

超甜玉米花期性状的遗传分析

曾慕衡, 乐素菊, 王晓明 (仲恺农业技术学院生命科学院, 广东广州 510225)

摘要 [目的] 为选育高产、适应性强的超甜玉米新品种提供理论依据。[方法] 对6个超甜玉米自交系P1~P6进行完全双列杂交, 组配了15个杂交组合, 并对花期性状进行了配合力及方差(W)与协方差(V)相关性分析与估算。[结果] 6个超甜玉米自交系雄花期性状的GCA效应大小顺序为P2 < P3 < P5 < P1 < P4 < P6, 则亲本P2花期的GCA效应值的负向优势最强, P3、P5次之。SCA效应值中P4 × P6组合的负向优势最强, P3 × P5和P1 × P5次之。在一般配合力与特殊配合力的测定中, P1 × P5, P3 × P5, P2 × P3等几个组合较优。6个亲本具有的显性基因由多至少排列顺序为: P1 > P6 > P4 > P2 > P3 > P5。[结论] 亲本P2和P3是早熟亲本的理想选择。

关键词 超甜玉米; 雄花期; 配合力; 遗传力

中图分类号 S513 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2008)25-10812-03

Inheritance Analysis of Florescence Characteristics of Super Sweet Corn

ZENG Mu-heng et al (College of Life Science, Zhongkai University of Agriculture and Technology, Guangzhou, Guangdong 510225)

Abstract [Objective] The aim was to provide the theoretical basis for selecting new varieties of super sweet corn with high yield and strong adaptability. [Method] The complete diallel cross was made among 6 inbred lines of super sweet corn, and 15 cross combinations were made. The combining ability and correlations between variance (W) and covariance (V) of florescence characteristics were analyzed and estimated. [Result] The GCA effect of male florescence characteristics in 6 inbred lines of super sweet corn in order was P2 < P3 < P5 < P1 < P4 < P6. The GCA effect value of florescence characteristics in parent plant P2 had the strongest negative heterosis, and the following was that in P3 and P5. The negative heterosis of combination P4 × P6 was the biggest in SCA effect value, and the following was that of P3 × P5 and P1 × P5. The combinations of P1 × P5, P3 × P5 and P2 × P3 were better in the detection of their GCA and SCA. The dominant genes of the 6 parent plants from more to less was P1 > P6 > P4 > P2 > P3 > P5. [Conclusion] The ideal choice of parent plant for early maturity was P2 and P3.

Key words Super sweet corn; Male florescence; Combination ability; Heritability

超甜玉米是由双隐性基因sh₂控制的遗传性状, 缺乏水溶性多糖(WSP)的糯性。但含糖量高, 一般乳熟期含糖量在20%~25%, 有适宜采收期长, 口感甜脆等优点^[1-2]。近几年, 广东省在超甜玉米选育种方面进展迅速, 通过省品种审定委员会审定的超甜玉米新品种达到9个^[3-5]; 生产规模不断扩大, 从20世纪90年代初的种植面积不超过0.1万hm², 至目前已达5.6万hm²。虽然广东省的超甜玉米的发展潜力大, 但存在一些不足, 主要是基础研究滞后, 种质资源贫乏等。为提高超甜玉米的育种水平, 应进一步加强超甜玉米的基础研究。

超甜玉米的开花时期是成熟性、适应性和产量等性状的重要指标, 亲本不同、杂交组合不同, 其杂交种的杂交优势与配合力存在明显差异。深入研究超甜玉米开花期性状的遗传性对杂交组合的早期鉴定和亲本选配具有重要意义。目前国内对玉米花期性状的研究报道较少, 对于超甜玉米在此方面的研究甚少。笔者采用Giffing、Hayman分析方法, 对超甜玉米花期性状的一般配合力、特殊配合力和遗传力进行了分析, 探讨各亲本间的遗传特性和规律, 为选育高产、适应性强的超甜玉米新品种提供理论依据。

1 材料与试验

1.1 田间试验 试验选用6个超甜玉米自交品系, 亲本1132X为P1; T5-1为P2; ZG-1X为P3; 43-1X为P4; 24X为P5; 25-1X为P6。采用B. Giffing的方法^[6], 组配成的15个部分双列杂交组合, 见表1。15个组合随机区组排列, 2次重复, 每小区随机取样10株。

1.2 方法

(1) 配合力与遗传力测定^[7-8]。运用Giffing双列杂交第

4种试验方法, 对组合花期性状进行配合力估算。一般配合力效应:

$$g_i = \frac{1}{P(P-2)}(PX_{i..} - 2X_{i..});$$

特殊配合力效应:

$$S_{ij} = X_{ij} - \frac{1}{P-2}(X_{i..} - X_{.j}) + \frac{2}{(P-1)(P-2)}X_{...};$$

遗传力效应:

$$\text{广义遗传力 } h_B^2 = \frac{2 \frac{g^2}{P} + \frac{s^2}{P}}{2} = \frac{G}{2};$$

$$\text{狭义遗传力 } h_n^2 = \frac{2 \frac{g^2}{P}}{2} = \frac{d}{2}。$$

(2) 方差与协方差分析^[9]。

$$\text{回归系数 } b = \frac{C_{or}(W, V)}{V(W)};$$

$$\text{显性座位数目的估算: } K = \frac{h^2}{H_2}。$$

表1 配置的部分双列杂交组合

Table 1 The allocation of some diallel crosses

亲本 Female parent	亲本 Male parent				
	P2	P3	P4	P5	P6
P1	P1 × P2	P1 × P3	P1 × P4	P1 × P5	P1 × P6
P2		P2 × P3	P2 × P4	P2 × P5	P2 × P6
P3			P3 × P4	P3 × P5	P3 × P6
P4				P4 × P5	P4 × P6
P5					P5 × P6

2 结果与分析

2.1 雄花期性状配合力效应及分析 将15个双列杂交组合的花期按每株植株的花期观察数值为基本统计单位进行方差分析。结果表明, 各遗传型间(组合)的花期性状存在极显著差异($F_{雄花期} = 11.85^{**}$)(表2), 因此需作进一步的配合力分析。

基金项目 国家星火计划资助项目(2001EA780054); 粤财农综[2006(31)]。

作者简介 曾慕衡(1957-), 男, 广东梅县人, 硕士, 副教授, 从事作物遗传育种研究。

收稿日期 2008-06-10

GCA 是亲本自交系与其他多个自交系杂交后遗传给后代性状的平均表现,它主要是由基因的加性效应所决定,是能够稳定遗传和固定的部分^[9]。SCA 是指根据于一般配合力所预测的平均表现的离差,指特定杂交组合的表现较之平均数的优劣结果,它表示基因显性、上位性、互作效应及基因与周围环境因素的互作效应的综合结果。GCA 效应大小顺序为 P2 < P3 < P5 < P1 < P4 < P6, 则亲本 P2 花期的 GCA 效应值有最强的负向优势, P3、P5 次之。而 SCA 效应值中 P4 × P6 组合配合负向优势最优, P3 × P5、P1 × P5 次之, P2 × P4、P2 × P3、P1 × P2 较优(表3)。

表2 超甜玉米组合花期方差分析(以植株为计算单位)

Table 2 Variance analysis of florescence in super sweet corn combinations (with plant as the calculation unit)

变异来源 Sources of variation	自由度 df Degree of freedom	平方和 S ² Square sum	方差 MS Variance	F 值 F value
组合 Combinations	14	56.33	56.33	11.85 * *
区组 Block	1	946.37	67.60	14.22
组合 × 重复 Combination × repeat	14	651.57	46.54	9.79
机误 Error	270	1 283.40	4.75	
总和 Sum	299	2 937.67		

表3 亲本间一般配合力与特殊配合力效应

Table 3 General combining ability and special combining ability among parents

配合力效应 Combining ability effect	亲本 Parents					
	P1	P2	P3	P4	P5	P6
一般配合力 General comb- ining ability	0.096	-1.304	-0.917	0.971	-0.217	1.371
特殊配合力 Specific comb- ining ability	P1	-0.475	1.688	0	-1.413	0.200
	P2		-0.813	-0.9	0.388	1.800
	P3			0.112 5	-1.500	0.513
	P4				2.913	-2.125
	P5					-0.388
方差 Variance	s ² 1.099	1.093	1.330	3.277	3.079	1.874

从亲本的 GCA 和 SCA 效应值可看出,综合表现较优的亲本为 P2、P3,其一般配合力效应负向值高,配合出的较优组合数目较多。因此,在亲本选配时,选择 GCA 和 SCA 较优的亲本,选配出的优势组合的可能性大。试验结果显示亲本 P2、P3 作为早熟亲本比较理想。进一步比较各亲本在其各组合中性状传递能力的整齐度,对每一个亲本的 SCA 进行分析。亲本 P2、P1、P3 能够较整齐地将早熟性状传递给其所有组合的 F₁ 后代,而 P5、P4 的整齐性最差。虽然亲本 P1 比 P3 的性状传递能力的整齐度高一些,但从总的表现来看亲本 P3 比 P1 较优。因而亲本 P2、P3 是早熟亲本的理想选择。

2.2 花期性状遗传效应组成与分析

2.2.1 遗传方差(V_r)与遗传协方差(W)的估算。对6个亲本进行阵列方差(V_r)与阵列协方差(W)分析(表4)。结果表明,Vi - Wi 值之间的差异较大,即 Vi - Wi 呈现多样性。进一步对 W 和 Vr 间进行相关和回归分析,相关系数 r = 0.76*, 回归方程为 W = 0.405 Vr - 1.93, 经 t 测验,回归系数

b 与 1 未达到显著水平,与 0 达到显著水平(3.46*), 说明超甜玉米花期性状的遗传符合“加性-显性”模型。由图1可见, Vr 与 W 的相关回归直线在原点下方与 W 轴相交,即显性基因效应 h 小于加性基因效应 d, 则表现为超显性。从各亲本的相对位置可以表明亲本带有显性基因和隐性基因的分布。具有最多显性基因的亲本有最低的 Wi 和 Vi 值(离原点最近), 具有最多隐性基因的亲本有最高的 Wi 和 Vi 值(离原点最远)。6个亲本具有的显性基因由多至少排列顺序为: P1 > P6 > P4 > P2 > P3 > P5, 则 P6、P1 具有较多的显性基因,但由于它们距离原点仍有距离,所以 P6 与 P1 都不具有全部的显性基因。P2、P3、P5 距离原点较远,说明它们具有较多的隐性基因,其中 P5 距原点最远,也就是它具有最多的隐性基因。

表4 超甜玉米花期 Vr 与 W 的估算

Table 4 The estimate of Vr and W in florescence of super sweet corn

亲本 Parents	Wi	Vi	Vi - Wi	Wi + Vi	Y
P1	3.405	-0.556	-3.961	2.849	20.65
P2	5.060	0.444	-4.616	5.504	20.45
P3	5.192	-0.865	-6.057	4.327	20.50
P4	4.024	1.350	-2.675	5.374	21.30
P5	10.971	3.390	-7.581	14.361	23.50
P6	3.261	0.797	-2.465	4.058	22.90

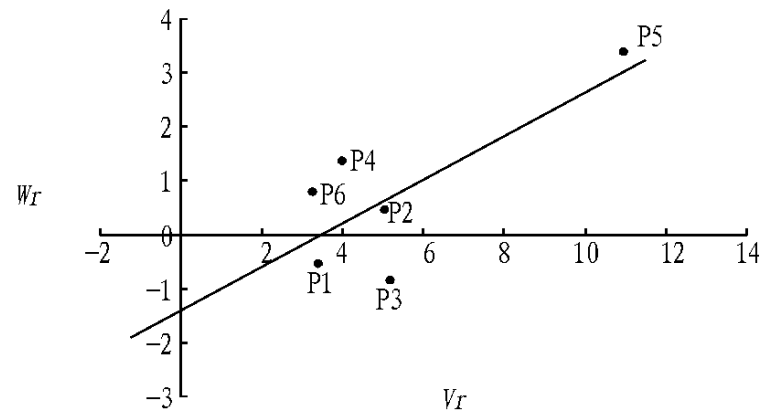


图1 Vr 与 W 直线回归

Fig.1 The linear regression of Vr and W

2.2.2 花期方差分量的估算。对加性效应(D)、显性效应(H₁和H₂)、平均显性度[(H₁/D)^{1/2}]、基因频率分布(H₂/4H₁)及狭义遗传力等进行估算: D、H₁、H₂、F、E、h_N²、D - H₁、(H₁/D)^{1/2}、H₂/4H₁、K 的花期性状的遗传参数分别为 6.161 ± 1.510、11.485 ± 3.850、13.776 ± 3.400、-4.859 ± 3.700、2.378 ± 0.570、41.291 ± 2.310、-12.101、1.365、0.299、3.000。结果表明, D 和 H₁、H₂ 均达显著水平,说明超甜玉米花期性状的遗传方差由加性效应和显性效应共同组成; D - H₁(-12.101) 为负值,也说明显性效应比加性效应更为重要,即显性基因起主要作用,而且存在超显性现象。花期性状的平均显性度为 1.365, 大于 1, 在各种显性关系中表现为超显性。正效和负效基因频率分布为 0.299, 大于 0.25 (正、负效基因频率分布对称, 则值为 0.25), 说明 6 个亲本开花期在显性座位上的正负效基因分布是不相等的。上位效应 F 值(-4.859) 为负效应, 而环境方差 E 显著, 说明环境对开花期性状影响较大, 因此, 选择自交系时, 注重早代选择和晚代鉴定。估算控制花期性状的等位基因数目 K = 3.000, 说明控制花期性状的基因至少有 3 对以上。

2.3 花期性状的遗传力 遗传力所反映的是亲代的性状遗传给子代的一种能力。遗传力高的性状,子代重现亲代性状的可能性就大,选择愈易有效,反之则较难。遗传力较高的性状早代选择较大的可靠性较大,遗传力较低的性状早代选择效果较小。对超甜玉米花期性状进行了广义遗传力和狭义遗传力的估算,广义遗传力为65.37%,狭义遗传力为44.02%,结果表明,超甜玉米花期性状既有显性基因效应,又有加性基因效应,其遗传力较高,因此,该性状属于多基因型控制,在早代选择的可靠性较大,育出优良自交系的机会也就大些。

3 讨论

(1) 超甜玉米的开花时期是成熟性和适应性的重要指标,亲本不同、杂交组合不同,其杂交种的杂交优势与配合力存在明显差异。深入研究超甜玉米开花期性状的遗传性对杂交组合的早期鉴定和亲本选配具有重要意义。

(2) 对超甜玉米花期的配合力及遗传特性进行分析,结果表明,一般配合力和特殊配合力效应值较高的亲本,组配出的优势组合较多;多数优势组合中均有1个或2个是高配合力效应值亲本,并且特殊配合力较好的杂交组合在其组合的杂交优势上一般都有较好的表现。在遗传力的分析中可看出,超甜玉米雄花期性状的广义遗传力较高而狭义遗传力

较低,因此,我们要在晚代对它进行选择,这样的可靠性才较大,育出优良新品种的机会也就较大。在V_r与W的相关回归直线分析中可清楚地看到显性基因效应大于加性基因效应和各亲本具有显性基因的多少,6个亲本具有的显性基因由多至少排列顺序为P₁ > P₆ > P₄ > P₂ > P₃ > P₅。V_r与W的进一步分析表明,超甜玉米雄花期性状的遗传效应由加性和显性成分所组成,而显性成分在雄花期性状的遗传中要重要得多。

参考文献

- [1] 何代元,吴光成,温友斌.甜玉米生产现状及发展对策[J].陕西农业科学,2001(1):1.
- [2] 禹玉华,王子明,李小云,等.广东省超甜玉米的育种目标与方法[J].广东农业科学,2001(5):16-18.
- [3] 李贵明.甜玉米生产现状及其主要栽培技术[J].广东农业科学,1993(3):23-24.
- [4] 禹玉华,梁承邺,段俊,等.超甜玉米新品种灰色关联综合评价初探[J].热带亚热带植物学报,2001,9(1):75-80.
- [5] 王晓明,王子明,张壁.广东超甜玉米生产及新品种选育现状分析[J].仲恺农业学院学报,2003(2):61-63.
- [6] 辛格,乔德哈利.双列杂交分析.数量遗传分析的统计方法[M].海口:华南热带作物学院,1985:168-196.
- [7] 马育华.植物育种的数量遗传学基础[M].南京:江苏科学技术出版社,1982:376-426.
- [8] 刘来福,毛盛贤,黄远樟.作物数量遗传[M].北京:农业出版社,1984:125-250.
- [9] 王晓明,曾慕衡,乐素菊.超甜玉米鲜穗产量和含糖量的配合力及遗传特性分析[J].西北农林科技大学学报,2005(7):56-60.

(上接第10784页)

表1 抗血清效价测定结果

Table 1 The determination results of antiserum titer

代号 Code	稀释倍数 Dilution multiple	OD ₄₉₂	
		样品 Samples	CK
1	10 ⁻¹	4.372	2.100
2	10 ⁻²	3.586	1.393
3	10 ⁻³	3.299	0.935
4	10 ⁻⁴	1.865	0.827
5	10 ⁻⁵	1.161	0.899

目前,已有不同类型的原核表达载体商品化^[7],pET系统是在E.coli中克隆表达重组蛋白的功能最强大的系统,拥有噬菌体T7强转录及翻译信号控制和多选择型的宿主菌,不同的优化组合,可使目的产物大量表达。该研究在选用分泌表达载体pET-22b,成功表达了PL的融合蛋白,表达量非常高,这与所用载体特点密切相关,因为笔者曾用其他相关载体得到的表达量均不理想。该研究中未采用Hs Band柱提取重组蛋白,而是直接通过SDS-PAGE凝胶分离目的蛋白后,连同胶块磨碎进行免疫,制备出的抗血清效果较好,这样有利于简化分离抗原蛋白的程序并降低成本。

虽然得到的表达蛋白量很高,但是没有检测到蛋白酶活性,这是由于pET表达系统是一种高效表达系统,表达产

物量大而没有形成正确的三维结构,况且大部分表达产物形成包涵体形式,在没有经过复杂的复性过程前是不会表现出生物学活性的,很多使用大肠杆菌表达系统进行蛋白质表达时都遇到过这种问题,这有待进一步摸索出一套适当的复性方法,提高表达蛋白的胞外活性。

该实验中高效价抗血清的制备,为进一步研究淡紫拟青霉的侵染机理及PL蛋白酶的作用方式奠定了良好的基础。

参考文献

- [1] 赵明连,廖昌珑,莫明和,等.食线虫菌胞外蛋白酶基因工程研究进展[J].中国生物工程杂志,2002,22(5):15-20.
- [2] COX C N, KUSCH M, EDGAR R S. Cloning of *Caenorhabditis elegans*: Its isolation and partial characterization[J]. Cell Biol, 1981, 90(1):7-17.
- [3] JOHAN AHMAN. Extracellular serine protease as virulence factors in nematophagous fungi: Molecular characterization and functional analysis of the HI protease in *Athrobactrys digispora*[C]// Doctoral Dissertation: Lund University, 2000:100.
- [4] JALATA P, KATENBAVH R, BOCARIGEL M. Biological control of *Meloidogyne incognita* and *Gobodera pallida* on potatoes[J]. Nematol, 1979, 11:303.
- [5] BONANIS P J, FITTERS P F, THUS H, et al. A basic serine protease from *Paecilomyces lilacinus* with biological activity against *Meloidogyne hapla* eggs[J]. Microbiology, 1995, 141:775-784.
- [6] KHANA, WILLIAMS K, MOLLOY M P, et al. Purification and characterization of a serine protease and chitinases from *Paecilomyces lilacinus* and detection of chitinase activity on 2D gels[J]. Protein Express Purif, 2003, 32:210-220.
- [7] 柴玉波.大肠杆菌表达系统表达载体的类型及其研究进展[J].国外医学:分子生物学分册,1997,19(4):160-162.