性的 QTL 定位	103
Molecular Mapping of a Major QTL Conferring Resistance to SCMV Based on Immortal RIL Population in Maize	109
玉米丝裂病的抗性 QTL 定位	118
Joint Linkage-linkage Disequilibrium Mapping is a Powerful Approach to Detecting Quantitative Trait Loci Underlying Drought Tolerance in Maize	123
Comparative LD Mapping Using Single SNPs and Haplotypes Identifies QTL for Plant Height and Biomass as Secondary Traits of Drought Tolerance in Maize	137
Root-lodging Resistance in Maize as an Example for High-throughput Genetic Mapping via Single Nucleotide Polymorphism-based Selective Genotyping	153
Combining Ability and Parent-offspring Correlation of Maize (<i>Zea may</i> L.) Grain β -Carotene Content with a Complete Diallel	168

第二篇 种质资源发掘与利用

我国糯玉米种质资源的遗传多样性和起源进化	183
热带玉米种质在温带玉米育种的应用	190

用玉米近缘材料创造玉米新种质·····	194
四川地方玉米种质的 SSR 聚类分析·····	199
玉米×四倍体多年生玉米 F ₁ 减数分裂构型及不同构型的染色体来源研究·····	208
玉米与四倍体多年生玉米代换种质的选育及其基因组原位杂交鉴定·····	215
Introgression of Perennial Teosinte Genome into Maize and Identification of Genomic <i>In Situ</i> Hybridization and Microsatellite Markers·····	222
玉米与玉米近缘种可杂交性研究·····	231
The Effects of Low Phosphorus Stress on Morphological and Physiological Characteristics of Maize (<i>Zea mays</i> L.) Landraces·····	237
新型饲草玉米生长动态及收割期的研究·····	248
A Comparative Analysis of B Chromosomes and Genetic Diversity in Maize (<i>Zea mays</i> L.) Landraces from Southwest China·····	257
西南糯玉米地方品种 <i>waxy</i> 基因序列多态性分析·····	268
玉米×四倍体多年生玉米杂种 F ₂ 非整倍体研究·····	280
玉米与摩擦禾、薏苡的杂交不亲和性·····	287
Large-scale Screening for Maize Drought Tolerance Using Multiple Selection Criteria Evaluated Under Water- stressed and Well-watered Environments·····	296
RAPD and Internal Transcribed Spacer Sequence Analyses Reveal <i>Zea nicaraguensis</i> as a Section <i>Luxuriantes</i> Species Close to <i>Zea luxurians</i> ·····	316
Comparative SNP and Haplotype Analysis Reveals a Higher Genetic Diversity and Rapider LD Decay in Tropical than Temperate Germplasm in Maize·····	333
玉米及其近缘种大刍草的核型研究·····	349
利用 SRAP 和 SSR 标记构建空间诱变新选玉米自交系指纹图谱·····	361
Large-scale Screening Maize Germplasm for Low-phosphorus Tolerance Using Multiple Selection Criteria·····	372

第三篇 轮回选择与品种改良

品种稳定性的估算方法·····	391
三重测交法在玉米群体改良中的应用研究·····	396
玉米群体改良与自交系和杂交种选育相结合的方法研究·····	404
丰抗兼优玉米新杂交种川农单交 9 号的选育研究·····	412
玉米“三高”自交系 48-2 的选育研究·····	417
玉米优良杂交种“川农单交 9 号”的稳定性分析·····	424
玉米 EC 系列姊妹系的交配效应研究·····	433
玉米改良单交种效应的研究-自交系 48-2 不同世代姊妹系配制姊妹种及改良单交种的 比较·····	440
墨白 964 群体 5 轮混合选择遗传变异的分子生物学研究·····	446

5 个玉米人工合成群体主要性状育种潜势分析·····	456
CIMMYT 和我国玉米种质群体的配合力及杂种优势分析·····	465
西南及四川区试玉米组合遗传多样性分析·····	480
6 个玉米人工合成群体的育种潜势分析·····	490
Genetic Diversity of Maize (<i>Zea mays</i> L.) Landraces from Southwest China Based on SSR Data·····	502
Genetic Diversity of Maize Populations Developed by Two Kinds of Recurrent Selection Methods Investigated with ssr Markers·····	514
Study on Haploid Inducing and Its Meiotic Abnormality in Maize·····	526
不同供体及不同回交次数对玉米自交系 R08 的改良效应·····	534
9 个不同玉米人工合成群体育种潜势的比较·····	549
不同轮回选择改良轮次玉米群体选系的育种潜势·····	560
8 个合成群体改良玉米杂交种郑单 958 的育种潜力分析·····	571

第四篇 雄性不育研究与利用

同核异质、同质异核玉米细胞质雄性不育系及保持系同工酶的比较分析·····	583
同核异质、同质异核玉米细胞质雄性不育系及回交后代育性恢复的比较·····	591
玉米雄性不育系的质、核对农艺性状的影响·····	598
玉米太空处理后代基因雄性不育株与可育株的比较·····	604
3 个玉米细胞质雄性不育系的选育及分组鉴定·····	611
首例航天诱变玉米雄性不育突变体的遗传分析·····	617
用微卫星标记定位太空诱变玉米核不育基因·····	625
玉米雄性不育细胞质特异 DNA 片段的发现及差异展示·····	632
太空诱变玉米核不育材料可育花药与不育花药的生化特性分析·····	640
太空诱变玉米核不育材料花粉败育的细胞学观察·····	645
玉米 C 型细胞质雄性不育系 C48-2 及其保持系线粒体差异蛋白分析·····	653
太空诱变玉米核不育材料的 cDNA-AFLP 分析·····	661
Variation and Patterns of DNA Methylation in Maize C-type CMS Lines and their Maintainers·····	669
RNA Editing of Mitochondrial Functional Genes <i>atp6</i> and <i>cox2</i> in Maize (<i>Zea mays</i> L.)·····	681
Cytoplasmic Male Sterility-regulated Novel microRNAs from Maize·····	691
空间环境诱发玉米细胞质雄性不育突变体的遗传分析·····	710
Expression Characterization of Genes for CMS-C in Maize·····	719
玉米 CMS-C 不育系及其保持系线粒体膜通透性的比较分析·····	733
玉米新选细胞质雄性不育系小孢子发育的细胞学观察及 DNA 甲基化分析·····	741
DNA Methylation Analysis of Sterile and Fertile CMS-C Hybrids and their Parents in Maize·····	749

第五篇 分子遗传与基因工程

玉米幼胚培养胚性愈伤组织诱导力的遗传变异分析·····	769
MDMV CP 基因的克隆及其转基因玉米的研究·····	777
N6 培养基添加钙和烯效唑对玉米幼胚培养的作用·····	786
Mutation Loci and Intragenic Selection Marker of Granule- bound Starch Synthase Gene in Waxy Maize·····	795
Transfer and Detection of <i>barstar</i> Gene to Maize Inbred Line 18-599 (White) by Particle Bombardment·····	808
Selection of Maize Inbred Lines with High Regeneration and Susceptibility to <i>Agrobacterium tumifaciens</i> ·····	815
Analysis of Gene Effect on Four Characters of Immature Embryo Culture in Maize·····	823
玉米液泡 ATP 酶亚基 A 基因的克隆及表达分析·····	831
Analysis of DNA Methylation in Different Maize Tissues·····	840
Molecular Characterization of Global Maize Breeding Germplasm Based on Genome-wide Single Nucleotide Polymorphisms·····	852
Construction of Root Library by SSH and Preliminary Analysis of Genes Responsible for Phosphorus Deficiency in Maize (<i>Zea mays</i> L.)·····	884
Characterization of a <i>ZmSERK</i> Gene and its Relationship to Somatic Embryogenesis in a Maize Culture·····	895
Revisiting the Hetero-fertilization Phenomenon in Maize·····	908
Transformation of Two <i>VPI</i> Genes of O- and Asia 1-Type Foot-and-Mouth Disease Virus into Maize·····	921
Recombination Frequency Variation in Maize as Revealed by Genomewide Single-Nucleotide Polymorphisms·····	930
The Genetic Architecture of Flowering Time and Photoperiod Sensitivity in Maize as Revealed by QTL Review and Meta Analysis·····	943
Cloning and Characterization of miRNAs from Maize Seedling Roots Under Low Phosphorus Stress·····	962
Combined Small RNA and Degradome Sequencing Reveals microRNA Regulation During Immature Maize Embryo Dedifferentiation·····	977
Development and Characterization of Simple Sequence Repeat Markers Providing Genome-wide Coverage and High Resolution in Maize·····	989
Validation of Potential Reference Genes for qPCR in Maize across Abiotic Stresses, Hormone Treatments, and Tissue Types·····	1007

第一篇 农艺性状数量遗传与变异

试论杨允奎估算特殊配合力效应的简便方法

高之仁 荣廷昭

(四川农学院)

杨允奎(1965)在《玉米自交系数量性状遗传研究初步报告》的遗稿中，曾提出计算特殊配合力效应既简便又实用的一种方法，不幸的是在杨氏病逝之前未获悉他提出此法的意图和见解。为继承和引申杨氏未完的研究工作，本文试图运用数量遗传学的原理和方法论述杨氏简法的理论依据，分析该法与现行方法的代数学关系并比较各种方法配合实际资料的吻合程度，以判断其可行性。

On the Method of Estimating Special Combining Ability Proposed by Yang Yunkui

Gao Zhiren Rong Tingzhao

(Sichuan Agricultural College)

This paper deals with the theoretical basis of the method of estimating special combining ability proposed by the late Professor Yang Yunkui (1965) and with its applicability as well. From the quantitative genetics variation point of view, the genetical assumption derived from Yang's method appears to be quite valid and leads to a slight modification of the generally accepted statistical model for combining ability analysis. With algebraic manipulation, the authors have found on the relationships by which the estimates obtained by different methods under discussion can be transformed and predicted from one another. For illustration, two examples are given. The results show that to combining ability analysis Yang's method is more applicable.

1 杨氏简法的理论基础

Sprague 和 Tatum (1942) 提出两种配合力概念，即一般配合力 (gca) 和特殊配合力 (sca)，其定义可用下列统计模型表示。

$$X_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ij}$$

式中， X_{ij} 为任一杂交组合的 F_1 代平均值； μ 为总平均数； $g_i = \bar{X}_{i.} - \mu = i$ 亲本的 gca； $g_j = \bar{X}_{.j} - \mu = j$ 亲本的 gca [$\bar{X}_{i.}$ 和 $\bar{X}_{.j}$ 分别为 i 亲本和 j 亲本与其他亲本杂交后的 F_1 代平均值；

$\bar{X}_{i\cdot} = \sum_j X_{ij} / (p-1)$, $\bar{X}_{\cdot j} = \sum_i X_{ij} / (p-1)$ (p 为供试亲本数)]; s_{ij} 为 i 和 j 两亲本杂交后所

产生的 sca ; e_{ij} 为 bc 个 $ijkl$ 个体的平均环境效应, 且 $e_{ij} \sim N(0, \sigma^2)$ 。

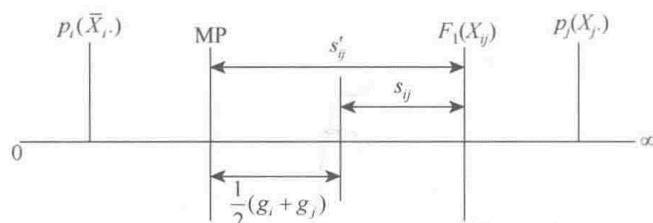
这里暂不考虑 e_{ij} , 因此 s_i 为偏离 $\mu + g_i + g_j$ 之差, 而杨氏定义的 sca 为 X_{ij} 偏离中亲值 (MP) 之差, 即

$$s'_{ij} = X_{ij} - \frac{1}{2}(\bar{X}_i + \bar{X}_j)$$

$\bar{X}_{i\cdot}$ 和 $\bar{X}_{\cdot j}$ 分别用 g_i 和 g_j 表示, 则有

$$\begin{aligned} s'_{ij} &= X_{ij} - \frac{1}{2}(\bar{X}_{i\cdot} + \bar{X}_{\cdot j}) = X_{ij} - \frac{1}{2}[(\mu + g_i) + (\mu + g_j)] \\ &= X_{ij} - [\mu + \frac{1}{2}(g_i + g_j)] \end{aligned}$$

如用一条直线表示两者之差, 则可清楚地看出 s'_{ij} 和 s_{ij} 的关系:



$$\begin{aligned} s'_{ij} - s_{ij} &= X_{ij} - [\mu + \frac{1}{2}(g_i + g_j)] - [X_{ij} - (\mu + g_i + g_j)] \\ &= \frac{1}{2}(g_i + g_j) \end{aligned}$$

这表明 s'_{ij} 和 s_{ij} 之差是由表示这两种离差的原点不同所致。而确定原点是否恰当, 须服从遗传法则。生物世代相传的是基因而不是基因型。但 Sprague 等所定义的 g_i 和 g_j 分别为 $g_i = \bar{X}_{i\cdot} - \mu$, $g_j = \bar{X}_{\cdot j} - \mu$, 均属基因型值之差, 相反, 杨氏所定义 s'_{ij} , 则以 $1/2 g_i$ 表示 i 配子在结合子中的一般配合力效应, $1/2 g_j$ 表示 j 配子在结合子中的一般配合力效应。如用 a_i 和 a_j 分别表示 i 和 j 两个位点上单个等位基因的加性效应, 当涉及多对等位基因时, 则 i 和 j 亲本基因型的加性效应分别为 $\sum a_i a_i$ 和 $\sum a_j a_j$ 。按照配子携带一半基因的分原原则, 配子的一般配合力效应和基因的加性效应呈下列关系:

$$\begin{aligned} g'_i &= \sum a_i = \frac{1}{2} \sum a_i a_i \\ g'_j &= \sum a_j = \frac{1}{2} \sum a_j a_j \end{aligned}$$

由上可见结合子的特殊配合力效应则为基于 0 的非加性效应。这样, 杨氏的公式可以完整地写成

$$X_{ij} = \mu + g'_i + g'_j + s'_{ij}$$

由于 $g'_i = \frac{1}{2} g_i$, $g'_j = \frac{1}{2} g_j$, $s'_{ij} = s_{ij} + \frac{1}{2}(g_i + g_j)$, 上式又可改写为

$$X_{ij} = \mu + \frac{1}{2}g_i + \frac{1}{2}g_j + s_{ij} + \frac{1}{2}(g_i + g_j) = \mu + g_i + g_j + s_{ij}$$

上式表明 X_{ij} 的遗传总效应与 Sprague 等所定义的相同。但由于 Sprague 等的遗传假设不明确, 所定原点不当, 因而夸大了 gca, 降低了 sca, 不能真实地反映杂种优势, 所谓杂种优势 (H_{ij}) 为任一杂交组合的 F_1 平均值与其双亲平均值之差, 即 $H_{ij} = \bar{F}_1 - \frac{1}{2}(\bar{p}_i + \bar{p}_j)$ 。这与杨氏定义的 sca 完全一致。

综上所述, 杨氏简法具有明确的遗传理论基础。

2 杨氏简法与现行估算配合力方法的代数学关系

估算配合力效应除按 Sprague 等的定义直接计算外, 目前国内外广为采用的仍多为 Griffing (1956) 所提出的 4 种双列杂交方法, 利用最小平方法所估算的最小平方估计值: $\hat{\mu}$ 、 $\hat{g}_i$ 和 $\hat{s}_{ij}$ 。这两种方法与杨氏简法估算结果的异同及其相互间的代数关系, 现比较如下。

设有 p 个供试纯育亲本, 可能的杂交组合数为 $p(p-1)$, 按照 Sprague 等的定义, 则有

$$\mu = \sum_{j \neq i} X_{ij} / [p(p-1)] = X_{..} / p(p-1)$$

$$\bar{X}_i = \sum_j X_{ij} / (p-1) = X_{i.} / p(p-1)$$

$$g_i = \bar{X}_i - \mu = X_{i.} / [p(p-1)] - X_{..} / [p(p-1)] = \frac{1}{p(p-1)} (pX_{i.} - X_{..})$$

$$g_j = \frac{1}{p(p-1)} (pX_{.j} - X_{..})$$

$$s_{ij} = X_{ij} - (\mu + g_i + g_j) = X_{ij} - \mu + (\bar{X}_i - \mu) + (\bar{X}_j - \mu)$$

$$= X_{ij} - (\bar{X}_i + \bar{X}_j) + \mu$$

$$= X_{ij} - \frac{1}{(p-1)} (X_{i.} + X_{.j}) + X_{..} / p(p-1)$$

为简便计, 现只就 Griffing 的方法 4 进行比较。本法只包含一套正交 F_1 , 其组合数应为 $\frac{1}{2}p(p-1)$, $\hat{\mu} = X_{..} / \left[\frac{1}{2}p(p-1) \right] = 2X_{..} / p(p-1)$, 利用最小平方法估算的 $\hat{g}_i$ 和 $\hat{s}_{ij}$ 分别为

$$\hat{g}_i = \frac{1}{p(p-2)} (pX_{i.} - 2X_{..}) \frac{1}{2}$$

$$\hat{s}_{ij} = X_{ij} - \frac{1}{(p-2)} (X_{i.} + X_{.j}) + 2X_{..} / (p-1)(p-2)$$

如前所述, 杨氏简法中 X_{ij} 的遗传总效应为

$$X_{ij} = \mu + g'_i + g'_j + s'_{ij}$$

式中, $g'_i = \frac{1}{2}g_i$; $g'_j = \frac{1}{2}g_j$; $s'_{ij} = s_{ij} + \frac{1}{2}(g_i + g_j)$ 。

于是 g_i 、 $\hat{g}_i$ 、 g'_i 三者关系为

$$\hat{g}_i - g_i = \frac{1}{p(p-2)}(pX_{i\cdot} - 2X_{..}) - \frac{1}{p(p-1)}(pX_{i\cdot} - 2X_{..}) - \frac{1}{p-2}g_i$$

所以

$$\hat{g}_i = g_i + \frac{1}{p-2}g_i = \frac{p-1}{p-2}g_i$$

或

$$g_i = \frac{p-2}{p-1}\hat{g}_i$$

所以

$$g'_i = \frac{p-2}{2(p-1)}\hat{g}_i$$

现仍以 g_i 为准, 换算 s_{ij} 、 $\hat{s}_{ij}$ 和 s'_{ij} 三者的关系为

$$\begin{aligned}\hat{s}_{ij} - s_{ij} &= X_{ij} - \frac{1}{p-2}(X_{i\cdot} + X_{j\cdot}) + 2X_{i\cdot}/(p-1)(p-2) \\ &\quad - [X_{ij} - \frac{1}{p-1}(X_{i\cdot} + X_{j\cdot}) + 2X_{i\cdot}/p(p-1)] \\ &= (X_{i\cdot} + X_{j\cdot})\left[\frac{-1}{(p-1)(p-2)}\right] + 2X_{i\cdot}\left[\frac{2}{p(p-1)(p-2)}\right] \\ &= (\bar{X}_{i\cdot} + \bar{X}_{j\cdot})\left(\frac{-1}{p-2}\right) + 2\mu/(p-2) \\ &= \frac{1}{p-2}[2\mu - (\bar{X}_{i\cdot} + \bar{X}_{j\cdot})] \\ &= \frac{1}{p-2}[2\mu - (\mu + g_i + \mu + g_j)] \\ &= -\frac{1}{p-2}(g_i + g_j)\end{aligned}$$

所以

$$\hat{s}_{ij} = s_{ij} - \frac{1}{p-2}(g_i + g_j)$$

或

$$s_{ij} = \hat{s}_{ij} + \frac{1}{p-2}(g_i + g_j)$$

类似地, 得

$$\begin{aligned}s'_{ij} &= s_{ij} + \frac{1}{2}(g_i + g_j) \\ &= [\hat{s}_{ij} + \frac{1}{p-2}(g_i + g_j)] + \frac{1}{2}(g_i + g_j) \\ &= \hat{s}_{ij} + \frac{p}{2(p-2)}(g_i + g_j)\end{aligned}$$

上述关系表明, 各效应值间均能相互转换、推算和核对, 实际计算结果也证明如此。

3 三种方法配合实际资料的比较

检验三种方法配合实际资料的吻合度，理论上可采用多元回归分析，即先分别求三种回归方程：

$$\hat{y}_1 = a + b_1g_i + b_2g_j + b_3s_{ij}$$

$$\hat{y}_2 = \hat{a} + \hat{b}_1\hat{g}_i + \hat{b}_2\hat{g}_j + \hat{b}_3\hat{s}_{ij}$$

$$\hat{y}_3 = a' + b'_1g'_i + b'_2g'_j + b'_3s'_{ij}$$

然后求离回归平方和(自由度相同)直接进行比较并检验其差异显著性，但由于三者的遗传总效应基本一致，所得离回归平方和差异甚微，比较无实际意义，不过可借此进行通径分析，以判断各个效应值的贡献。

鉴于杨氏简法与前述两法的基本差异在于表示离差的原点不同，导致 s'_{ij} 与 s_{ij} 和 $\hat{s}_{ij}$ 的差异甚大。因此应直接采用 X_{ij} 分别在 s_{ij} 、 $\hat{s}_{ij}$ 和 s'_{ij} 上的回归进行比较或计算 X_{ij} 与这些估计值的单相关，根据 r^2 的大小进行判断。

4 实 例

现以《遗传》1980 年第一期刊登的刘来福、黄远樟的 6×6 冬小麦试验(性状：抽穗期)作为例一，此刊所载杨允奎 10×10 玉米自交系双列杂交试验(性状：单株产量)作为例二，分别计算三种方法的亲本系一般配合力效应和各组合的特殊配合力效应。结果(表 1 和表 2)表明各效应值间均能相互转换和核对，与前述理论推导完全一致。

为了比较三种方法配合实际资料的吻合度和选择较好的检验方法，本文仍分别作了三元回归和一元回归分析。结果列入表 3。同时，为进一步分析各种配合力对组合平均数的贡献，本文还对三种估算配合力方法的结果进行了通径分析。

表 1 三种方法估算例一资料的一般配合力效应与特殊配合力效应

亲本代号	亲本代号					
	1	2	3	4	5	6
1	0.359	0.103	0.021	-0.471	0.881	-0.177
	0.448	-0.090	0.130	-0.343	0.480	-0.178
	0.180	0.49	-0.196	-0.27	1.684	-0.175
2		0.415	-0.555	0.123	1.425	-0.233
		0.518	-0.460	0.238	1.010	-0.248
		0.208	-0.744	-0.105	2.256	-0.203
3			-0.793	0.011	-0.627	0.355
			-0.992	0.428	-0.740	0.643
			-0.397	0.821	-0.400	-0.219