

高赖氨酸玉米亲本间遗传距离与杂种优势和配合力的关系

汪黎明 石德权 白 丽

(中国农业科学院作物育种栽培研究所, 北京 100081)

Relationships between Genetic Distance and Heterosis and Combining Ability of High Lysine Maize

Wang Liming Shi Dequan Bai Li

(Institute of Crop Breeding and Cultivation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: Eight high lysine maize lines and fifty-six diallel crosses of the lines were used to analyse the genetic distance (D^2) of parents. There were no significant relationships between the D^2 and heterosis, D^2 and specific combining ability in lysine--yield, protein--yield, fat--yield and kernel--yield (kg/ha). There was no relationship between the average genetic distance of a line and general combining ability, either. It was necessary to test the combining ability of lines in maize breeding.

Key Words: High lysine maize; Yield characters; Genetic distance; Heterosis; Combining ability.

提要 本文以 8 个高赖氨酸玉米自交系以及这 8 个亲本的 56 个完全双列杂交组合为材料, 考查产量、品质等 14 个性状, 进行遗传距离分析。结果表明, 赖氨酸产量、蛋白质产量、脂肪产量和籽粒产量这 4 种产量性状的遗传距离与超亲优势、超标优势和特殊配合力之间都不存在显著的相关关系。但有一种趋势, 即杂种优势较大的组合大多有较大的遗传距离。亲本的平均遗传距离与一般配合力之间也不存在显著的相关关系。遗传距离分析结果还属于参考性的, 在实际育种工作中, 进行配合力的测定依然是必要的。

关键词 高赖氨酸玉米 产量性状 遗传距离 杂种优势 配合力

国内自 70 年代开展高赖氨酸玉米育种以来, 先后育成了产量和普通玉米相当, 但籽粒赖氨酸含量却高出一倍的优质玉米杂交种, 如中单 206、农大 107、鲁单 202 等。高赖氨酸玉米育种既考虑产量因素, 又要涉及品质因素以及其它性状, 亲本选配工作比较复杂。近年来, 国内外许多学者在小麦、水稻、玉米等作物的研究中, 提出用遗传距离作为预测杂种优势及合理选配亲本的可靠性指标。但在高赖氨酸玉米育种中应用的还比较少

见。本文通过分析高赖氨酸玉米亲本间遗传距离与杂种优势和配合力的关系, 以期探索应用遗传距离来预测杂种优势和配合力的可能性。

1 材料和方法

选用中国农科院作物所育成的、不同亲缘关系的 8 个高赖氨酸玉米自交系: 中系

017/02、中系 030/02、中系 022/02、中系 062/02、中系 091/02、中系 041/02、中系 051/02 和中系 023/02。1987 年春在北京市通县隔离种植,同时种植这 8 个亲本的完全双列杂交组合(包括反交,共 56 个组合)。田间试验采用随机区组设计,4 次重复,2 行区,行长 4.30m,行距 0.70m,株距 0.33m。田间管理同一般育种试验田。每小区姊妹交 5 穗,用来分析籽粒品质成分。每小区选取 10 株作为样株。田间调查和室内考种 11 个性状:株高、穗位高、穗长、穗粗、穗行数、行粒数、千粒重、单株穗重、单株粒重、吐丝期和成熟期。每小区姊妹交果穗的混合籽粒用来进行品质分析。用蛋白质分析仪测定全籽粒蛋白质含量和赖氨酸含量,用残渣法测定脂肪含量。

以小区平均数为单位进行方差分析,计算各性状间的遗传相关系数,构成遗传相关矩阵,并求其特征根和特征向量。以累计贡献率达到 80% 以上的前几个特征根值对应的特征向量为组合系数,分别计算出各亲本的主成分值。配合力分析方法采用 Griffing 方法 3。用 $H_1 = (F_1 - MP)/MP$ 计算超亲优势,MP 为中亲值。用 $H_2 = (F_1 - CK)/CK$ 计算超标优势,CK 为对照。

2 结果与分析

2.1 亲本的主成分和亲本间遗传距离分析

自交系各性状的方差分析表明,14 个性状自交系间的差异均达到 5% 显著水平,故可全部进入遗传相关分析,求得 14 阶的遗传相关矩阵。用 Jacobi 法求得遗传相关矩阵的特征根和特征向量(表 1)。各个特征根的大小即表示各综合指标对总遗传方差的贡献大小,各特征向量表示自交系各性状对综合指标贡献的大小。前 3 个特征根的累积贡献率达 87.49%,也就是说 3 个主成分就可概括试验信息量的 87% 以上。第一主成分的特征根 $\lambda_1 = 6.0302$,对总遗传方差的贡献率为 43.07%,特征向量以单株穗重最大,其次是

单株粒重,所以可把第一主成分称为产量因子。第二主成分的特征根 $\lambda_2 = 3.2978$,对总遗传方差的贡献率为 23.56%。特征向量主要是穗行数、行粒数、穗长和穗粗,均为构成穗粒数的因子,因此,可将穗粒数称为第二主成分。

表 1 人选特征根和特征向量

特 征 根		λ_1	λ_2	λ_3
		6.0302	3.2978	2.9204
累 积 %		43.07	66.63	87.49
特 征 向 量	株 高	0.3687	-0.0812	0.1509
	穗 位 高	0.3329	-0.2857	0.1239
	穗 长	0.2542	-0.3935	-0.0822
	穗 粗	0.2679	0.3794	0.0394
	穗 行 数	0.1671	0.4417	0.0530
	行 粒 数	0.0305	-0.5441	-0.0107
	千 粒 重	0.2114	0.2603	-0.2253
	单 株 穗 重	0.3957	0.0113	-0.0907
	单 株 粒 重	0.3888	0.0295	-0.0271
	吐 丝 期	0.3592	-0.1223	0.0396
	成 熟 期	0.2287	0.0310	-0.2677
	赖氨酸含量	0.0381	0.1420	0.5291
	蛋白质含量	0.1781	0.0525	0.5431
	脂肪含量	-0.1445	-0.1196	0.4928

从表 1 还可看出,穗长和穗粗之间,穗行数和行粒数之间均为负效应,表明它们之间的负相关关系。第三主成分的特征根 $\lambda_3 = 2.9204$,对总遗传方差的贡献率为 20.86%。特征向量主要是赖氨酸含量、蛋白质含量和脂肪含量,因此可把第三主成分称作籽粒品质因子。千粒重、成熟期与品质因子的符号相反,反映了它们之间存在着负相关关系。

根据主成分值,可以大致评价自交系的优劣(表 2)。第一主成分属产量因子,自身产量较高的自交系大多具有较大的主成分,如中系 051/02、中系 030/02、中系 023/02 和中系 017/02。中系 091/02、中系 051/02 和中系 030/02 具有较大的第二主成分,属穗大、粒多型亲本。从籽粒品质性状来看,第三主成分越大越好,中系 062/02、中系 030/02 和中系 041/02 具有较好的籽粒品质。

表 2 自交系的主成分

自 交 系	第一主成分	第二主成分	第三主成分
中系 017/02	18. 3450	-1. 2256	6. 6673
中系 030/02	18. 7837	1. 0141	8. 5998
中系 022/02	16. 5588	0. 5872	6. 4056
中系 062/02	17. 2580	0. 3110	9. 2112
中系 091/02	17. 3475	2. 0520	6. 6251
中系 041/02	18. 1240	-0. 2903	7. 2847
中系 051/02	19. 7665	1. 2982	6. 8167
中系 023/02	18. 4745	0. 1907	6. 7652

2.2 亲本间遗传距离与杂种优势和配合力的关系

高赖氨酸玉米育种的目标是单位面积所能收获的籽粒产量和赖氨酸产量。将赖氨酸含量、蛋白质含量和脂肪含量分别乘以籽粒产量,得到单位面积的赖氨酸产量、蛋白质产量和脂肪产量(公斤/公顷)。方差分析表明,赖氨酸产量、蛋白质产量、脂肪产量和籽粒产量这 4 个性状均不存在反交效应。因此,可将正反交组合合并,计算组合平均数,并求得各

组合的超亲优势(H_1)。以通过审定的组合中系 091/02×中系 017/02 为对照(CK),计算超标优势(H_2)。限于篇幅,文中只列出赖氨酸产量和籽粒产量两个性状的数值(表 3)。本文还计算了遗传距离(D^2)与杂种优势的相关系数(表 4),发现 D^2 与 H_1 、 H_2 的相关系数均为正值,但都没有达到显著水平。这说明亲本间遗传距离的大小与杂交后代的表现有一定的联系。从具体组合来看,一些强优组合大多具有较大的遗传距离(表 3),如中系 017/02×中系 091/02, D^2 为 11. 74;中系 017/02×中系 062/02, D^2 为 10. 01;中系 017/02×中系 051/02, D^2 为 8. 41 等等。一些弱势组合的遗传距离较小,如中系 017/02×中系 023/02、中系 022/02×中系 091/02、中系 041/02×中系 023/02 等。但也有部分组合的遗传距离较大,优势并不强,如中系 062/02×中系 051/02、中系 030/02×中系 022/02 等。

表 3 各组合的遗传距离(D^2),超亲优势(H_1)、超标优势(H_2)和特殊配合力(SCA)

组 合	D^2	赖 氨 酸 产 量			籽 粒 产 量		
		H_1	H_2	SCA	H_1	H_2	SCA
017×030	8. 94	1. 252	-0. 017	0. 738	1. 454	0. 012	13. 732
×022	6. 55	1. 281	-0. 164	-0. 161	1. 401	-0. 107	-5. 991
×062	10. 01	1. 530	0. 007	1. 429	1. 374	-0. 089	-2. 029
×091	11. 74	1. 620	—	1. 401	1. 633	—	8. 436
×041	1. 30	1. 490	-0. 062	-0. 331	1. 602	-0. 011	3. 642
×051	8. 41	1. 291	0. 026	-1. 879	1. 347	0. 055	-5. 677
×023	2. 03	1. 143	-0. 107	-1. 197	1. 078	-0. 130	-12. 112
030×022	9. 95	0. 956	-0. 227	-0. 575	1. 192	-0. 180	-4. 546
×062	3. 20	1. 200	-0. 062	0. 805	1. 264	-0. 127	6. 804
×091	7. 04	1. 200	-0. 098	-0. 335	1. 249	-0. 141	-4. 243
×041	3. 87	1. 167	-0. 122	-0. 629	1. 226	-0. 149	-8. 412
×051	4. 23	1. 271	0. 082	2. 242	1. 289	0. 033	6. 457
×023	4. 14	0. 827	-0. 187	-2. 245	0. 905	-0. 199	-9. 791
022×062	8. 44	1. 212	-0. 210	-0. 186	1. 408	-0. 168	3. 082
×091	2. 82	1. 024	-0. 311	-3. 781	1. 226	-0. 239	-19. 704
×041	3. 99	1. 498	-0. 161	2. 544	1. 643	-0. 096	7. 452
×051	10. 96	1. 258	-0. 082	0. 699	1. 423	-0. 004	3. 659
×023	3. 96	1. 097	-0. 212	1. 460	1. 372	-0. 098	16. 043
062×091	9. 73	1. 457	-0. 086	-0. 129	1. 377	-0. 160	-2. 991
×041	4. 82	1. 464	-0. 095	0. 149	1. 512	-0. 112	4. 502
×051	13. 00	1. 119	-0. 072	-3. 853	1. 108	-0. 109	-17. 666
×023	7. 48	1. 273	-0. 075	1. 784	1. 202	-0. 137	8. 298
091×041	6. 52	1. 586	-0. 093	0. 467	1. 670	-0. 066	5. 992
×051	6. 46	1. 466	0. 039	0. 636	1. 484	0. 041	5. 173
×023	4. 75	1. 350	-0. 082	1. 740	1. 312	-0. 103	7. 338
041×051	5. 44	1. 464	0. 026	0. 749	1. 478	0. 039	2. 329
×023	0. 62	1. 018	-0. 221	-2. 949	1. 058	-0. 200	-15. 506
051×023	2. 90	1. 234	0. 020	1. 406	1. 214	0. 012	5. 725

注 组合一栏中的亲本均已简写,如中系 017/02 简写成 017。

表 4 遗传距离(D²)与杂种优势(H₁、H₂)和特殊配合力(SCA)的相关系数

相关性状	赖氨酸产量			蛋白质产量			脂肪产量			籽粒产量		
	H ₁	H ₂	SCA	H ₁	H ₂	SCA	H ₁	H ₂	SCA	H ₁	H ₂	SCA
D ²	0.217	0.232	0.038	0.159	0.149	0.027	0.288	0.222	0.060	0.190	0.178	0.062

显著水平 r_{0.05} = 0.374

根据 Griffing 方法 3,对双列杂交组合进行了配合力分析。方差分析表明,一般配合力均方和特殊配合力均方都达到 5%显著水平,进而求出各组合的特殊配合力(SCA)和亲本的一般配合力(GCA)。SCA 的数值也列于表 3,D²与 SCA 的相关系数列入表 4。4 种性状 D²与 SCA 的相关系数都非常小,很显然,它们之间不存在相关关系。从这 4 个性状的散点图上,也看不出它们之间存在着抛物线回归关系。

表 5 亲本的平均遗传距离(D²)与一般配合力效应(GCA)

自交系	D ²	GCA			
		赖氨酸产量	蛋白质产量	脂肪产量	籽粒产量
中系 017/02	6.997	2.033	35.083	22.672	11.666
中系 030/02	5.910	0.042	3.104	-19.516	-4.980
中系 022/02	6.667	-4.652	-125.125	-102.557	-9.795
中系 062/02	8.097	0.217	12.333	140.193	-10.107
中系 091/02	7.009	0.036	-14.729	-23.870	-2.097
中系 041/02	3.794	-0.584	9.646	33.755	0.522
中系 051/02	7.343	4.299	110.396	-8.328	23.316
中系 023/02	3.697	-1.450	-30.708	-42.349	-8.524
与 D ² 的相关系数		0.337	0.213	0.297	0.238

显著水平 r_{0.05} = 0.707

如果以同一亲本的所有组合双亲间遗传距离的平均值来表示该亲本的平均遗传距离(D²),进而分析 D²与一般配合力效应(GCA)的关系。从表 5 可见,D²与 4 种性状的 GCA 的相关系数均未达到显著水平。但也有一种趋势,即 GCA 值较大的亲本,具有较大的 D²值,如中系 051/02、中系 091/02 和中系 017/02。中系 062/02 是一个例外,它是一个高赖氨酸高脂肪含量的自交系,脂肪含量显著高于其它亲本,这可能是构成它的

平均遗传距离较大的原因之一,但它的一般配合力并不突出。

3 小 结

3.1 本文在高赖氨酸玉米上应用遗传距离的研究结果与其它作物和普通玉米上的结果不尽一致,这可能与研究的材料和选择的性状不同有关。

3.2 遗传距离与超亲优势和超标优势之间不存在显著的相关关系。但也有一种趋势,即杂种优势较大的组合,大多具有较大的遗传距离。

3.3 各组合的遗传距离与特殊配合力之间无相关关系。亲本的平均遗传距离与一般配合力的相关系数虽为正值,但都没有达到显著水平。在实际育种工作中,遗传距离分析还是属于参考性的,进行配合力的测定仍然是必要的。

参 考 文 献

[1]刘来福,作物数量性状的遗传距离及其测定,《遗传学报》,1979,6(3):349—355
[2]李竞雄等,高赖氨酸玉米杂交种的选育,《中国农业科学》,1980,(1):23—28
[3]徐静斐等,遗传距离预测水稻杂种优势的验证,《安徽农业科学》,1981,水稻数量遗传论文专辑,126—129
[4]石德权等,硬质胚乳高赖氨酸玉米的选育研究,《中国农业科学》,1982,(4):1—5
[5]孔繁玲,亲本间数量性状遗传距离在高赖氨酸玉米育种中的应用初探,《北京农业大学学报》,1986,12(3):257—258
[6]龙漫远,玉米遗传距离测定方法及其与产量的杂种优势和特殊配合力的关系,《作物学报》,1987,13(3):193—200
[7]Griffing, B., 1956, Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australia J. Bio. Sci., 9(4):463—493