

作物遗传育种论文选编

(1982)

黑龙江省农业科学院合江农业科学研究所

目 录

三个大豆杂交组合中五个农艺性状基因效应的遗传分析.....	(1)
大豆辐射突变体主要经济性状遗传动态的研究.....	(7)
早熟高产玉米单交种的组合选配.....	(12)
小麦品种区域试验产量稳定性分析.....	(21)

三个大豆杂交组合中五个农艺性状基因效应的遗传分析

周丰锁

(黑龙江省农科院合江农业科学研究所)

提 要

本文应用Rowe和Alexander提出的估计遗传参数和检验遗传模型的方法,对三个大豆杂交组合的五个农艺性状进行了加性—显性模型的适合度检验,同时分析了不同主效与互作基因的效应。

结果表明株高和主茎节数的模型适合度在各组合中表现不同,组合1的株高及组合3的株高和主茎节数适于三参数模型;而单株荚数、单株粒数和单株粒重对三个组合均不适合,表现出明显的上位性。本试验上位性估算的结果表明三参数与六参数模型完全一致。

有效育种程序的选择主要依靠基因作用的性质和大小,特别象产量这种数量性状。为了公式化改进这些性状的选择程序,了解它们的遗传模型是必要的。基因效应的估值将有助于了解群体的遗传潜力,对于可能得到的估算基因效应的各种家系类型的任何组合,可以设计出成套的尺度检验。

Cavalli (1952) 提出的联合尺度检验 (Joint Scaling test) 是测验加性—显性模型中世代均数间期望关系的一种普通方法。这种检验有二个突出超过其他一级统计量方法的优点: 首先, 由于一般不知道准确的世代均数, 而对它们和期望值给出了适当的权; 其次, 这种方法所使用的资料既不受单一的世代限制, 也不受任何其他方面的限制。Mather和Jinks (1974) 举例说明了这种方法可以把整个尺度检验综合为一个检验, 因而是一个比单个尺度检验更具有普遍性、便利、适用和说明问题的途径。但他们叙述的计算方法未明确指出一般的统计学特性, 也没有指明把较为复杂的遗传模型进行普遍化的可能性。

Jinks和Jones (1958) 设计的六参数程序不仅提供了测定研究材料上位性的方法, 而且还能度量 m 、 $[d]$ 、 $[h]$ 、 $[i]$ 、 $[j]$ 和 $[l]$ 六参数的大小。一旦互作参数中的任何一个不显著的话, 又可以利用适当的五参数程序进行这种加性—显性模型有效性的检验, 同时又能给出其余参数更有价值的估计量。

Rowe和Alexander (1980) 采用以世代均数的标准误倒数为权的加权最小二乘法 (多元线性回归), 按三参数联合尺度检验估计遗传参数, 并对任一组合的世代均数

和包括上位性在内的遗传模型提出了使这种方法普遍化的原则。这种方法采用加权的理由是：由于不是所有估计的遗传信息都具有同样的精确度，并且凡能完成加权线性回归分析的任何编制程序的电子计算机都可以容易地求出所要求的解。

本文的目的是利用大豆三个杂交组合的六种群体研究五个农艺性状的基因效应。

材料和方法

试验材料由宝交77—299×黑河104（组合1）、合丰22号×设交76—5184（组合2）和合丰22号×黑河54（组合3）三个杂交组合的亲本， F_1 代、 F_2 代、 $B_1(F_1 \times P_1)$ 和 $B_2(F_1 \times P_2)$ 所组成。采用三次重复的完全随机化区组设计。各种群体分别从每重复选取有代表性的植株作样本：亲本和 F_1 各为10株， B_1 和 B_2 各为20株， F_2 为40株。研究的农艺性状是株高、主茎节数、单株荚数、单株粒数和单株粒重。

采用Rowe和Aleander提出的加权最小二乘法估计遗传参数和进行遗传模型检验，一般公式及统计程序如下：

1. 定义下列矩阵（以三参数模型为例）：

$$N = \begin{pmatrix} n(P_1) & & & & \\ & n(B_1) & & & 0 \\ & & n(F_1) & & \\ & & & n(F_2) & \\ & & & & n(B_2) \\ 0 & & & & & n(P_2) \end{pmatrix}, \quad V = \begin{pmatrix} v(P_1) & & & & \\ & v(B_1) & & & 0 \\ & & v(F_1) & & \\ & & & v(F_2) & \\ & & & & v(B_2) \\ 0 & & & & & v(P_2) \end{pmatrix},$$

$$Y = \begin{pmatrix} P_1 \\ B_1 \\ F_1 \\ F_2 \\ B_2 \\ P_2 \end{pmatrix}, \quad C = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0.5 & 0.5 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0.5 \\ 1 & -0.5 & 0.5 \\ 1 & -1 & 0 \end{pmatrix}, \quad M = \begin{pmatrix} m \\ [d] \\ [h] \end{pmatrix},$$

其中：N = 样本含量矩阵，V = 样本方差矩阵；

Y = 世代均数列向量，C = 遗传模型矩阵；

M = 用最小二乘法所要估计的遗传参数矩阵。

2. 由加权最小二乘法得出关于遗传参数的正规方程式：

$$(C'NV^{-1}C)M = C'NV^{-1}Y$$

用Doolittle法解这个正规方程求出遗传参数的估计量：

$$\hat{M} = (C'NV^{-1}C)^{-1}(C'NV^{-1}Y)$$

式中“'”表示转置矩阵，“ $^{-1}$ ”表示逆矩阵。

3. 用遗传参数估值 $\hat{M}$ 和遗传期望值C求世代均数的期望值 $\hat{Y}$ （即Mather和Jinks的 $\hat{E}$ ）：

$$\hat{Y} = C\hat{M}.$$

4. 遗传模型检验—— X^2 检验:

$$X^2 (K-P) = (Y - \hat{CM})' (NV^{-1}) (Y - \hat{CM}); \text{或者}$$

$$X^2 (K-P) = (Y - \bar{Y})' (NV^{-1}) (Y - \bar{Y}).$$

其中 K = 世代均数数目; P = 估计的遗传参数个数; $df = k - p$, X^2 值 = 加权回归分析中的剩余误差的平方和。

5. 估算遗传参数估值的方差:

遗传参数估值的方差等于 $(C' NV^{-1} C)^{-1}$ 对角线上的元素和 $X^2 \div (k - p)$ 的乘积, 得:

$$V_{\hat{m}}, V[\hat{d}], V[\hat{h}];$$

则:

$$S_{\hat{m}} = \sqrt{V_{\hat{m}}}, S[\hat{d}] = \sqrt{V[\hat{d}]}, S[\hat{h}] = \sqrt{V[\hat{h}]}.$$

6. 遗传参数的显著性检验—— t 检验

$$\text{检验 } \hat{m}: t = \hat{m} / S_{\hat{m}};$$

$$\text{检验 } [\hat{d}]: t = [\hat{d}] / S[\hat{d}];$$

$$\text{检验 } [\hat{h}]: t = [\hat{h}] / S[\hat{h}];$$

对于 t 检验 $df = k - p$.

结 果

一、三参数模型

三个杂交组合的加性——显性模型适合度检验的基因效应及 X^2 估值列在表1中。

三个大豆杂交组合中五个农艺性状遗传的基因

表1 效应加性——显性模型适合度检验的 X^2 估值

项目	株 高	主茎节数	单株荚数	单株粒数	单株粒重
组合1 (宝交77-299 × 黑河104)					
$\hat{m}$	$92.4 \pm 4.32^{***}$	$19.1 \pm 2.15^{***}$	$109.2 \pm 10.34^{***}$	$232.4 \pm 19.28^{***}$	$53.3 \pm 6.42^{***}$
$[\hat{d}]$	$6.2 \pm 0.98^{***}$	$0.7 \pm 0.29^*$	$-8.0 \pm 0.72^{***}$	$-14.7 \pm 1.85^{***}$	$-4.8 \pm 0.71^{***}$
$[\hat{h}]$	$4.4 \pm 0.91^{***}$	$1.1 \pm 0.38^{**}$	$4.8 \pm 0.88^{***}$	$3.9 \pm 0.54^{***}$	$-1.1 \pm 0.39^{**}$
$x^2(3)$	5.7	9.9*	21.9***	33.0***	78.6***
组合2 (合丰22号 × 设交76-5184)					
$\hat{m}$	$93.4 \pm 5.16^{***}$	$18.8 \pm 1.60^{***}$	$116.9 \pm 12.41^{***}$	$284.9 \pm 9.22^{***}$	$51.9 \pm 4.82^{***}$
$[\hat{d}]$	$6.4 \pm 0.83^{***}$	0.5 ± 0.29	$22.1 \pm 0.66^{***}$	$37.2 \pm 1.74^{***}$	$11.1 \pm 6.83^{***}$
$[\hat{h}]$	$-11.2 \pm 1.09^{***}$	$2.0 \pm 0.86^{**}$	$28.8 \pm 1.04^{***}$	$-148.9 \pm 21.66^{***}$	$-7.9 \pm 1.03^{***}$
$x^2(3)$	26.3***	14.8**	8.9*	27.8***	49.7***

组合3 (合丰22号×黑河54)

m	80.1±0.65***	18.9±1.89***	101.4±8.15***	220.4±11.26***	50.5±8.81***
[d]	14.3±1.14***	1.8±0.09***	26.2±0.93***	13.3±1.08***	12.4±0.99***
[h]	9.4±0.98***	-20.3±11.94*	15.9±1.93***	30.4±2.51***	21.9±1.11***
x ² (3)	6.8	5.1	23.9***	34.3***	56.7***

※P=0.05-0.01; ※※P=0.01-0.001; ※※※P<0.001

1. 模型适合度的检验

研究群体资料与加性——显性模型的相吻表明仅加性和显性效应控制度规的性状，而模型的不吻合则表明有上位性存在。表1结果说明加性——显性模型对组合2(合丰22号×设交76-5184)的五个性状和组合1(宝交77-299×黑河104)的株高外，其余四个性状均不适合，而组合3(合丰22号×黑河54)则有两个性状——株高和主茎节数适合这种模型。

2. 基因效应

除组合2(合丰22号×设交76-5184)的主茎节数外，参数[d]对三个组合的其余性状均达显著水准以上，而参数[h]的估值除组合3(合丰22号×黑河54)的主茎节数外也同样达显著水准以上。

二、六参数模型

由六参数程序获得的估值见表2，其结果完全和联合尺度检验一致，即组合1的株高及组合3的株高与主茎节数不存在基因间的相互作用，也就是[i]、[j]和[I]是不显著的，据此这几个性状符合加性——显性模型。另外，三个组合的其余性状中的一个、或者二、三个互作参数达显著水准。由配合六参数模型获得的m、[d]和[h]的估值然而与高的标准误有关。

参数[I]在三个组合中，除组合1的单株荚数和组合2的主茎节数外(在此不考虑上位性不明显的组合1中的株高和组合3中的株高及主茎节数)的其余性状均达显著水准。在各组合的单株荚数、单株粒数和组合2的主茎节数等性状方面，分量[j]呈显著水准。分量[i]对各组合的单株粒重、组合1的单株荚数、组合2的株高及单株粒数和组合3的单株粒数为显著水准。

表2 三个大豆杂交组合中五个农艺性状主要和一级互作基因效应的估值

项目	株高	主茎节数	单株荚数	单株粒数	单株粒重
组合1 宝交77-299×黑河104					
m	92.1±7.97***	18.9±4.72***	108.4±11.71***	230.8±24.51***	12.8±10.60***
[d]	7.3±1.23***	0.5±0.25*	-8.8±1.74***	-15.3±2.79***	-5.4±1.43**
[h]	3.1±1.95***	1.3±0.53**	4.6±1.69**	2.3±0.67***	-0.7±0.28**
[i]	-8.5±7.87	0.2±4.66	-8.5±1.21***	-8.9±2.44	-10.8±1.05
[j]	6.0±5.37	-0.4±0.29	-24.6±7.97***	-59.2±20.88***	-8.0±8.49
[I]	-15.7±12.19	-1.2±0.74**	-2.4±1.56	18.5±4.11***	8.2±1.81***

组合2 合丰22号×设交76—5184

m	93.5±9.31***	18.5±4.60***	116.0±15.22***	292.7±16.86***	51.5±9.90***
[d]	6.1±1.08***	0.1±0.38	21.8±1.99***	44.5±2.32***	10.5±1.26***
[h]	-17.2±2.19	3.1±1.08**	29.0±3.14***	-151.6±31.17	-7.0±2.26***
[i]	-6.6±2.95*	1.2±4.56	-2.2±1.39	-87.4±15.69	-9.2±1.82***
[j]	2.9±5.49	0.9±0.27**	-5.4±0.69***	3.6±0.94**	0.2±0.29
[I]	12.9±3.25***	-1.3±6.52	-35.6±18.33*	44.4±22.66**	7.2±1.34***

组合3 合丰22号×黑河54

m	79.9±12.14	19.7±4.88***	103.5±11.04***	229.5±26.33***	49.0±12.24**
[d]	19.7±1.13***	2.3±0.61**	28.1±2.02***	15.5±3.18***	12.0±1.81***
[h]	-14.7±2.37	-19.7±11.20	14.3±2.69***	28.7±5.15***	22.5±3.18***
[i]	-17.0±10.22	-2.6±4.84	-2.0±1.09	9.8±2.11***	-4.4±0.81***
[j]	-3.2±5.31	-1.5±2.64	23.0±7.65**	52.3±13.87**	-4.2±7.57
[I]	5.0±3.53	-2.5±6.65	-5.4±1.15**	28.0±3.19***	22.1±8.55***

※P=0.05-0.01; ※※P=0.01-0.001; ※※※P<0.001

三、五参数模型

本试验中有二个性状，即株高和单株粒重的参数[j]在三个组中均不显著。据前资料表明株高在二个组合中不存在上位性效应，因而本文仅对单株产量进行了五参数模型的估测。结果表明该程序对此性状适合(表3)。由于与这些估值有关的标准误比由六参数方法获得的相应估值的标准误相对小些，因而其余五参数估值的精确度多少增加了些。

讨 论

本研究分析结果表明，只有组合1的株高和组合3的株高及主茎节数与加性——显性模型相吻合。而这三个组合其余性状的参数m、[d]和[h]估值将由其基因非加性

和显性效应引起不可知程度的偏差。对于适合加性——显性模型的三个性状，联合尺度检验比六参数方法提供了较好的参数估值。这是因为其估值是在假定不存在上位性和有较小标准误的前提下获得的。

项目	六参数模型	五参数模型
组合1 宝交77-299×黑河104		
m	52.8±10.60	53.4±9.29
[d]	-5.4±1.43	-5.1±1.38
[h]	-0.7±0.28	-1.1±0.22
[i]	-10.6±1.05	11.7±0.98
[j]	-8.0±8.49	—
[I]	8.2±1.81	11.7±0.98
x ² (1)		3.02

除组合2的主茎节数和组合1的单株荚数外，对于三个组合与加性——显性模型不相吻的性状，显性×显性互作[I]在三种上位性基因效应中是主要的分量。而除组合1的单株荚数、组合2的株高、组合2与3的单株粒数和三个组合的单粒株重外，加性×加性互作[i]是一个较小的上位性分量。同样对于组合1的主茎节数、组合2的株高和

组合2 合丰22号×设交76-5184

m	51.5±9.90	51.8±8.42
[d]	10.5±1.26	11.7±1.08
[h]	-7.0±2.26	-6.5±2.14
[i]	-9.2±1.82	-10.1±1.52
[j]	0.2±0.29	—
[I]	7.2±1.34	6.8±1.10
$x^2(1)$		3.09

组合3 合丰22号×黑河54

m	49.0±13.24	50.2±13.00
[d]	12.0±1.81	12.9±1.44
[h]	-22.5±3.08	-21.5±2.89
[i]	-4.4±1.31	-3.9±1.09
[j]	-4.3±7.17	—
[I]	22.1±18.15	22.7±17.03
$x^2(1)$		2.91

三个组合的单株粒重, 参数 [j] 是不显著的, 表明加性×显性互作对这些性状是较小的上位性分量。

对于不同组合世代均数、[d]、[h]、[i]、[j] 和 [I] 分量的相对大小是不一致的。除组合2的主茎节数外, 三个组合其余性状的 [d] 值均显著, 表明加性效应对本试验的大多数性状遗传起主要作用。同时 [d] 的符号取决于双亲的值, 如以优良的亲本为 P_1 , 则 [d] 为“+”, 反之则为“-”。而三个组合五个性状的 [h] 则均达显著水准, 说明显性效应是较重要的, 有时 [h] 大于 [d] 的效应, 而使 $\bar{F}_1 > \bar{P}_1$, 这时这些性状表现出杂种优势。同样显性效应的重要性不仅表现在数值较大上, 也表现在符号上, “+”有促进作用, 而“-”则有减弱的作用。以上讨论均以不考虑无上位性互作的情况。用六参数方法测验模型不适宜, 则可能有三基因互作或有其他复杂因子存在的可能性。

对于单株产量, 参数 [i] 和 [I] 是高度显著, 而 [j] 不显著, 表明控制单株产量性状的上位性中 [i] 和 [I] 是主要分量。删去分量 [j] 的五参数程序估算表明模型适宜, 于是可认为在本研究中对于这个性状, 三基因互作或其他类似的复杂因子并不能使世代均数间的差异发挥显著作用, 因此可用加性、显性和双基因互作解释数据。在多数个别位点上 h 的增量为负值, 致使多数或成对位点的 I 增量为正值。由此可知, 非等位基因互作以偕加型为主。

非等位基因间互作对均数的作用为杂种优势。在 $\bar{F}_1 > \bar{P}_1$ 时, 则可观察到这种现象, 这里 P_1 为具有增大性状表现的亲本。没有互作, $\bar{F}_1 > \bar{P}_1$ 时, 则要 [h] > [d]。

本研究说明应用 Rowe 和 Alexander (1980) 的加权二乘法估算遗传参数和进行模型检验, 可以提供不同类型的遗传信息。在育种过程中, 对于性状改良是一种可行的有效分析程序。但在实际中, 由于基因型与环境的互作影响着加性、显性与双基因上位性效应的估算, 因而同时进行基因型×环境互作分析, 可以增加了解认识基因效应的可靠性。

参 考 文 献

- Mather, K. 1949. Biometrical Genetics (1st Edn.) Methuen, London.
 Mather, K. and Jinks, J. L. 1971. Biometrical Genetics (2nd Edn.) Chapman and Hall, London.
 Mather, K. and Jinks, J. L. 1977. Introduction to Biometrical Genetics (1st Edn.) Chapman and Hall, London.
 Rowe, K. E. and Alexander, W. L. 1980. Crop Sci. 20: 1.

1982年11月

大豆辐射突变体主要经济性状 遗传动态的研究

吕秀珍 刘忠堂 何煜

(黑龙江省农科院合江农业科学研究所)

应用物理、化学因素处理大豆种子或植株,能产生类型丰富的突变体。由于辐射突变体的特异性状,已成为丰富大豆遗传基础的重要种质来源,并为国内外育种者所重视。目前,世界上已有188个国家和地区对130种植物突变体进行登记和保存,已登记保存的大豆突变体达2250份。国内此项工作也已开始,但是对突变体的研究报导尚少。为了进一步了解大豆辐射突变体主要经济性状的变异和遗传特点,为突变体的开发利用提供依据,我们开展了大豆辐射突变体主要经济性状遗传动态的研究。现将结果报告如下:

一、试验材料和方法

供试材料:共选用9份突变体,即合辐72—1262,合辐75—367、合辐77—406、合辐79—498、合辐79—602、合辐80—675、丰收11、哈76—6222 辽农一号。

试验采取随机区组设计,重复四次,三行区,行长4.8米,行距70厘米,双粒点播,出苗后留一株。成熟时在各小区随机取样10株进行考种,全区收获测产,以小区平均值为单位估算七个性状的遗传力,遗传变异系数,遗传进度和遗传相关,其估算公式、方差、协方差组成如下:

$$\text{遗传力 } h^2(\%) = \frac{M_1 - M_2}{M_1 + M_2(v-1)} \cdot 100$$

$$\text{遗传变异系数 } Gsg = \sigma_g / \bar{X} \cdot 100$$

$$\text{遗传进度 } \Delta G = K \cdot \sigma_g / \bar{X} \cdot h^2$$

$$\text{相对遗传进度 } \Delta G \times = \Delta G / \bar{X} \cdot 100$$

$$\text{表型相关系数 } r_p = \frac{Cov_{p1,2}}{\sqrt{\sigma^2_{p1} \sigma^2_{p2}}}$$

$$\text{遗传相关系数 } r_g = \frac{Corg_{1,2}}{\sqrt{\sigma^2_{g1} \sigma^2_{g2}}}$$

$$\text{环境相关系数 } r_e = \frac{Core_{1,2}}{\sqrt{\sigma^2_{e1} \sigma^2_{e2}}}$$

表1 方差、协方差期望值组成部份

变异原因	自由 度	方 差	方差期望值	协 方 差	协 方 差 期 望 值
总 数	$rP-1$				
重 复 间	$r-1$				
品 种 间	$P-1$	M_1	$\sigma^2_e + r\sigma^2_g$	C_1	$CoVe_{1,2} + VcoVg_{1,2}$
机 误	$\begin{pmatrix} r-1 \\ P-1 \end{pmatrix}$	M_2	σ^2_e	C_2	$CoVe_{1,2}$
遗 传		$\frac{M_1 - M_2}{r}$	σ^2_g	$\frac{C_1 - C_2}{r}$	$CoVg_{1,2}$

r 为重复次数, P 为品种数, σ^2_e 、 $CoVe_{1,2}$ 分别为环境方差和环境协方差, σ^2_g 、 $CoVg_{1,2}$ 为遗传方差, 遗传协方差。

注: 公式采自四川农学院《数量遗传学讲义》

二、试验结果与分析

1、主要性状的平均表现与变异

为了解大豆突变体主要性状的变异情况, 首先估莫了七个性状的平均值和遗传变异系数。(表2)

表2 大豆辐射突变体主要性状平均值和变异系数

性 状	平 均 数 ($\bar{X} \pm S$)	变 幅	遗传变异系数 GCg (%)	顺 位
生育日数(日)	111.03 ± 15.21	87—126	14.32	7
小区产量(斤/亩)	304.18 ± 67.69	180.57—404.12	21.96	5
主茎节数(节)	16.54 ± 3.60	11.30—21.53	22.52	4
株荚数(荚)	32.55 ± 9.59	16.10—50.00	29.16	3
株粒数(粒)	75.21 ± 22.52	39.10—113.00	29.65	2
百粒重(克)	19.98 ± 2.77	16.95—25.00	14.44	6
株 高(厘米)	77.98 ± 31.87	30.45—127.90	42.49	1

从表2看出遗传变异系数最大的是株高, 变异幅度也大, 由30.45—127.90厘米, 相差四倍多; 其次是株粒数, 株荚数, 主茎节数和小区产量, 遗传变异系数也较大, 在20%以上; 变异系数最小的是百粒重和生育日数, 但仍在14%以上, 其变幅也较大。如生育日数的变幅由87—126天, 极早、早熟、中熟、中晚熟各种类型均有, 变异类型也是十分可观的。

遗传变异系数是遗传潜力的一个指标, 遗传变异系数大, 说明类型丰富, 从群体中

选出需要的个体的概率大。上述结果表明大豆突变体主要性状均具有较大的变异系数,包含着丰富的类型,蕴藏着很大的遗传潜力。因此对大豆突变体进行选择和利用可以收到良好的效果,是种质资源和杂交亲本的重要来源。对大豆突变体的研究利用应引起重视。

2. 遗传方差与遗传力

利用方差分析法估算了大豆突变体七个性状遗传方差,环境方差和广义遗传力。(表3)

表3 大豆突变体七个性状遗传力

性 状	遗 传 方 差	环 境 方 差	遗传力(%)
生育日数	252.82	0.07	99.76
株 高	1097.99	11.46	98.97
主茎节数	13.87	0.26	98.14
株 荚 数	90.08	9.97	90.04
株 粒 数	497.21	31.10	94.11
百 粒 重	8.32	0.07	99.15
小区产量	66.45	0.13	88.27

本试验由于选用了不同类型的大豆突变体,并采用双粒等距点播,人工间苗的方法,加之地力较均匀,所以环境方差较小,但遗传方差很大,遗传力估值普遍偏高。其中生育日数,百粒重,株高,主茎节数,四个性状遗传力甚高,达98%以上。而株粒数,株荚数,小区产量遗传力则低。遗传力高低说明遗传因素和环境条件两者对性状表现的影响程度的大小。同时也反映了依据表型进行选择的可靠程度。表3中生育日数、百粒重遗传力甚高,说明这两个性状是比较稳定的,不易受环境条件影响,选择的可靠性大,可在早期选择。而株粒数、小区产量、株荚数等遗传力偏低,选择的可靠性差些,在选择时应予放宽。研究结果还表明,这七个性状有如此大的遗传方差,说明突变体的类型很多,在遗传上具有很大的潜力,是我们选择和利用的十分丰富的资源。

3. 遗传进度

遗传进度是选择效果的重要估计值,是选择群体在一定的选择强度下所获得的遗传进展。本研究估算了大豆突变体七个性状的遗传进度和相对遗传进度。表(4)

表4 大豆突变体七个性状遗传进度

性 状	生育日数	株 高	主茎节数	一株荚数	一株粒数	百粒重	小区产量
遗传进度 ΔG	32.80	68.01	7.61	18.58	44.63	5.93	128.97
相对遗传进度 ΔG^+	29.54	87.20	46.01	57.06	59.34	29.66	42.35

表4可见七个性状的遗传进度均很大,其中以株高、一株荚数、一株粒数和小区产

量为更大,其相对遗传进度均在42%以上,生育日数与百粒重为最小,其相对遗传进度也在29%以上。当选择率为5% ($k=2.063$) 时,对生育期的选择可以获得32.8天的遗传进展,而产量的遗传进展更大为128.97斤/亩,这说明从突变群体中选出最优产量品种占全体的5%,繁殖到下一代时,平均产量可期望增产128.97斤/亩,或提高42.35%。株高、节数、荚数、粒数等性状也有较大的遗传进度。上述结果,说明大豆突变体具有丰富的遗传内容,通过选择可以达到预期目标或需要的性状指标,是优良种质的重要来源。

4. 主要性状的相关系数

为了解大豆突变体诸性状之间的相关程度,提高间接选择效果,根据格列芬性状相关公式估莫了七个性状间表型相关、遗传相关系数。(表5)

表5 大豆突变体表型、遗传相关系数

性 状	生育日数	株 高	主茎节数	一株荚数	一株粒数	百粒重	小区产量
生育日数		0.9423**	0.9671**	0.9123**	0.9054**	0.1455	0.9991**
株 高	0.9378**		0.9807**	0.9058**	0.9256**	-0.0045	0.9479**
节 数	0.9586**	0.9747**		0.9460**	0.9630**	-0.0598	0.9615**
荚 数	0.8651**	0.8561**	0.9125**		0.9851**	-0.2317	0.6857*
粒 数	0.8515**	0.8693**	0.9165**	0.9741**		-0.3043	0.9118**
百 粒 重	0.1444	-0.0032	-0.0585	-0.2265	-0.2976		0.1587
小 产 区 量	0.9409**	0.8951**	0.9126**	0.6202	0.8165**	0.1477	

左下角为表型相关,右上角为遗传相关,*为5%显著,**为1%显著

由表5可见表型相关系数和遗传相关系数方向和趋势一致,遗传相关系数略高于表型相关系数,二者相关系数绝对值未超过0.095。表型相关由于有环境的影响,不能准确的反映性状间遗传效应,因此在估算了表型相关后又估算了遗传相关。由于本研究环境效应较小,采用随机区组设计,重复四次,故此,表型相关系数与遗传相关系数相差无几,基本一致。从性状遗传相关结果看,小区产量与百粒重呈正相关;与荚数呈显著正相关;与生育日数、株高、节数、荚数呈极显著正相关。荚数与生育日数、株高、节数呈极显著正相关;节数与生育日数,株高呈极显著正相关;百粒重与生育日数呈正相关,但与株高、节数、荚数、粒数呈负相关。根据这个结果可以进行性状的间接选择,特别是在早期世代对于遗传力较低的产量性状,可以通过生育日数、株高等遗传力高,性状比较稳定,且与产量呈正相关的性状进行间接选择,能够获得良好效果。

小 结

1、大豆辐射突变体的株高、株荚数、株粒数等主要性状遗传变异系数大,遗传力高,有较高的遗传进展,遗传潜力较大。为选育大豆新品种提供了丰富的材料,是丰富

大豆种质的重要来源。

2、生育期、百粒重二性状遗传力高，遗传变异系数小，性状比较稳定，在早期世代可以选择，选择可以从严。

3、生育日数、株高、节数三性状与产量呈极显著正相关，且遗传力高，在早期世代可以做为产量的间接选择性状。

参 考 文 献

1、马育华、盖钧镒、1979年江淮下游地区大豆地方品种的初步研究Ⅱ数量性状的遗传变异，遗传学报第6卷3期。

2、李章模等1981年春小麦推广品种遗传参数的研究，黑龙江农业科学第四期。

1982年11月

早熟高产玉米单交种的组合选配*

卢凤岫

(黑龙江省农科院合江农业科学研究所)

合江地区年际间 $>10^{\circ}\text{C}$ 的活动积温变幅在 450°C 左右。低温早霜常常致使玉米产量显著下降,产量不稳。解决这个问题的根本途径是种植早熟、高产杂交种。

本文主要依据我所(位于佳木斯市郊,属于省规定的第二热量带)近年玉米育种的试验资料,仅就早熟指标、熟期和产量性状的遗传表现,以及早熟高产组合选配问题,作初步总结和分析。

一、要以综合指标确定品种熟期

品种熟期与生态环境有密切的联系。同一品种往往由于年度间活动积温、降水量、栽培条件的变化和品种感温性、抗逆性的不同,加之以对熟期调查标准掌握不一等因素的影响,其成熟期、生育日数和所需的活动积温有很大变化。一般抽丝期相差 $4\sim 8$ 天;成熟期相差 $7\sim 26$ 天;生育日数相差 $11\sim 26$ 天;活动积温相差 $86\sim 224^{\circ}\text{C}$ 。总的趋势是品种熟期越晚,年度间的差值越大。因此,选育品种时单纯以成熟期、生育日数及活动积温确定熟期,有时偏差很大。必须以热量指标为主(即品种所需的活动积温),同时辅助以抽丝期、成株叶数、穗行数并参考生物指标(有代表性的推广品种或农家品种)的熟期反应(与正常年比较),确定当年这些指标较正常年是卡严,还是适当放宽。然后,按调正过的熟期指标,对品种进行全面衡量,确定取舍。

现将主要指标分述如下:

1. 热量指标:当达到“适宜播种期”以后的 $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 活动积温保证率达85%时,所对应的活动积温值为该地区种植玉米品种的适宜热量指标。

分析佳木斯25年气象资料,可以看出:该地区历年稳定通过 10°C 的日期多在5月4日至10日。假如均在5月10日播完种,显然这以前 $>10^{\circ}\text{C}$ 的活动积温(年平均 80.3°C)不能被作物利用。常年初霜出现的日期为9月20日左右,此后的活动积温(年平均 103.7°C)也不能被利用。实际上全年可被作物利用的活动积温为 2432.4°C 。 $2350\sim 2432^{\circ}\text{C}$ 是该地区品种的适宜热量指标,其保证率可达80~88%。在25年中仅有三年5月10日以后可利用的活动积温达不到 2350°C ,不足的温度,三年合计约为 100°C 。据研究¹,活动积温每增、减 100°C ,每亩相应增、减产20斤,则三年共减产20斤。若是再将品种所需热量指标降 50°C ,定为 $2300\sim 2350^{\circ}\text{C}$,则25年共减产250斤。所以我们认为85%保证率对应的活动积温值是当地品种的适宜热量指标。实践表明,这一热量指标的品种熟期

*我组宗祥芬同志1980年进行了单交种鉴定工作,特此致谢。

恰置正常年霜前5~7天。

2. 抽丝期：玉米抽丝期早晚与成熟期早晚呈极显著正相关：杂交种 $r=0.852^{**}$ ($n=10$ 、 $P=0.01$ 、 $r=0.765$)。而且抽丝期便于观察，亦易掌握调查标准，误差小，结果可靠；受环境条件影响年际间比“成熟期”变化小。因此，抽丝期可作为熟期早、晚的重要依据。

3. 叶片数：成株叶片数多和成熟期晚呈极显著正相关。杂交种 $r=0.583^{**}$ ($n=56$ 、 $p=0.01$ 、 $r=0.354$)；自交系 $r=0.584^{**}$ ($n=123$ 、 $p=0.01$ 、 $r=0.228$)。成株叶片数多和抽丝期晚亦呈极显著正相关。杂交种 $r=0.592^{**}$ ($n=21$ 、 $P=0.01$ 、 $r=0.549$)；自交系 $r=0.710^{**}$ ($n=123$)。因此，可根据自交系、杂交种的叶片数判断自交系和杂交种的熟期。

据多年观察，在佳木斯叶片数超过18片的自交系，多是晚熟材料，霜前不能成熟。将1980年的123份自交系进行回归分析，仍看出这种趋势： $\hat{y}=12.44+0.16x$ ，表明每晚熟一天，则叶数多0.16片(图1)。

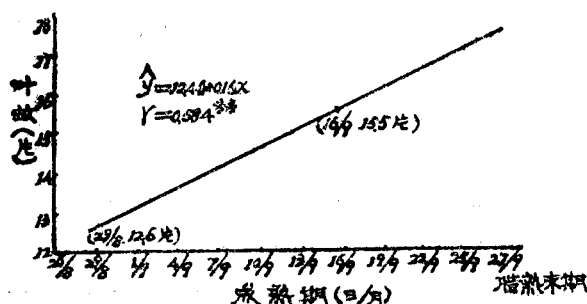


图1 自交系叶片数与成熟期的关系

迟1.3天(图2)。

据此，可为选育不同熟期的杂交种确定相应的抽丝期、成熟期及叶数指标。

4. 穗行数：穗行数多和熟期晚呈显著正相关，以抽丝期作熟期指标，测得： $r=0.5104^{*}$ ($n=16$ 、 $p=0.05$ 、 $r=0.497$)。其回归方程： $\hat{y}=6.42+0.41x$ (图3)，

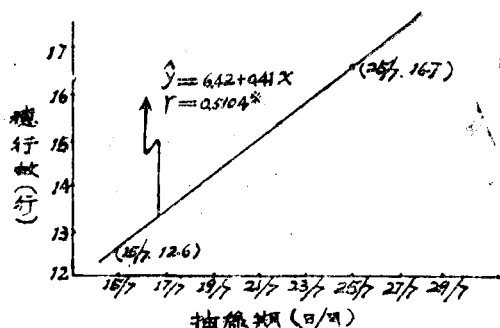


图3 杂交种穗行数与抽丝期的关系

分析我区种植的不同熟期的杂交种成株叶数与抽丝期的相关关系，得知： $\hat{y}=10.74+0.27x$ ，

表明抽丝期每延迟一天，则增加0.27片叶。根据上式求得：7月26日抽丝的成株叶数在17.8片。

还得知：成熟期对抽丝期的回归方程： $\hat{y}=10.62+1.30x$ ，说明抽丝期每延迟一天，则成熟期延

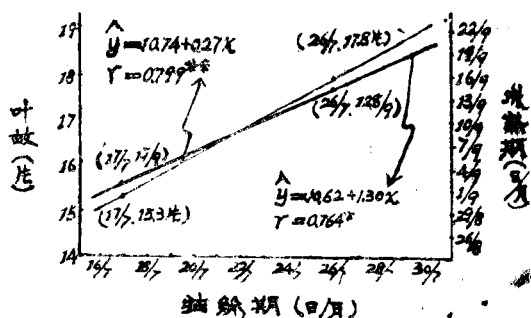


图2 杂交种叶片数和成熟期与抽丝期的关系

表明每早抽丝一天穗行数相应减少0.41行。由此可知：在第二热量带种植穗行数为16~17行的杂交种，熟期较适宜。

依据上述分析结果，拟定了合江地区各自然区域玉米品种的综合熟期指标(表1)：

表 1 合江地区各自然区域种植的杂交种熟期指标

区别 指标 项目	山间冷凉	江北平原	江南平原	南部丘陵
生物指标	小粒红	白头霜、合玉13号	黄金塔、合玉12号	合玉11号
省规定热量带	第四热量带	第三热量带	第三热量带	第二热量带
活动积温(℃)	1900~2100℃	2100~2200℃	2200~2300℃	2300~2400℃
抽丝期(月、日)	7.17	7.20	7.23	7.26
成熟期(月、日)	8.30前	9.5	9.10	9.15
生育日数(天)	90~100	100~105	106~110	111~115
叶片数(片)	14~15	15~16	16~17	17~18
穗行数(行)	13~14	14~15	15~16	16~17

实践证明,按照上述综合指标确定品种熟期,比较准确、可靠。例如我区现在大面积种植的不同熟期的三个单交种(见下表),其熟期特征基本符合这些指标:

熟期指标 品种名	活动积温 (℃)	抽丝期 (月、日)	成熟期 (月、日)	生育日数 (天)	叶片数 (片)	穗行数 (行)
合玉11号	2375	7.25	9.15	113	17	16
合玉12号	2330	7.22	9.12	110	16	14~16
合玉13号	2170	7.21	9.4	98	14~15	14

二、抽丝期与成熟期的遗传表现

比较72个单交种 F_1 与其中亲(MP)的抽丝期和成熟期,可以看出(表2),有70%组合的抽丝期和45%组合的成熟期分别比中亲的抽丝期与成熟期提早3天以上;但其中晚熟组合的成熟期提早的比值小些,为22.2%。初步认为:杂交种 F_1 抽丝期与成熟期的遗传表现是多数组合比中亲早3天以上²。因此,选配组合时,可根据双亲的抽丝期与成熟期,估算出 F_1 的抽丝期与成熟期,从而作到按育种目标,有预见性的选配早熟杂交种。

表 2 单交种 (F_1) 抽丝期与中亲 (MP) 比较表

超亲天数 百分比 组合别 (份数)	-3 天以上		-2 天		-1 天		0 天		+1 天		+2 天		+3 天以上	
	抽丝	成熟	抽丝	成熟	抽丝	成熟	抽丝	成熟	抽丝	成熟	抽丝	成熟	抽丝	成熟
早熟组(15)	66.7	66.7	0	0	6.7	13.3	13.3	13.3	6.7	0	0	0	6.7	6.7
中熟组(34)	73.5	52.9	5.9	11.8	8.8	14.7	5.9	5.9	2.9	0	0	5.9	2.9	8.8
晚熟组(23)	69.6	22.2	8.7	4.3	4.3	13.0	8.7	13.0	8.7	4.3	0	17.4	0	26.1
合计(72)	70.8	45.8	5.5	6.9	6.9	13.9	8.3	9.7	5.6	1.4	0	8.3	2.8	13.9

三、成株叶数的遗传表现

单交种 (F_1) 成株叶数一般比中亲叶数多一片, 接近或略高于大值亲本叶片数; 而且少叶×多叶或多叶×少叶趋势一致 (表 3)。因此, 配制杂交组合时, 中亲叶数要比预计选育的杂交种叶数少一片, 才有可能育出熟期适宜的杂交种。

表 3. 单交种 (F_1) 成株叶数与中亲 (MP) 比较表

百分比 组合类型 (份数)	超亲叶数 (片)		-1.5	-1	-0.5	0	+0.5	+1	+1.5	+2	+2.5
少叶×多叶 (34)	2.94	0	2.94	5.88	17.64	32.34	26.46	8.82	2.94		
多叶×少叶 (9)	0	0	0	0	22.22	33.33	44.44	0	0		
合计 (43)	2.33	0	2.33	4.66	18.64	32.62	30.29	6.99	2.33		