

20个二价体和一个单价的长臂或短臂染色体组成的。这两种构型与理论上的结果相符合。母本是中国春单体，它产生染色体为20和21条的两种配子，父本是中国春双端体，它只产生一种配子，因此F₁代只能产生两种染色体类型，即单端体和异型二价体。只有单端体类型能够证明所测单体是正确的，而异型二价体类型是不能说明任何问题的。在中国春单体系统的测交后代中未发现单价体变迁的类型，证明所测

的该代中国春单体株未发生单价体变迁。

主要参考文献

- [1] 童一中等: 1983. 小麦细胞遗传学, 农业出版社, 80—138。
 [2] Sears, E. R., and Lotti M. S. Sears: 1978. *Proc. 5th Int. Wheat Genet. Symp.*, New Delhi, pp. 384—407.
 [3] Unrau, J., C. Person., and J. Kuspira.: 1956. *Can. J. Bot.*, 629—640.

冬小麦数量性状的遗传模式¹⁾

毛盛贤 冯新芹
 (北京师范大学生物系)

对被改良性状的遗传基础的了解，是开展有效育种的基本条件。本文试图对小麦一些重要性状进行遗传模式分析，估算其遗传分量和这些分量在育种中的应用。

材料与方 法

(一) 试验设计

试验于1984—1985年在本校生物试验站进行。用7个冬小麦品种(系)——(11)12-6, (2)北京16, (3)CA8059, (4)丰抗8, (5)京旺1, (6)93红和(7)京作348——做半双列杂交(亲本+正交F₁)。随机区组设计, 3次重复。单行区, 行长1.5米, 行距30厘米, 株距10厘米。抽穗前每小区随机挂牌7株, 观测抽穗期、株高、主穗长、主穗粒数、株穗数、百粒重和株粒重共7个性状。

(二) 统计分析

依Mather和Jinks以及Hayman检验加性-显性效应遗传模型和估算遗传分量^[2,4], 但由他们的完全双列杂交应用到这里的半双列杂交时, 以下统计数的期望模型须作如下变动:

统计数	期 望 模 型
V_p	$D + \frac{1}{b} E_p$
\bar{W}_r	$\frac{1}{2} D - \frac{1}{4} F + \frac{1}{Pb} E_p$
\bar{V}_r	$\frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} F + \frac{1}{Pb} [E_p + (P-1)E_F]$
$V\bar{r}$	$\frac{1}{4} D + \frac{1}{4} H_1 - \frac{1}{4} H_2 - \frac{1}{4} F + \frac{1}{P^2b} [E_p + (P-1)E_F]$

其中 V_p = 亲本平均数方差; \bar{W}_r = 平均阵列协方差; \bar{V}_r = 平均阵列方差; $V\bar{r}$ = 阵列平均数方差; E_p 和 E_F 分别为亲本间和F₁间环境方差(以小区平均为单位); P 和 b 分别为亲本数和重复数; $D = \sum 4uvd^2$, $F = \sum 8uv(u-v)dh$, $H_1 = \sum 4uvh^2$, $H_2 = \sum 16u^2v^2h^2$ (u 和 v 以及 d 和 h 分别为有关位点增效和减效等位基因频率以及加性和显性效应值)。

Mao Shengxian et al.: Genetic Models of Quantitative Characters in Winter Wheat

1) 中国科学院科学基金资助课题; 统计分析部分作者与刘来福副教授进行过有益讨论, 谨此致谢。
 本文于1986年6月6日收到。

结果和讨论

(一) 处理间变异的分解

性状的一般方差分析表明,除株粒重外,6 1)。

个性状的处理(亲本+F₁)间变异相对于各自的机误变异来说都达极显著水平。因此,可对这6个性状的处理间变异作进一步分析(表

表1 处理间方差分析

变异来源	自由度	方 差						
		抽穗期	株 高	主穗长	主穗粒数	每株穗数	百粒重	株粒重
亲本间	6	10.7920**	124.1628**	4.1364**	68.1810**	2.3498*	0.3127**	4.2371
F ₁ 间	21	3.5002**	110.0205**	1.5253*	31.2645*	3.2681**	0.3219**	9.7686
机误	54	0.9929	14.6248	17.1085	17.1085	1.1939	0.0986	5.6000

表2 阵列遗传方差V、协方差W以及W对V的回归常数a和回归系数b

性 状		抽穗期	株 高	主穗长	主穗粒数	每株穗数	百粒重
1	V	1.12	51.43	0.43	3.84	0.32	0.04
	W	1.64	43.44	0.68	4.14	0.57	0.05
2	V	0.53	9.85	0.48	6.33	0.62	0.12
	W	1.14	10.80	0.77	8.46	0.38	0.08
3	V	0.56	34.93	0.40	8.84	0.91	0.05
	W	1.50	34.68	0.68	4.80	0.66	0.04
4	V	0.78	18.97	0.15	0.88	-0.06	0.08
	W	1.62	21.88	0.44	3.91	0.35	0.00
5	V	0.39	12.06	0.25	12.88	-0.11	-0.00
	W	1.23	5.92	0.56	16.36	-0.06	-0.01
6	V	0.35	11.31	0.25	0.12	0.61	0.07
	W	1.30	14.34	0.56	5.36	0.54	0.07
7	V	0.88	22.28	0.48	-1.07	0.48	0.06
	W	1.07	29.10	0.76	1.73	0.58	0.02
a		1.01**	3.65	0.31**	2.90*	0.23	-1.6**
b'		0.68	0.84	0.92	0.78	0.50*	0.61

表1表明,对于前6个性状,亲本间存在加性变异, F₁各家系间的差异,除加性变异外,还存在非加性变异

(二) 各性状的遗传模型

表2列出了各性状的阵列遗传方差V和阵列遗传协方差W,求得W对V的遗传回归常数a和回归系数b'也列入表2最后两行。

对各性状的回归系数b'的显著性检验表明,除株穗数外,其它的都与期望值1.0的差异不显著。所以,除株穗数,其余5个性状的遗传都符合加性-显性效应模型,即这5个性状的非

加性变异归于等位基因间互作(显性)^[1]。由于株穗数的遗传明显偏离加性-显性效应模型,以后不再用该模型对它继续分析。

从对5个性状的遗传回归常数与零差异的显著性检验^[2]从表2得知,除百粒重为超显性和株高为完全显性外,其余的均为部分显性。

为研究亲本中显、隐性基因的分布,将各性状最大阵列遗传协方差所在阵列A_L和最小阵列协方差所在阵列A_S以及对应阵列的公共亲本平均值列入表3。

最大遗传协方差所在阵列的公共亲本含有

表3 具最大和最小遗传协方差的阵列号和相应阵列的公共亲本平均数(括号内)

性状 阵列	抽穗期	株高	主穗长	主穗粒数	百粒重
A_L	1(12.3)	1(66.1)	2(6.5)	5(45)	2(3.0)
A_S	7(7.1)	5(79.0)	4(9.0)	7(54)	4(3.7)

最多的隐性基因, 最小遗传协方差所在阵列的公共亲本含有最少的隐性基因^[1]。所以, 根据表3, 对抽穗期来说, 亲本7含的显性基因最多, 亲本1含的显性基因最少, 其它亲本介于这

二者之间。而亲本7的平均数小于亲本1的, 因此抽穗期早是由显性基因控制的, 且为部分显性(根据前面的遗传回归常数)。对其它性状可作类似分析, 相应的结论是: 对于株高, 亲本5含的显性基因最多, 使株高增加是由显性基因控制的, 且为完全显性; 对于主穗长和主穗粒数, 分别为亲本4和7的显性基因最多, 使主穗伸长和粒数增多由显性基因控制, 都为部分显性; 百粒重, 亲本4显性基因最多, 显性基因使粒重增加, 表现为超显性。

(三) 遗传分量 见表4。

表4 遗传分量及其标准误

性状 分量	抽穗期	株高	主穗长	主穗粒数	百粒重
D	$3.08^{**} \pm 0.12$	$36.63^{**} \pm 3.98$	$1.31^{**} \pm 0.02$	$17.24^{**} \pm 2.26$	$0.08^{**} \pm 0.02$
F	0.32 ± 0.30	-18.26 ± 9.91	$0.08^* \pm 0.04$	8.90 ± 5.42	0.02 ± 0.05
H_1	-0.11 ± 0.30	$37.01^{**} \pm 9.60$	$0.17^{**} \pm 0.04$	$9.85^* \pm 5.44$	$0.18^{**} \pm 0.05$
H_2	-0.17 ± 0.26	$31.81^{**} \pm 8.45$	0.20 ± 0.03	7.46 ± 4.80	$0.14^{**} \pm 0.04$
$\sqrt{\frac{H_1}{D}}$	0.19	1.00	0.36	0.76	1.50
$\frac{H_2}{4H_1}$	0.37	0.22	0.29	0.20	0.20

由表4可得如下信息^[3]: (1) 根据 D 和 H_1 的大小和显著水平, 以上多数性状的遗传变异主要是加性效应; 平均显性度除百粒重为超显性和株高为完全显性外, 其余都为程度不同的部分显性, 与上面的阵列遗传方差和阵列遗传协方差的分析一致。(2) $H_2/4H_1 = \overline{uv}$ 的值是量度亲本内有关位点的增效等位基因(u)和减效等位基因(v)的平均分布情况。若亲本中的 u 和 v 相等, 则 \overline{uv} 的期望值为0.25。因此, 平均说来, 除抽穗期外, 其它4个性状的增效和减效等位基因在亲本内的分布大致相等。(3) F 值的大小反映亲本内显性和隐性等位基因分布的情况。 $F > 0$, 显性基因占优势; $F < 0$, 隐性基因占优势; $F = 0$, 二者分布均等。各性状估得的 F 值, 与各自的标准误相比, 除主穗长显著外, 其余均不显著, 所以其余4个性状的显、隐性等位基因频率在亲本中也大致相等。

(四) 遗传分析结果对育种实践的应用

本研究材料中, 对百粒重来说, 遗传变异主要是显性部分提供的, 为超显性, 所以不能企图通过自交重组选出优于 F_1 的纯系, 但由于显、隐性基因在亲本中分布大致相等, 有可能选出优于高亲的纯系。对于主穗粒数, 由于使它增多的基因为部分显性, 又显、隐性等位基因在亲本中分布大致相等, 在杂交育种过程中通过后代的自交重组有可能选出粒数高于高亲的品系。对那些双亲的主穗粒数都较高而 F_1 介于双亲间的组合, 可能更易得到高于高亲的品系, 在育种中应重点观测。对于株高可作与上类似的讨论, 当然若要选出低于低亲的品系, 只是选择方向相反罢了。对于主穗长, 由于亲本中使穗长增加的显性基因占优势, 后代中应较容易选出主穗长于高亲的品系。对于抽穗期, 由于显性分量极低, 加性分量占绝大部分, 又由于抽穗早为显性, 所以在较早期世代就可选出抽穗早于

(下转第3页)

表 2 长江下游大豆地方品种五个性状表型及遗传型协差阵

性 状	产量 x_1	百粒重 x_2	株高 x_3	每荚粒数 x_4	开花日数 x_5
x_1	$\frac{3636.9982}{2785.2130}$	150.015	609.2588	-1.0148	230.5198
x_2	147.242	$\frac{41.4309}{40.2540}$	39.1046	-0.8162	31.4363
x_3	591.3745	39.1244	$\frac{537.0999}{513.0414}$	-0.7862	132.0527
x_4	-2.2229	-0.8296	-0.8664	$\frac{0.04814}{0.03442}$	-0.9748
x_5	226.2379	31.1299	132.1282	-0.9634	$\frac{71.0759}{70.1349}$

计算得

$$Det(\hat{D}_g) = 10680740.4$$

$$Det(\hat{D}_p) = 36265947.4$$

$$\widehat{MH}x_1x_2x_3x_4x_5 = 29.5\% < \Lambda_{0.01}(5, 184, 1) = 0.9139$$

结果表明,两年资料存在极显著差异。

上例中,尽管其 5 个性状自身遗传力很高,个别性状如百粒重高达 97%,但它们的多元遗传力却较低。这无论从数学上还是从生物角度都不难解释。

实际上,

$$\begin{aligned} MH &= \frac{det(D_g)}{det(D)} \times 100\% \\ &= h_1^2 h_2^2 \cdots h_k^2 \frac{det(R_g)}{det(R_p)} \\ &\quad \times 100\%, \end{aligned}$$

其中, $h_i^2 (i = 1, 2, \dots, K)$ 表示性状 x_i 的广义遗传力; R_g 、 R_p 分别表示遗传相关阵和表型相关阵^[2]。注意到 R_g 、 R_p 相当于单位标准化数据估出的遗传协差阵和表型协差阵,且环境协差阵非负定,故: $det(R_g)/det(R_p) < 1$,从而,

(上接第 8 页)

早亲的品系。关于株穗数,由于存在上位效应(表 2),不能根据由加性-显性效应模型估出的有关分量来确定育种程序和预测选择效果。

参 考 文 献

[1] 马瑟, K., 金克斯, J. L. (冯午、庄巧生、莫惠栋

$$MH < h_1^2 h_2^2 \cdots h_k^2 < \min(h_1^2, h_2^2, \dots, h_k^2).$$

另一方面,多元遗传力是一个综合指标。它描述了由诸性状组成的“集团”遗传的能力。这个“集团”中某个“成员”发生了变异,不管其它“成员”变异与否,该“集团”亦发生了变异。因此,“集团”遗传的能力总比各“成员”遗传能力小。育种进程中,人们势必要寻找一些合乎人类需要的可遗传的优良变异。这样,纵观多个指标的表型及其内在联系,一定是有益的。

参 考 文 献

[1] 盖钧镒等: 1984. 南京农学院学报, 84 (3): 1—14.
 [2] 马育华: 1982. 植物育种的数量遗传学基础, 江苏科技出版社。
 [3] 张尧庭、方开泰: 1982. 多元统计分析引论, 科学出版社。
 [4] 刘垂珩、刘来福: 1985. 遗传, 7(4): 12—14。
 [5] 刘来福等: 1984. 作物数量遗传, 农业出版社。
 [6] Anderson, T. W.: 1958. *An Introduction to Multivariate Statistical Analysis*, John Wiley & Sons. Inc., New York.
 [7] Seal, H.: 1965. *Multivariate Statistical Analysis for Biologists*, Methuen London.

译): 1981. 生统遗传学导论, 农业出版社。

[2] Hayman, B. L.: 1954. *Biometrics*, 10 (2): 235—344.
 [3] Jinks, J. L. et al.: 1953. *Maize Co-operation Newsletters*. 27:48—54.
 [4] Mather, K. and J. L. Jinks: 1982. *Biometrical Genetics*, Chapman and Hall, London, New York.
 [5] Mather, K.: 1973. *Statistical Analysis in Biology*, Chapman and Hall.