

# 用杂种基因型值、杂种优势评定 双低油菜杂交组合

张书芬, 田保明, 王建平, 朱家成, 文雁成, 刘建明

(河南省农业科学院棉花油料作物研究所, 河南 郑州 450002)

摘要: 根据加性—显性模型, 利用 15 个双低油菜细胞质雄性不育杂交组合的  $F_1$  及其亲本, 预测杂种后代基因型值和杂种优势。结果表明:  $F_1$  杂种优势较强。优势强的组合, 其基因型值较高; 反之, 则低。因此, 可以利用基因型值结合杂种优势评价组合。15 个组合中,  $A_3 \times R_3$  最好, 其  $F_1$  群体平均优势、超亲优势均最高, 而且基因型值很高,  $A_2 \times R_4$  次之。

关键词: 基因型值; 杂种优势; 评定; 双低油菜; 杂交组合

中图分类号: S565. 4035. 1      文献标识码: A      文章编号: 1000—7091(2002)01— 0051— 04

油菜细胞质雄性不育杂种优势显著, 但组合之间差异很大。如何能配置出强优势组合, 并尽快鉴定出强优势组合, 缩短育种年限, 是育种工作的关键。根据朱军教授(1993)提出的混合线性模型的原理, 采用加性—显性效应模型, 利用  $F_1$  及其亲本的表现型值, 计算  $F_1$ 、预测  $F_2$  的优势表现, 分析组合的基因型值, 可以直接评定组合的优劣和利用潜力。增加育种工作的预见性、减少盲目性, 缩短了育种年限, 既节省了土地、劳力, 又加快了育种进程。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

供试材料为河南省农业科学院棉花油料作物研究所(原经济作物研究所)油菜室育成的 3 个甘蓝型双低油菜细胞质雄性不育系 252A ( $A_1$ )、384A ( $A_2$ )和 217A ( $A_3$ ), 5 个双低油菜恢复系 PD121 ( $R_1$ )、PD036 ( $R_2$ )、CP015 ( $R_3$ )、CP019 ( $R_4$ )和 PD250 ( $R_5$ )。针对细胞质雄性不育的特殊性, 以不育系为母本, 恢复系为父本, 采取  $M \times N$  的杂交方式配制 15 个杂交组合。田间试验采用随机区组排列, 3 次重复, 5 行区, 行长 2. 5 m, 行、株距为 0. 4 m 和 0. 14 m。收获前随机取样进行考种, 每小区取样 10 株。考种项目包括株高、分枝高度、全株总有效角果数、千粒重、单株产量等 13 个经济性状。试验结果均采用朱军(1994)提供的程序在微机上计算。

### 1.2 统计分析方法

各世代基因型值的预测公式:

收稿日期: 2000— 10— 30

基金项目: 河南省自然科学基金项目资助(0111011100)

作者简介: 张书芬(1965—), 女, 副研究员, 硕士学位, 主要从事油菜遗传育种工作。

亲本  $P_i=U+ZA_i+D_{ii}$

杂种一代  $F_{1ij}=U+A_i+A_j+D_{ij}$

杂种二代  $F_{2ij}=U+A_i+A_j+1/4 D_{jj}+1/2 D_{ij}+1/4 D_{ii}$ ;

其中:  $U$  为群体平均数估计值, 可由试验的全体观察值的平均数估算。  $A_i$ 、  $A_j$  是累加的加性效应;  $D_{ii}$ 、  $D_{ij}$ 、  $D_{jj}$ 是累加的显性效应。  $A_i$ 、  $A_j \sim N(0, \delta_a^2)$ ,  $D_{ii}$ 、  $D_{ij}$ 、  $D_{jj} \sim N(0, \delta_d^2)$ 。

杂种一代群体平均优势:  $H_{pm}(F_1)=[F_{1ij}-1/2(P_i+P_j+D_{ij})]/u=[D_{ij}-1/2(D_{ii}+D_{jj})]/u$

杂种一代群体超亲优势:  $H_{pb}(F_1)=(F_{1ij}-P_i)/u=H_{pm}(F_1)-1/2 \delta$

其中  $\delta$ 是亲本相对遗传差异的预测值:  $\delta=[2(A_i-A_j)+(D_{ii}-D_{jj})]/u$

杂种  $F_2$  群体平均优势:  $H_{pm}(F_2)=[F_2-1/2(P_i+P_j)]/u=1/2H_{pm}(F_1)$

杂种  $F_2$  群体超亲优势:  $H_{pb}(F_2)=(F_2-P_i)/u=1/2H_{pm}(F_1)-1/2 \delta$

2 结果与分析

2.1 主要性状的基因型值和杂种优势预测结果

由表 1 可知, 各性状  $F_2$  基因型值较  $F_1$  明显降低, 降低幅度为 5.6%~25.0%。一次分枝数和株高降低幅度较小, 分别为 5.6%和 6.9%, 千粒重、单株产量、全株总有效角果数、小区产量、二次分枝数等性状  $F_1$  基因型值降低幅度较大, 为 25%~14.3%。

杂种  $F_1$  的群体平均优势率, 除千粒重最低(5.3%)外, 其他性状群体平均优势率均较高, 为 11.1%~46.0%。其中产量的优势率最高, 单株产量、小区产量结果基本一致, 分别为 46.0%和 45.4%, 全株总有效角果数的平均优势率也较高, 为 37.3%。

$F_1$  的群体超亲优势率表现与群体平均优势率一致。千粒重的超亲优势率最低为一8.0%, 一次分枝数的较低为 1.96%。其他性状的超亲优势率均较高, 为 10.7%~37.2%; 单株产量和小区产量的超亲优势率仍最高, 分别为 37.2%和 30.5%。 $F_2$  的群体超亲优势率除千粒重外, 均急剧下降, 下降幅度为 5.5%~46.5%。因此, 生产上不宜采用  $F_2$  做种子。

表 1 主要性状的基因型值和杂种优势预测结果

项 目	株高	一次有效分枝数	二次有效分枝数	全株总果数	每角粒数	单株产量	千粒重	小区产量
Pre( $F_1$ )	207.60	8.90	2.30	307.90	22.10	22.60	2.67	0.92
Pre( $F_2$ )	193.40	8.40	2.40	332.30	20.00	18.20	2.80	0.74
[Pre( $F_2$ )-Pre( $F_1$ )]/Pre( $F_1$ )(%)	-6.90	-5.60	-14.30	-19.70	-9.50	-24.20	-25.00	-18.00
$H_{pm}(F_1)$	14.70	11.10	33.10	37.30	11.20	46.00	5.30	45.40
t	4.35	2.47	1.36	4.68	1.01	9.01	1.51	6.45
$H_{pb}(F_1)$	10.70	1.96	14.00	28.50	10.30	37.20	-8.00	30.50
t	3.00	0.74	0.49	4.35	0.71	8.39	0.18	5.01
$H_{pb}(F_2)$	3.30	-3.50	-2.60	9.90	9.70	14.20	-3.50	7.70
t	1.59	1.95	0.16	3.52	0.17	6.91	1.31	2.91
$H_{pb}(F_2)-H_{pb}(F_1)$	-7.40	-5.16	-16.60	-18.60	-6.20	-23.00	4.50	-46.50

注: Pre( $F_1$ )、Pre( $F_2$ )表示  $F_1$ 、 $F_2$  基因型预测值

2.2 各组合主要性状的基因型值

由表 2 可知，各组合主要性状的基因型值预测结果与各组合产量杂种优势相似，即产量优势强的组合，其主要产量性状(全株总有效角果数、单株产量、小区产量)的 F<sub>1</sub> 基因型值都较高；反之，则低。如 A<sub>3</sub>×R<sub>3</sub>、A<sub>2</sub>×R<sub>4</sub> 产量优势强，全株总有效角果数的基因型值分别为 487.8 和 502.9，单株产量的基因型值分别为 32.78 和 31.94，小区产量的基因型值都为 1.10，其预测值都比较高；而组合 A<sub>1</sub>×R<sub>1</sub>、A<sub>1</sub>×R<sub>2</sub> 等产量优势很弱或者是负优势，其全株总有效角果数，单株产量、小区产量的基因型值均较低。

F<sub>2</sub> 基因型值高的组合也是 F<sub>1</sub> 优势强的组合，其全株总有效角果数、单株产量、小区产量等主要产量性状的基因型值也较高；而产量优势弱的组合，其主要产量性状的基因型值也较低。但与 F<sub>1</sub> 相比，无论是强优势还是弱优势组合，其 F<sub>2</sub> 降低的幅度都很大。

表 2 各组合主要性状的基因型值

组合	全株总角果数		单株产量		小区产量	
	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>	F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>
A <sub>1</sub> ×R <sub>1</sub>	316.82	306.13	20.95	18.80	0.81	0.73
A <sub>1</sub> ×R <sub>2</sub>	325.61	320.40	15.93	15.83	0.82	0.73
A <sub>1</sub> ×R <sub>3</sub>	440.70	350.50	27.18	18.58	1.03	0.77
A <sub>1</sub> ×R <sub>4</sub>	423.10	353.90	22.59	16.84	0.85	0.66
A <sub>1</sub> ×R <sub>5</sub>	339.20	324.00	24.17	21.06	1.04	0.80
A <sub>2</sub> ×R <sub>1</sub>	352.50	310.70	23.79	19.81	0.76	0.71
A <sub>2</sub> ×R <sub>2</sub>	437.10	346.90	20.40	17.65	0.76	0.71
A <sub>2</sub> ×R <sub>3</sub>	358.90	288.30	17.51	13.34	0.98	0.70
A <sub>2</sub> ×R <sub>4</sub>	502.90	369.50	31.94	19.61	1.10	0.79
A <sub>2</sub> ×R <sub>5</sub>	423.70	337.10	26.38	21.75	1.04	0.75
A <sub>3</sub> ×R <sub>1</sub>	435.30	353.90	15.60	15.79	0.59	0.66
A <sub>3</sub> ×R <sub>2</sub>	487.80	354.60	17.74	16.40	0.59	0.66
A <sub>3</sub> ×R <sub>3</sub>	487.80	354.60	32.78	21.95	1.08	0.82
A <sub>3</sub> ×R <sub>5</sub>	423.40	338.70	25.34	21.31	0.98	0.76

3 结论与讨论

评价组合的优劣，应同时考虑组合的基因型值和杂种优势。生产上利用的优势组合，必须在产量构成因素和品质性状方面表现较好。本研究中的优良组合 A<sub>3</sub>×R<sub>3</sub>、A<sub>2</sub>×R<sub>4</sub> 已完成河南省优质油菜杂交种区域试验，并且证明它们是很好的杂交组合。同时也证明了用基因型值和杂种优势评价组合是可行的。

在油菜产量构成的三大因素中，全株总有效角果数的优势最大；每角粒数和千粒重相对比较稳定，优势率不高；组合间差异较小。因此，在育种工作和生产上都必须立足于增加全株总有效角果数，而不是提高千粒重和每角粒数。

从本文的表 2 中可以看出，有 6 个组合的超亲优势超过 30%，如果考虑制种成本和产

量,是有一定的利用价值的,但是细胞质雄性不育杂种, $F_2$ 存在着育性分离问题,若育性由一对基因控制时 $F_2$ 将出现 $1/4$ 的不育株,会出现严重减产,因此生产上一般不提倡使用 $F_2$ 作种子。

参考文献:

- [1] 傅廷栋.油菜细胞质雄性不育研究进展[J].农牧情报研究,1989,(1):1—8
- [2] 傅廷栋.中国油菜杂种优势利用研究概况[J].作物研究,1990,4(3):1—4
- [3] 傅廷栋.杂交油菜的育种与利用[M].武汉:湖北科学技术出版社,1995.
- [4] 朱 军,季道藩,许馥华.作物品种间杂种优势遗传分析的新方法[J].遗传学报,1993,20(3):262—271.
- [5] 朱 军.作物杂种后代基因型值和杂种优势的预测方法[J].生物数学学报,1993,8(1):32—34.

## Evaluation of Hybrid Crosses by Genotype Value and Heterosis for Double Low Rapeseed (*B. napus*)

ZHANG Shu-fen, TIAN Bao-ming, WANG Jian-ping, ZHU Jia-cheng,  
WEN Yan-cheng, LIU Jian-ming

(Cotton and Oil Crops Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou Henan 450002, China)

**Abstract:** ADM (Additive-Dominant-Maternal) model was used in 15 cytoplasmic male sterile hybrids and their parents to predict the hybrids genotype value and heterosis. It showed that  $F_1$  hybrids had significant heterosis. Strong heterosis cross also had high genotype value. On the other hand, low heterosis crosses had low genotype value. So we can use genotype value combining with heterosis to appraise crosses. It can increase the foresight of breeding and shorten the breeding period. Cross 13 ( $A_3 \times R_3$ ) was the best cross, with both highest mid-parent heterosis and highest above better parent heterosis, its genotype value was also very high.

**Key words:** Genotype value; Heterosis; Evaluation; Double low rapeseed; Hybrid crosses