

文章编号: 1005-0906(2004)03-0043-04

两种方法对几个玉米自交系遗传特性及育种潜势的比较分析

许明陆¹, 潘光堂², 霍仕平¹, 晏庆九¹, 张兴端¹, 张健¹

(1.重庆三峡农业科学研究所, 重庆 万州 404001; 2.四川农业大学玉米研究所, 四川 雅安 625014)

摘要: 试验采用 7 个自选系、7 个外引系、外杂选系和按 NC II 组配的 49 个杂种 F₁ 组合为研究材料。应用混合线性模型、配合力两种分析方法对单株粒重的遗传方差和遗传力的分析结果进行了比较, 并在此基础上对 LUP 两种效应值与两种配合力效应值进行了比较分析。结果表明: 混合模型分析只揭示了显性和加加上上位性效应; 而配合力分析是在加-显遗传模型基础上进行的, 只能揭示加性和显性效应。两种分析方法所得各遗传方差分量与遗传力都基本一致。分析 LUP 所预测的单株粒重的各遗传效应值表明: LUP 加性效应各亲本系列(包括亲本效应)与一般配合力大小顺序完全一致; LUP 的显性效应与各组合的特殊配合力及超对照优势均呈极显著的正相关关系 ($r=0.70$ 和 $r=0.93$), 特殊配合力与超对照杂种优势的相关系数($r=0.56$)也达到极显著水平。

关键词: 玉米; 遗传模型; 配合力; 混合模型; 杂种优势; NC II 设计

中图分类号: S513.024

文献标识码: A

Compare Analysis to Genetic Characteristics and Potential in Breeding of Maize (*Zea mays* L.) Inbred Lines Between Mixed Linear Model and Combining Ability

XU Ming-lu¹, PAN Guang-tang², HUO Shi-ping¹, et al.

(1.Chongqing Three Gorge Agricultural Institute, Wanzhou 404001, China;

2. Maize Research Institute Sichuan Agriculture University, Yaan 625014, China)

Abstract: Fourteen maize inbred lines and forty-nine crosses mated by NC II design were used in the experiment. The genetic effects of kernel weight/plant were analyzed with mixed linear model analysis and combining ability analysis. And the results were compared. The major results are as following: There are dominant and A-A epistatic genetic effect in the mixed linear model analysis. But combining ability analysis is based on additive-dominant model. It reveals that just have additive effect and dominant effect. The differences of genetic variance component and heritability between mixed model analysis and combining ability analysis are not significant. Array sum of parents(including parents effect) comply with GCA in number order(from high to low). Correlation coefficient between the dominant effect of LUP(linear unbiased predict) and SCA(special combining ability)/heterosis are 0.70 and 0.93 respectively at 0.01 significant level. Correlation coefficient between SCA and heterosis is just 0.56 at significant 0.01 level.

Key words: Maize; Mixed model; Combining ability; Genetic model; Heterosis; NC II design

在目前的玉米育种实践中, 广大育种工作者最为关心的是子粒产量的遗传特性。通过配合力分析对其进行认识和了解, 一般配合力是稳定遗传部分,

而特殊配合力是杂种优势表现的主要体现。因此, 对配合力的分析可大致了解一个亲本自交系的遗传特性与育种潜力所在。

朱军等根据 Cockerham 的广义遗传模型, 运用 MINQUE(1)统计分析方法, 分析包括杂种一代和杂种二代或回交一代的双列资料, 可以在估算加性和显性遗传方差分量的同时, 无偏地估算加性与加性的上位性遗传方差分量, 还可以采用 LUP 法或 AUP

收稿日期: 2003-09-24

作者简介: 许明陆(1969-), 男, 重庆万州人, 硕士, 从事玉米育种研究。Tel: 023-58800487 E-mail: cqsxlls@cat.cq.cn

注: 本文是作者硕士论文的一部分, 曾得到明道绪教授、田孟良、杨先泉博士等的帮助, 在此一并致谢!

法无偏预测各项遗传效应值。根据遗传效应值的预测,可以评价亲本及其组合的育种价值。目前,棉花和水稻等作物运用此方法做了不少研究,而对玉米的研究少见报道。

1 材料与方法

1.1 试验材料与试验方法

以 7 个自育自交系 286-4、268-5、BCFM13、75-1、BCFM33-2、BCSM13 和 287-1 为 P₁ 组亲本,分别用 1、2、3、4、5、6、7 表示;以 7 个引进系或外杂选系 48-2、HZ32、7922、6311、227-1、M212 和 903-61 为 P₂ 组亲本,分别用 8、9、10、11、12、13、14 表示,P₁×P₂ 杂交组合,作为供试材料。

1997 年按 NCⅡ设计组配 49 个 F₁ 代杂交组合,并套袋自交产生亲本自交种子。1998 年按增广 NCⅡ设计,种植 49 个 F₁ 代杂交组合及 14 个亲本自交系。由于自交系与杂交种生长势、植株高度差异较大,为防止其相互竞争,试验采用分组进行,随机区组设计,3 次重复,每重复 1 行,行长 3.33 m,宽 0.83 m,每行 7 穴,每穴双株,管理同一般玉米试验。田间试验在重庆三峡农科所梁平试验站试验地进行。每小区考查 10 株,以小区平均数作为统计分析单位。

1.2 统计分析方法

1.2.1 传统方法

以配合力分析为基础,对配合力基因型方差及配合力效应值进行估算的方法简称传统方法。

配合力效应值: $\hat{g}_{i\cdot} = \bar{x}_{i\cdot} - \bar{x}_{..}$, $\hat{g}_{\cdot j} = \bar{x}_{\cdot j} - \bar{x}_{..}$, $S_{ij} = \bar{x}_{ij} - \bar{x}_{i\cdot} - \bar{g}_{\cdot j}$
根据莫惠栋任一 P₁ 亲本 i 与各 P₂ 亲本的特殊配合力方差(简称公式一);同样,任一 P₂ 亲本 i 与各 P₁ 亲本的特殊配合力方差(简称公式二):

$$\mu_{i\cdot}^2 = \frac{b}{b-1} \sum_1^b S_{i\cdot}^2 - \frac{b-1}{br} \delta_e^2 \tag{公式一}$$

$$\mu_{\cdot j}^2 = \frac{b}{b-1} \sum_1^b S_{\cdot j}^2 - \frac{b-1}{br} \delta_e^2 \tag{公式二}$$

公式中 b 为 P₁ 亲本和 P₂ 亲本的个数,r 为小区数。

1.2.2 新方法

根据广义遗传模型,采用 MINQUE(1)法,分析包括亲本和杂种 F₁ 代双列杂交遗传资料,估算加性和显性效应的同时,无偏地估算加性与加性的上位性效应,此种计算基因效应值与遗传方差分量的方法简称新方法。

混合线性模型: $Y_{ijkl} = \mu + A_i + A_j + D_{ij} + AA_{ii} + AA_{jj} + 2AA_{ij} + B_l + e_{ijkl}$

其中:μ 为群体平均数,固定效应;其余皆为随机效应,且遵循(0,δ²)分布。

当 i=j 时,k=0 时,为亲本平均表现型线性模型。

当 i≠j 时,k=1 时,为杂种 F₁ 代平均表现型线性模型。

1.2.3 超对照优势

$H\% = (\bar{x}_{ij} - \bar{x}_{..}) / \bar{x}_{..} \times 100\%$
 $\bar{x}_{ij}$ 为某一组合平均单株粒重, $\bar{x}_{..}$ 为总平均数。

2 结果与分析

2.1 差异性检验

分别对 P₁ 和 P₂ 两组亲本与杂种 F₁ 进行差异性检验,结果(表 1)达到极显著水平。

表 1 单株粒重方差分析

变异来源	母本(P ₁)	父本(P ₂)	杂种 F ₁ (P ₁ ×P ₂)
自由度(DF)	6	6	48
方差(MS)	617.15**	224.02**	586.91**

注:* 为 0.05 水平显著,** 为 0.01 水平显著,下表同。

2.2 基因效应分析结果

2.2.1 两种方法对遗传效应的差异性检验

分别按 P₁、P₂ 和 P₁×P₂ 杂交组合进行配合力方差分析,运用随机模型(模型Ⅱ)检验差异显著性。结果(表 2)表明:单株粒重的一般配合力方差达显著、特殊配合力方差达极显著水平。根据各种模型的分析统计方法用 C 语言编写的计算机程序,用 A-D-E 模型及重复抽样方式计算出各效应方差分量及显著性水平。结果(表 2)表明:单株粒重的加性效应为零,而显性与加加上位效应均达极显著水平。

表 2 配合力效应(左)与 MINQUE(1)效应(右)方差分析

变异来源	自由度(DF)	均方(MS)	变异来源	自由度(DF)	均方(MS)	标准误(SE)
母本(P ₁)	6	1 349.73*	加性	2	0.00	0.00
父本(P ₂)	6	1 772.61*	显性	2	695.28**	28.75
母本×父本(P ₁ ×P ₂)	36	262.15**	加加上位	2	900.40**	10.16
误差	96	10.71	剩余	2	9.09*	3.15

2.2.2 配合力效应值

从表 3 可以看出,一般配合力大小排列顺序,

P₁ 组为:3、7、2、1、6、4、5;P₂ 组为:10、9、14、8、12、13、11。

表 3 单株粒重配合力效应值								
亲本编号	8	9	10	11	12	13	14	GCA
1	6.67	9.82	5.52	-10.25	-13.78	-1.99	4.02	3.78
2	7.61	14.46	1.83	-11.47	-14.17	-1.28	3.03	4.20
3	7.00	-7.55	-10.18	3.26	6.85	-4.45	5.09	9.21
4	-12.58	-9.50	-3.86	21.34	4.10	-4.01	4.50	-4.97
5	-5.95	2.50	5.54	-2.26	5.04	-2.94	-1.96	-13.84
6	-3.21	-3.13	3.94	7.44	6.14	9.26	-20.46	-4.24
7	0.45	-6.63	-2.76	-8.03	5.84	5.40	5.77	5.86
GCA	2.28	7.33	12.16	-14.84	-3.07	-7.53	3.66	

评价自交系的优劣除了直接比较 GCA 效应大小外, 还需要比较自交系在个别组合中传递能力的整齐度, 需借助亲本特殊配合力方差, 更有把握地判断各亲本自交系的优劣。按公式一和公式二计算出各亲本特殊配合力方差, 结果见表 4。

表 4 各自交系特殊配合力方差								
P ₁ 亲本编号	1	2	3	4	5	6	7	
方 差	78.02	99.19	49.09	125.60	16.16	102.45	32.41	
P ₂ 亲本编号	8	9	10	11	12	13	14	
方 差	56.20	82.40	31.30	134.87	88.88	24.44	84.81	

从表 4 可知, P₁ 组特殊配合力方差以 4、6、2、1

较大, 而 3、7、5 较小; P₂ 组特殊配合力方差以 11、12、14、9 较大, 而 8、10、13 较小。

根据张向群及莫惠栋的研究, 并结合表 3 及表 4 的分析结果: 2、1、9 这 3 个亲本的利用价值较高, 10、3、7 这 3 个亲本只能利用 GCA, 11、4、6、14 这 4 个亲本只能利用 SCA, 而 5 与 13 两个亲本利用价值较小。

2.2.3 单株粒重的 LUP 效应值分析结果

由表 2 可知, 单株粒重的两种效应均达极显著水平, 可对其效应进行 LUP 预测, 结果(亲本和组合加加上位效应值及显性效应值)分别列于表 5 和表 6。

表 5 亲本与组合加加上位效应值(LUP 值)										
亲本编号	8	9	10	11	12	13	14	S ₁₁	S ₁₂	
	-28.23	-26.85	-28.17	-21.03	-23.70	-27.00	-28.48	-159.70		
1	-18.90	10.11	12.06	11.94	-3.17	-0.89	3.92	9.98	43.95	25.05
2	-23.03	12.03	15.46	12.03	-2.10	0.51	5.76	10.62	54.37	31.34
3	-26.97	14.35	9.26	9.81	6.31	11.43	7.05	14.00	72.22	45.25
4	-23.22	1.92	3.84	8.86	8.86	5.69	2.60	9.13	40.90	17.38
5	-26.06	3.47	7.53	10.34	-1.61	4.98	1.93	5.47	32.11	5.51
6	-27.02	7.15	7.88	12.29	4.84	8.01	9.37	0.71	50.25	23.23
7	-24.78	10.19	8.07	11.21	0.27	9.47	9.42	12.72	61.35	36.58
S ₂₁	-169.98	59.22	64.10	76.48	13.40	39.20	40.05	62.63	355.15	184.30
S ₂₂		31.00	37.25	48.31	-7.63	15.54	13.07	34.15	171.69	

表 6 亲本与组合显性效应值(LUP 值)										
亲本编号	8	9	10	11	12	13	14	S ₁	S ₂	
	-14.46	-14.73	-16.45	-6.93	-10.81	-11.75	-14.89	-90.02		
1	-10.15	5.05	6.03	5.97	-1.58	-0.45	1.96	4.73	21.71	11.56
2	-12.55	6.01	7.73	6.01	-1.05	0.25	2.88	5.31	27.14	14.59
3	-15.77	7.17	4.63	4.90	3.16	5.71	3.53	7.00	36.10	20.33
4	-10.77	0.96	1.92	3.84	4.43	2.85	1.30	4.56	19.86	9.09
5	-10.53	1.74	3.77	5.17	-0.80	2.49	0.97	2.74	16.08	5.50
6	-13.04	3.58	3.94	6.14	2.42	4.00	4.69	0.35	25.12	12.08
7	-13.86	5.09	4.04	5.60	0.14	4.73	4.71	6.36	30.67	16.81
S ₁	-86.67	29.60	32.05	37.63	6.71	19.58	20.04	31.05	176.67	89.96
S ₂		15.14	17.33	21.18	-0.25	8.77	8.29	16.17	86.63	

将亲本的加加上位效应值与其系列和值作相关分析, 结果两者之间呈显著负相关关系($r=-0.60$), 亲本对杂种 F₁ 的加加上位效应决定系数仅 0.36。

各亲本加加上位效应系列和大小排列顺序, P₁

组: 3、7、2、6、1、4、5, P₂ 组: 10、9、14、8、13、12、11。若将亲本效应值与系列和相加得新的系列和则大小排序, P₁ 组: 3、7、2、1、6、4、5, P₂ 组: 10、9、14、8、12、13、11, 两者有一点差异。前者的大小排列顺序与一般配

合力大小有一定的差异，后者的大小排列顺序与一般配合力大小排列顺序完全一致。

从表 6 可知，各亲本的显性效应值与其系列和值呈极显著负相关($r=-0.98$)，决定系数 $R^2=0.95$ ；各亲本显性效应值之和与各组合显性效应值之和相等；各亲本显性效应值的系列和与表 6 的特殊配合力方差无一致性关系。综合表 5 与表 6 的结果可得，加加上位效应的估计值与显性效应估计值之间呈极显著正相关($r=0.99$)，决定系数 $R^2=0.99$ ；决定程度高，一元线性回归方程为 $y=0.02+0.5X$ (y 为显性效应值， X 为加加上位效应值)，因此，显性效应估计值各系列和与加加上位效应估计值各系列和一致。

综上所述，以混合模型为基础的 LUP 效应分析与配合力分析结果较一致，但是其显性效应值的解释还有待进一步研究。

2.2.4 两种方法所得效应值与杂种优势的关系

按相关公式计算出单株粒重的超对照优势，结果见表 7。

表 7 单株粒重的超对照优势

亲本编号	8	9	10	11	12	13	14
1	9.36	15.39	15.77	-15.66	-9.61	-4.22	8.42
2	10.36	19.10	13.37	-16.25	-9.58	-3.39	8.00
3	13.59	6.61	8.23	-1.74	9.55	-2.04	13.20
4	-11.22	-5.25	2.45	1.12	-2.90	-12.14	2.34
5	-12.87	-2.95	2.84	-22.74	-8.73	-17.87	-8.92
6	-3.80	-0.03	8.72	-8.56	-0.86	-1.85	-15.47
7	6.31	4.82	8.72	-12.50	6.34	2.74	11.24

从表 7 可知，单株粒重超对照 10% 的组合 2 号亲本占 3 个，1、3、8、9、10、14 几个亲本占 2 个，7 号亲本占 1 个；减产 10% 以上的组合却主要是 11、4、5、13 几个亲本所配，而其它亲本所配的组合较少，这与配合力分析结果较吻合。

将 LUP 预测的显性效应值、特殊配合力效应值、杂种优势三者两两之间作相关分析。结果表明：LUP 显性效应预测值与杂种优势之间呈显著的正相关，相关系数 $r=0.93$ ，决定系数 $R^2=0.87$ 。特殊配合力效应值与 LUP 显性效应预测值间呈显著的正相关，相关系数 $r=0.70$ ，决定系数 $R^2=0.49$ 。特殊配合力效应值与超对照杂种优势间呈显著的正相关，相关系数 $r=0.56$ ，决定系数 $R^2=0.31$ 。可见 LUP 对基因效应的预测结果与配合力分析有较大的一致性，并且比配合力分析对杂种优势的预测更有效。

3 讨 论

LUP 或 AUP 是在 MINQUE(1)分析的基础上，对

基因效应做无偏预测，是对各组合(各自交系)的几种基因效应做进一步的分解。

本研究的结果表明，配合力分析对亲本自交系的评价与实际情况基本一致。我们将 LUP 对加加上位和显性效应的预测值按双列表进行了整理，结果发现加加上位效应的系列和(包括亲本本身)与一般配合力有很大的相似之处，各亲本的大小排序完全一致。LUP 显性效应预测值与杂种优势之间的相关系数和决定系数均大于特殊配合力效应值与超对照杂种优势间的相关系数和决定系数，而特殊配合力效应值与 LUP 显性效应预测值间也呈显著的正相关关系。可见 LUP 对基因效应的预测结果与配合力分析有较大的一致性，并且比配合力分析对杂种优势的预测更有效。但是混合线性模型分析对加性、显性的定义与配合力分析有所不同；在此例中无加性效应，可能是抽样误差较大或较大的加加上位效应掩盖了加性效应，也可能是此模型分析的缺陷；另外加加上位效应值与显性值之间存在极显著的相关关系，决定系数为 0.99，这与实际有一定的差异。因此，此方法在玉米这种较特殊的作物上应用还需进一步完善。

参考文献：

[1] 高之仁. 数量遗传学[M]. 成都: 四川大学出版社, 1986.

[2] 刘来福, 毛盛贤, 黄远樟. 作物数量遗传学[M]. 北京: 农业出版社, 1984.

[3] 莫惠栋. 农业试验统计[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1984.

[4] 朱 军. 遗传模型分析方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997.

[5] 明道绪. 不完全双杂交单株资料配合力分析[J]. 西南农业学报, 1994, 7(3): 102-107.

[6] 莫惠栋. 双列资料的遗传模型分析[J]. 江苏农学院学报, 1987, 8(1): 59-61.

[7] 莫惠栋. 增广 NC II 设计和遗传模型测验[J]. 作物学报, 1991, 17(1): 1-9.

[8] 张向群. 玉米自交系两种配合力在杂种一代的表现[J]. 作物学报, 1987, 13(2): 135-142.

[9] 朱 军. 广义遗传模型与数量遗传分析新方法[J]. 浙江农业大学学报, 1994, 20(6): 551-559.

[10] 朱 军. 作物杂种后代基因型值和杂种优势的预测方法[J]. 生物数学学报, 1993, 8(1): 32-44.

[11] 朱 军, 等. 作物品种间杂种优势遗传分析的新方法[J]. 遗传学报, 1993, 20(3): 262-271.

[12] Zhu Jun. Mixed model approaches for estimating genetic variances and covariances. J. Biomath, 1992, 7(1): 1-11.

[13] Cockerham C C, Weir B S. Quadratic analysis of reciprocal cross. Biometrics, 1977, 33: 187-203.

[14] Cockerham C C. Random and fixed effects in plant genetics. Theoretical and Applied Genetics, 1980, 56: 119-131.