

# 高淀粉玉米“郑单 958”主要农艺性状主基因 + 多基因遗传分析\*

包和平, 李颖, 李春成

吉林农业大学农学院, 长春 130118

**摘要:** 利用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型, 以高淀粉玉米杂交组合“郑单 958”的  $P_1$ 、 $F_1$ 、 $P_2$ 、 $B_{1:2}$ 、 $B_{2:2}$  和  $F_{2:3}$  6 个家系世代为材料, 多世代联合分析了高淀粉玉米主要性状的遗传效应。结果表明: 穗长、穗位高由多基因控制; 百粒重、单穗重、行粒数、株高由 1 对加性主基因 + 加性-显性多基因控制; 秃尖长由 1 对加性-显性主基因 + 加性-显性多基因控制。

**关键词:** 高淀粉玉米; 农艺性状; 主基因; 多基因; 遗传

**中图分类号:** S513.032      **文献标识码:** A      **文章编号:** 1000-5684(2010)03-0245-04

## Inheritance Analysis of Main Agronomic Traits of Major Genes + Polygenes of High-Starch Corn “Zhengdan 958”

BAO He-ping, LI Ying, LI Chun-cheng

College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China

**Abstract:** Genetic effects of main traits of high-starch corn were analyzed, using the mixed major gene + polygene genetic model of plant quantitative traits, with the combination of high-starch corn hybrids “Zhengdan 958” of  $P_1$ ,  $F_1$ ,  $P_2$ ,  $B_{1:2}$ ,  $B_{2:2}$  and  $F_{2:3}$ , 6 families from generation to generation, as the material. The results showed that: ear length and ear height were controlled by polygenes; 100-grain weight, single spike weight, grain number per row and plant height were controlled by 1 pair of additive major gene + additive-dominant polygene; Bare tip length was controlled by 1 pair of additive-dominant major gene + additive-dominant polygene.

**Key words:** high-starch corn; agronomic trait; major gene; polygene; inheritance

主基因和多基因混合遗传模型首先在人类和动物遗传研究中得到发展。20 世纪 70 年代初, Elston 和 Steward<sup>[1-2]</sup> 就提出“一个主基因和多基因”的遗传模型并用于人类系谱数据的遗传分析。Elkind<sup>[3]</sup> 提出一个用于植物遗传数据分析的单基因 - 多基因遗传模型, 其中的单基因是可直观鉴定的, 因而后代中个体的基因型可以明确分类。莫惠栋<sup>[4-5]</sup> 分析了一对主基因存在时主基因 - 多基因混合遗传性状在各个世代的遗传组成以及遗传参数估计问题, 并把这类性状称为质量 - 数量

性状。很多学者<sup>[6-11]</sup> 对主基因 + 多基因遗传模型和遗传参数的估算方法也作了大量研究, 明确了玉米、水稻、冬小麦等存在主基因 + 多基因的遗传。关于高淀粉玉米主基因 + 多基因遗传报道较少。为此, 我们对高淀粉玉米主要性状遗传效应进行了研究, 旨在为高淀粉玉米品种杂种优势利用和改良提供理论依据。本试验利用高淀粉玉米“郑单 958”6 个家系世代对其主要农艺性状进行主基因 - 多基因遗传分析。

\* 基金项目: 吉林省教育厅育种项目[2008(71)号]

作者简介: 包和平, 男, 博士, 副教授, 研究方向: 作物遗传育种。

收稿日期: 2009-08-19      修回日期: 2010-01-27

# 1 材料与方法

## 1.1 材料

利用河南省农业科学院粮食作物研究所培育的高产、高淀粉玉米“郑单 958”为亲本材料,构建了6个家系世代:

$P_1$ . 郑 58;  $P_2$ . 昌 7 - 2;  $F_1$ .  $P_1 \times P_2$ ;  $B_{1.2}$ . ( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_1$ ;  $B_{2.2}$ . ( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_2$ ;  $F_{2.3}$ .  $F_1 \otimes F_2$

2006年春在吉林农业大学试验田种植亲本。2006年7月套袋自交,并人工配制  $P_1 \times P_2$  组合。2007年对  $P_1$ 、 $P_2$  和 ( $P_1 \times P_2$ )  $F_1$  进行自交,并配制 ( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_1$  和 ( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_2$  组合。2007年秋在海南种植  $P_1$ 、 $P_2$ 、( $P_1 \times P_2$ )  $F_2$ 、[( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_1$ ]  $B_1$  和 [( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_2$ ]  $B_2$  等组合并自交,2008年春在吉林农业大学试验田种植经杂交、自交获得双亲本杂交组合的6个家系(种子)世代的材料。

1.1.1 抽样 从  $P_1$  和  $P_2$  中分别随机抽样 20 份(每份 200 粒),  $F_1$  种子分成 10 份(每份 200 粒)样品,从  $F_{2.3}$ 、 $B_{1.2}$  和  $B_{2.2}$  群体中分别抽样 100 份(每份 200 粒),6 个世代共 350 份材料。

1.1.2 田间试验设计 将抽样产生的 350 份材料,按亲本和家系分为 10 组,每组 35 份,即  $P_1$  和  $P_2$  材料各 2 份,  $F_1$  材料 1 份;  $F_{2.3}$ 、 $B_{1.2}$  和  $B_{2.2}$  各 10 份。试验于 2008 年春在吉林农业大学试验田进行。2 行区,行长 10 m,2 次重复。田间管理按常规方法实施。田间试验设计采用重复内分组随机区组设计。

## 1.2 农艺性状评价标准

按全国玉米区域试验统一标准进行。考察株高、穗位高、穗长、秃尖长、行粒数、百粒重、单穗重等性状。每一家系考察 30 株。

## 1.3 试验方法

采用植物数量性状主基因 + 多基因多世代联合分析方法<sup>[12]</sup>。通过极大似然函数法和 IECM 算法对混合分布中的有关成分分布参数做出估计,然后通过 AIC 值的判别和一组适合性测验,选最优模型,并估计主基因和多基因效应值、方差等遗传参数。

# 2 结果与分析

## 2.1 主基因 + 多基因遗传模型的判定

用 6 世代数量性状分离方法分析软件对 6 个家系世代的 7 个性状进行分析。根据 AIC 值判断成分分布个数,推论各性状是否属于主基因 + 多基因混合遗传模型。当 AIC 值最小时,可以判定某一性状的最适分布数。7 个性状的最小 AIC 值及该性状适合模型见表 1。由表 1 可以看出,7 个性状中有 2 个性状(穗长、穗位高)适合多基因模型;有 4 个性状(百粒重、单穗重、行粒数、株高)适合 1 对加性主基因 + 加性-显性多基因模型,即存在主基因效应;秃尖长适合 1 对加性-显性主基因 + 加性-显性多基因模型。表 1 中 A 为多基因模型;B 为 1 对加性主基因 + 加性-显性多基因模型;C 为 1 对加性-显性主基因 + 加性-显性多基因模型。

表 1 高淀粉玉米主要性状遗传模型

Table 1. Genetic model of main traits of high starch corn

项目 Item	穗长 Spike length	百粒重 100-grain weight	单穗重 Single spike weight	行粒数 Grain number per row	株高 Plant height	秃尖长 Bare tip length	穗位高 Spike position
似然函数值 Likelihood function value	- 624.69	- 626.27	- 1 446.51	- 1 024.68	- 1 350.28	- 181.41	- 1 153.24
最小 AIC 值 The smallest AIC value	1 295.37	1 268.54	2 904.03	2 060.35	2 716.56	380.82	2 316.47
适合模型 Suitable model	A	B	B	B	B	C	A

## 2.2 遗传参数估算及遗传效应分析

根据 6 个家系世代不同性状适合遗传模型,利用重复试验平均数数据资料,估算出基因的加性效应、显性效应(表 2)。由表 2 可知,控制单穗

重、行粒数的加性主基因均为负效基因,当这 1 对基因存在时会减少单穗重、行粒数、秃尖长。控制秃尖长加性-显性主基因,加性为负效基因,显性为正效基因,加性效应绝对值大于显性效应,控制

百粒重、株高的主基因均为正效基因,当这 1 对基因存在时会增加百粒重、株高。各性状的表型方差、主基因方差、多基因方差和  $B_{12}$ 、 $B_{22}$ 、 $F_{23}$  世代遗传率见表 3。由表 3 可见,不同性状遗传率存在差异。穗长和穗位高的  $B_{12}$ 、 $B_{22}$ 、 $F_{23}$  世代多基因遗传率分别为 87.04% ~ 88.50% 和 62.09% ~ 78.12%, 他们的遗传率比存在主基因性状的遗传

率高。百粒重和单穗重的  $B_{12}$ 、 $B_{22}$ 、 $F_{23}$  世代主基因遗传率分别为 12.96% ~ 70.33% 和 44.43% ~ 62.11%, 行粒数和株高的  $B_{12}$ 、 $B_{22}$ 、 $F_{23}$  世代主基因遗传率分别为 34.40% ~ 45.19% 和 35.24% ~ 61.63%, 秃尖长的  $B_{12}$ 、 $B_{22}$ 、 $F_{23}$  世代主基因遗传率为 48.68% ~ 69.05%。

表 2 高淀粉玉米主要性状基因效应值

Table 2. Genetic effect size of main traits of high starch corn

遗传参数 Genetic parameter	穗长 Spike length	百粒重 100-grain weight	单穗重 Single spike weight	行粒数 Grain number per row	株高 Plant height	秃尖长 Bare tip length	穗位高/cm Spike position
$m_1(m)$	15.39	35.85	175.10	45.53	279.64	0.84	65.25
$m_2$	16.28						67.80
$m_3$	16.63						63.70
$m_4$	16.40						75.17
$m_5$	17.85						77.23
$m_6$	16.37						73.14
$d_a(d)$		0.078 5	- 0.669 2	- 0.182 6	3.125 6	- 0.312 8	
$d_b$							
$h_a(h)$						0.033 1	
$h_b$							
[d]		0.795 2	- 0.163 7	- 3.134 0	2.723 4	0.142 9	
[h]		1.495 3	14.510 7	3.538 3	11.464 2	- 0.105 8	

表 3 高淀粉玉米主要性状主基因多基因遗传率

Table 3. Major gene polygene heritability of main traits of high starch corn

遗传参数 Genetic parameter	穗长 Spike length			百粒重 100-grain weight			单穗重 Single spike weight			行粒数 Grain number per row		
	$B_{12}$	$B_{22}$	$F_{23}$	$B_{12}$	$B_{22}$	$F_{23}$	$B_{12}$	$B_{22}$	$F_{23}$	$B_{12}$	$B_{22}$	$F_{23}$
$\sigma_p^2$	2.18	2.18	2.46	1.96	2.69	2.26	191.45	283.92	169.59	15.79	19.46	25.71
$\sigma_{mg}^2$				0.25	1.38	1.59	97.21	176.35	75.34	5.43	9.40	11.62
$\sigma_{pg}^2$	1.89	1.89	2.18	1.33	0.92	0.29	78.89	92.23	78.89	4.62	4.32	8.36
$h_{mg}^2/\%$				12.96	51.42	70.33	50.77	62.11	44.43	34.40	48.31	45.19
$h_{pg}^2/\%$	87.04	87.04	88.5	67.63	34.41	12.81	41.21	32.48	46.52	29.25	22.19	32.50
遗传参数 Genetic parameter	株高 Plant height			穗位高 Spike position			秃尖长 Bare tip length					
	$B_{12}$	$B_{22}$	$F_{23}$	$B_{12}$	$B_{22}$	$F_{23}$	$B_{12}$	$B_{22}$	$F_{23}$			
$\sigma_p^2$	72.67	136.34	200.85	28.19	41.71	48.83	0.129	0.257	0.173			
$\sigma_{mg}^2$	25.61	84.02	108.20				0.063	0.177	0.107			
$\sigma_{pg}^2$	31.81	37.06	77.40	17.50	31.03	38.14	0.057	0.070	0.057			
$h_{mg}^2/\%$	35.24	61.63	53.87				48.68	69.05	61.78			
$h_{pg}^2/\%$	43.77	27.18	38.54	62.09	74.39	78.12	44.03	27.29	32.79			

### 3 讨 论

在所研究的 7 个性状中,穗长、穗位高受多基

因控制,没有检测到主基因存在,多基因的遗传率较高,可以采用轮回选择和早代选择来进行育种以提高选择效果。对于遗传率较低性状,采用

晚代选择。百粒重、单穗重、行粒数、株高、秃尖长性状均检测到主基因存在,而且有的世代主基因遗传率较高。育种时可以选用含有主效基因的亲本,或者通过 QTL 定位找到与这些基因紧密连锁的分子标记,采用分子标记辅助选择的方法来提高育种效果<sup>[14-15]</sup>。

随着分子标记的发展,人们将大量的数量性状基因定位在相应的连锁图上,找到主基因与之紧密连锁的分子标记。如果找到了与秃尖长、百粒重和行粒数有关的主基因分子标记,对于降低秃尖长、增加百粒重和行粒数将大有益处。数量性状由一组效应大小不同的基因所控制,效应大、易于觉察的表现为主基因;效应小、不易觉察的表现为多基因;主基因+多基因遗传模型是数量性状的通用模型;单纯主基因模型、单纯多基因模型只是数量性状遗传中的特殊情况。

#### 参考文献:

- [1] Elston R C, Steward J. The analysis of quantitative trait for simple genetics models from parental, F1 and backcross data [J]. *Genetics*, 1973, 73: 695-711.
- [2] Steward J, Elston R C. Biometrical genetics with one or two loci: the inheritance of physiological characters in mice [J]. *Genetics*, 1973, 73: 765-793.
- [3] Elkind Y, Cahaner A. A mixed model for the effects of single gene polygenes and their interaction on quantitative traits [J]. *Hereditas*, 1990, 64: 205-213.
- [4] 莫惠栋. 质量-数量性状遗传分析——遗传组成和主基因型鉴别 [J]. *作物学报*, 1993a, 19(3): 1-6.
- [5] 莫惠栋. 质量-数量性状遗传分析——世代平均数和遗传方差 [J]. *作物学报*, 1993b, 19(3): 193-200.
- [6] 申时全, 曾亚文, 李绅崇. 应用主基因-多基因混合模型研究昆明小白谷孕穗期耐冷性的遗传 [J]. *植物遗传资源学报*, 2004, 5(3): 252-255.
- [7] 向道权, 黄烈健, 曹永国. 玉米产量性状主基因-多基因遗传效应的初步研究 [J]. *华北农学报*, 2001, 16(3): 1-5.
- [8] 吴建宇, 陈彦惠, 席章营. 玉米雄穗性状主基因-多基因遗传的初步研究 [J]. *河南农业大学学报*, 2000, 34(2): 107-108.
- [9] 王庆钰, 朱立宏, 盖钧镒. 水稻广亲和性遗传的主基因-多基因混合模型分析 [J]. *遗传*, 2004, 26(6): 898-902.
- [10] 金文林, 白璐, 文自翔. 小豆百粒重性状遗传体系分析 [J]. *作物学报*, 2006, 32(9): 1410-1412.
- [11] 葛秀秀, 张立平, 何中虎. 冬小麦 PPO 活性的主基因+多基因混合遗传分析 [J]. *作物学报*, 2004, 30(1): 18-20.
- [12] 章元明, 盖钧镒. 数量性状分离分析中分布参数估计的 IECM 算法 [J]. *作物学报*, 2000, 26(6): 699-706.
- [13] 盖钧镒, 章元明, 王健康. 植物数量性状遗传体系 [M]. 北京: 科学出版社, 2003: 266-276.
- [14] 向道权, 黄烈健, 戴景瑞. 玉米产量 QTL 和杂种优势遗传基础研究进展 [J]. *中国农业大学学报*, 1999, 4(增刊): 1-7.
- [15] Stuber C W. Biochemical and molecular markers in plant breeding [J]. *Plant Breeding Rev*, 1992, 9: 37-61.

(上接第 244 页)

自花授粉,制种时不需用隔离区,但要定时去杂去劣,保证纯度。

“绿禾 101 号”适应性广,抗病性强,生育期内一般无病害发生。若有蚜虫发生,可用 1 500 倍液的广灭灵杀虫剂进行叶面喷洒。

#### 5 适应区域

“绿禾 101 号”适宜吉林省中东部地区(积温 > 2 300, 土壤中性或偏酸性)种植。

#### 参考文献:

- [1] 李昌权, 胡守俭. 月见草新品种“延筛 1 号”育成报告 [J]. *延边农业科技*, 1992 (45): 19-21.
- [2] 吴广礼, 孙寰. 公选 1 号月见草选育报告 [J]. *吉林农业科学*, 1994, (3): 8-10, 78.
- [3] 马尧. 影响月见草种子发芽因素的探讨 [J]. *吉林农业科技学院学报*, 2005, 14(2): 1-3.
- [4] 刘利. 月见草的研究现状及开发前景 [J]. *安徽农业科学*, 2005, 33(11): 2127-2128.
- [5] 严国昌, 侯惠光, 刘丽平. 月见草栽培技术 [J]. *新疆农业科技*, 2004 (3): 23.
- [6] 彭建农. 月见草的现代研究概况 [J]. *中国现代临床医学杂志*, 2008, 6(8): 694-695.