

玉米雄穗性状的遗传分析

刘大文

(贵州农学院,贵阳 550025)

Genetic Analysis on Tassel of Corn

Liu Dawen

(Guizhou Agricultural College, Guiyang 550025)

Abstract: Genetic analysis of corn tassel was made in a 8×8 diallel without reciprocals. Both regression of Wr on Vr and analysis of variance of $(Wr + Vr)$ and $(Wr - Vr)$ showed that additive, dominant and epistatic effects were responsible for the inheritance of tassel branch number, tassel length and tassel weight. But after removal of discrepant inbred lines, a simple additive-dominant model was adequate for these tassel characters. The results obtained from 6×6 subdiallel indicated that high tassel branch number, long tassel and heavy tassel were dominant. We found that tassel branch number was incomplete dominant, tassel length and tassel weight were overdominant. Eighteen, twenty and twenty-two genes were involved in the inheritance of tassel branch number, tassel length and tassel weight respectively. Inbred line Ki 21 contained the mostly recessive genes for tassel branch number and tassel weight, dominant genes for tassel length. Kei 9103 carried the mostly dominant genes for tassel branch number and recessive genes for tassel length. KS 23-1-4 possessed the mostly dominant genes for tassel weight.

Key Words: Corn; Diallel; Tassel Characters; Genetic analysis

摘要 以 Kei9103 等 8 个玉米自交系为亲本,按照双列设计组配一套不包括反交的组合,对雄穗分枝数、雄穗长和雄穗重进行遗传分析。Wr 依 Vr 回归、 $(Wr + Vr)$ 和 $(Wr - Vr)$ 方差分析表明,三个性状的遗传效应中皆存在加性、显性和上位性效应,但去掉偏离回归直线的亲本后,在 6×6 亚双列中三个性状的遗传皆符合加性—显性模型。在三个性状中,多分枝对少分枝是不完全显性,长雄穗对短雄穗和重雄穗对轻雄穗是超显性。雄穗分枝数、雄穗长、雄穗重的遗传分别涉及到 18、20、22 个基因位点。在亲本显隐性基因的分布上,Ki21 具有雄穗分枝数和雄穗重的隐性基因最多,具有雄穗长的显性基因最多;Kei9103 具有雄穗分枝数的显性基因最多,具有雄穗长的隐性基因最多;KS23-1-4 具有雄穗重的显性基因最多。

关键词 玉米 双列杂交 雄穗性状 遗传分析

从玉米杂交制种以来,对雄穗与产量的关系进行了许多研究。Leonard 等观察到在高密度下去雄植株的产量比未去雄植株高,空秆率下降^[6]。Grogan 发现在不利条件下,去雄后减少了雄穗对雌穗营养物质的竞争,产量明显增加^[5]。Duvick 等发现雄性不育杂

交种的产量高于相应的可育杂交种^[3]。Chin-wuba 等比较了正常杂交种与相应的雄性不育杂交种的产量,发现在 33 000 株/公顷密度下,后者比前者的产量高 17%;而在

* 本文系在丁家骏基金资助下在泰国玉米高粱研究中心做访问研究的一部分,承蒙 Chokechai 博士和 Sansen 先生协助,谨此致谢。

68 000株/公顷密度下,后者比前者的产量则高41%⁽¹⁾。Sanford研究发现,在高密度下不育株雄穗中的氮、干物质比相应的可育株少⁽¹⁴⁾。Duncan指出去雄减少了雄穗对上部叶片冠层的遮荫作用⁽²⁾。Hunter观察到在高密度下去掉雄穗分枝,产量有所增加⁽³⁾。这些研究表明,在高密度下雄穗对产量有重要影响。

近来研究表明,近期的自交系和杂交种的雄穗较小⁽¹¹⁾。现代玉米杂交种趋向于具有较小的雄穗,以提高对高密度的忍耐力,但目前对雄穗性状的遗传规律知之甚少。鉴于此,本文对雄穗分枝数、雄穗长、雄穗重进行了遗传分析。

1 材料与方法

选择在雄穗分枝数、雄穗长、雄穗重三个性状上具有显著差异的Kei9103、KS23-1-4、KS23-6-4、KS23-1-1、Ki43、Ki32、Ki44、Ki21等8个玉米自交系(分别以1、2、3、4、5、6、7、8表示)为亲本,按照双列设计组配一套不包括反交的组合。试验采用随机区组设计,三次重复。杂交种每小区2行,自交系4行。行长5m,行距0.75m,株距0.25m。采用播种器(Jab planter)在垄上超量播种,4

至5叶期定苗到每穴一株。

未散粉前取样,杂交种每个5株,自交系每个10株。雄穗从基部分枝处砍下,在日光下晒4天,然后置于75℃烘箱内干燥2天,称出雄穗干重(g)。同期测定雄穗分枝数和雄穗长,自交系和杂交种皆测10株。雄穗长系雄穗基部分枝点至顶端的长度(cm),雄穗分枝数系多于6个小穗的所有分枝的数目。

所有资料皆以小区平均数为单位,按照Hayman(1954)⁽⁶⁾、Mather&Jinks(1971)⁽¹⁰⁾、Jana(1975)⁽⁷⁾的方法进行分析。

2 结果与分析

2.1 Wr/Vr分析

在8×8双列中,雄穗分枝数、雄穗长、雄穗重的Wr依Vr的回归系数(b)分别为0.2295、0.5914、0.4529。t测验表明,雄穗分枝数和雄穗重的回归系数与1有显著差异,而雄穗长的回归系数与1无显著差异(表1)。在(Wr+Vr)、(Wr-Vr)方差分析中,雄穗三个性状的亲本系列间皆存在极显著的差异(表2),表明加性、显性、上位性效应皆存在。

表1 雄穗性状Wr/Vr回归分析

	雄穗分枝数				雄 穗 长				雄 穗 重			
	8×8 双列	7×7 双列	6×6 双列	8×8 双列	7×7 双列	6×6 双列	8×8 双列	7×7 双列	6×6 双列	8×8 双列	7×7 双列	6×6 双列
b	0.2295	0.4467	0.9773	0.5914	0.8652	1.1077	0.4529	0.6244	0.8080			
t(Ho:b=0)	0.81	2.14	5.86**	2.82*	5.53**	7.12**	2.52*	3.30*	3.96**			
t(Ho:b=1)	2.72*	2.66*	0.14	1.95	0.86	0.69	3.04*	1.99	0.94			
a	6.29	6.94	1.61	-0.85	-3.57	-12.36	-1.07	-1.04	-1.23			

将最偏离b=1线性回归的亲本系列从8×8双列中依次去掉,然后进行分析,以追溯上位性发生的来源。在雄穗三个性状中,亲本3皆最偏离于回归直线,将其去掉后雄穗分枝数、雄穗长、雄穗重的Wr依Vr的回归系数皆增大,分别为0.4467、0.8652、0.6244。从t测验中可见,雄穗分枝数b=1的线性回归不成立,而雄穗长和雄穗重则成

立。对(Wr+Vr)作方差分析,三个性状的亲本系列间皆存在极显著的差异,表明加性效应和显性效应普遍存在。在(Wr-Vr)方差分析中,雄穗分枝数的亲本系列间存在极显著的差异,雄穗长和雄穗重的亲本系列间存在显著差异,这表明在7×7亚双列中除了加性效应和显性效应外,上位性效应仍然存在。

表 2 雄穗性状($Wr+Vr$)、($Wr-Vr$)方差分析

变 因	df	Ms		
		雄穗分枝数	雄 穗 长	雄 穗 重
系列间	8×8 双列	7	270.4969**	227.3917**
	7×7 双列	6	410.2593**	307.1834**
	6×6 双列	5	369.3253*	519.4490**
($Wr+Vr$)				
误 差	8×8 双列	16	28.7991	15.0459
	7×7 双列	14	56.3492	17.9024
	6×6 双列	12	62.4278	25.0053
系列间	8×8 双列	7	148.3868**	35.3405**
	7×7 双列	6	96.3268**	11.8422*
	6×6 双列	5	14.6634	14.5482
($Wr-Vr$)				
误 差	8×8 双列	16	15.3868	5.1012
	7×7 双列	14	14.5990	4.1402
	6×6 双列	12	10.5697	7.8156

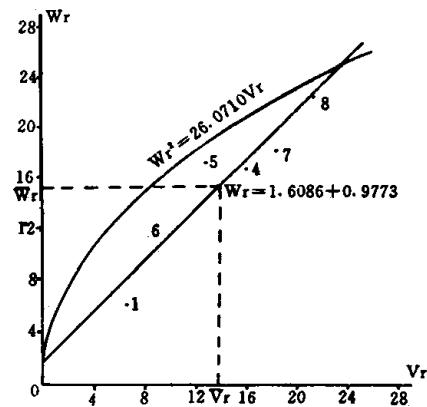
在 7×7 亚双列中, 亲本 2、5、1 分别偏离于雄穗分枝数、雄穗长、雄穗重 $b=1$ 的回归直线, 将其系列分别去掉后回归系数为 0.9773、1.1077、0.8080。经 t 测验发现, 它们与 0 有极显著差异, 而与 1 差异不显著, 符合加性——显性模型。在 ($Wr+Vr$) 方差分析中, 亲本系列间存在显著或极显著差异, 表明存在加性和显性效应。而在 ($Wr-Vr$) 方差分析中, 亲本系列间无显著差异, 表明上位性效应不存在。这说明, 在 6×6 亚双列中, 雄穗三个性状的遗传效应中只有加性和显性效应, 在 8×8 双列中存在的上位性是由少数亲本引起的。

2.2 Wr/Vr 图

经过回归和方差分析, 去掉上位性亲本后在 6×6 亚双列中雄穗三个性状的遗传皆符合加性——显性模型, 在此基础上进行 Wr/Vr 图解分析。

从图 1~图 3 可见, 雄穗分枝数的回归直线在原点上方切割 Wr 轴, 截距 ($a = 1.61$) 大于 0, 系部分显性。在雄穗长和雄穗重中, 回归直线在原点下方切割 Wr 轴; 截距分别为 -12.36 与 -1.23, 皆小于 0, 系超显性。在显隐性基因的分布上, 对于雄穗分枝数, 亲本 1 (kei9103) 在图中的位置最近于原点, 具有

的显性基因最多, 其次是亲本 6 (ki32); 亲本 8 (ki21) 离原点最远, 具有的隐性基因最多。对于雄穗长, 亲本 8 最接近原点, 显性基因最多, 其次是亲本 2 (KS 23-1-4); 亲本 1 在回归直线的最上方, 是隐性基因最多的亲本。对于雄穗重, 亲本 2 位于回归直线的最下端, 显性基因最多; 亲本 8 位于回归直线的最上方, 隐性基因最多。

图 1 雄穗分枝数 Wr/Vr

2.3 遗传分量

从表 3 中可见, 加性分量 (D) 和三个显性分量 (H_1, H_2, h^2) 皆极显著, 表明雄穗三个性状的遗传中具有加性和显性效应。雄穗分枝数、雄穗长、雄穗重的平均显性度 $\sqrt{H_1/D}$ 分别为 0.88、1.78、1.85, 前者属于不完全显

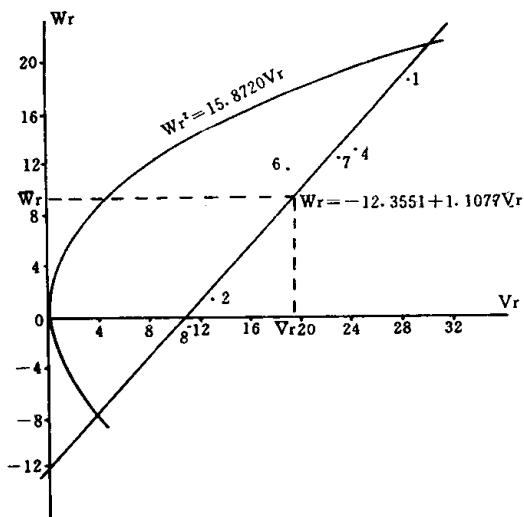


图 2 雄穗长 Wr/Vr

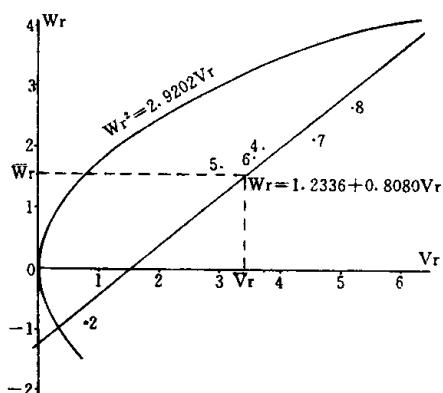


图 3 雄穗重 Wr/Vr

性,后两者属于超显性,这与 Wr/Vr 图解的结果一致。 $H_1/4H_1$ 分别为 0.18、0.23、0.23,皆小于最大值 0.25,表明在三个性状所涉及的亲本中,显性基因与隐性基因分布不均。 K_D/K_R 分别为 0.70、0.84、0.94,皆小于 1,表明隐性基因多于显性基因,负值 F 也说明这一点。亲本平均数(Y)与显性水平(Wr+Vr)皆为负相关,r 分别为 -0.6800、-0.9396、-0.9299,表明多分枝对少分枝、长雄穗对短雄穗、重雄穗对轻雄穗是显性。 h^2/H_2 分别为 18.41、20.81、22.43,表明控制三性状的基因

数至少分别是 18、20、22 对。

表 3 雄穗性状遗传分量估值

分量	雄穗分枝数	雄穗长	雄穗重
D	30.23**	18.51**	2.99**
H_1	23.63**	59.00**	10.28**
H_2	17.37**	55.17**	9.85**
F	-9.26*	-5.59**	-0.31
h^2	319.95**	1148.08**	220.92**
$\sqrt{H_1/D}$	0.88	1.78	1.85
$H_2/4H_1$	0.18	0.23	0.23
K_D/K_R	0.70	0.84	0.94
h^2/H_2	18.41	20.81	22.43
$r(Y, Wr+Vr)$	-0.6800*	-0.9396**	-0.9299**

3 讨论

对于玉米雄穗性状的遗传,研究报道甚少。Mock 等分析了一个组合的 p_1, p_2, F_1, F_2, F_3 等世代,发现雄穗分枝数属数量性状,多分枝是显性,基因效应中以加性为主^[12]。Palacios 等研究了玉米与多年生玉米的 p_1, p_2, F_1, F_2 也认为,雄穗分枝数系数量性状,多分枝是显性^[13]。本分析 8×8 双列中,雄穗分枝数的遗传效应除加性、显性外,还有上位性效应,但去掉偏离回归直线的亲本 2 和 3 后,该性状的遗传符合加性—显性模型。这说明在少数核背景中分枝数的遗传涉及上位性,Jana 对大麦的分析亦发现类似情形^[14]。分析还发现,多分枝对少分枝是不完全显性。这与 Mock 及 Palacios 的结果基本一致。

本分析还表明,在 8×8 双列中雄穗长和雄穗重的遗传皆涉及上位性,但去掉偏离回归直线的亲本后,在 6×6 亚双列中两性状的遗传皆符合加性—显性模型。但迄今除雄穗长、雄穗重与雄穗分枝数有相关的报道外^[4,12],尚无其它的报道,需作进一步的研究。

参考文献

- [1] Chinnubba, P. V., et al., 1961, Crop Sci., 1: 279-280.
- [2] Duncan, W. G., et al., 1967, Crop Sci., 7: 37-39.

- (3) Duvick, D. N., 1958, *Agron. J.*, 50, 121-156.
- (4) Gerald, I. O., 1985, *Maydica* 30, 1-14.
- (5) Grogan, C. O., 1956, *Agron. J.*, 48, 247-249.
- (6) Hayman, B. L., 1954, *Genetics* 39, 789-809.
- (7) Jana, S., 1975, *Heredity* 35(1), 1-19.
- (8) Leonard, W. H., et al., 1932, *Agron. J.*, 24, 514-516.
- (9) Hunter, R. B., et al., 1967, *Crop Sci.*, 9, 405-406.
- (10) Mather, K., et al., 1971, *Biometrical Genetics* Chapman and Hall, London.
- (11) Meghji, M. R., et al., 1984, *Crop Sci.*, 24, 545-549.
- (12) Mock, J. J., et al., 1974, *Crop Sci.*, 14, 885-888.
- (13) Palacios, I. G., et al., 1985, *Maige Abst.*, (1), 7.
- (14) Sanford, J. O., et al., 1965, *Agron. J.*, 57, 580-583.