

玉米产量性状主基因- 多基因遗传效应的初步研究

向道权, 黄烈健, 曹永国, 戴景瑞*

(中国农业大学, 北京 100094)

摘要: 利用主基因- 多基因遗传模型, 以玉米杂交组合农大 3138 的 P_1 , P_2 , F_1 和 $F_{2:3}$ 家系为材料, 联合分析了玉米产量性状的遗传效应。结果表明: 穗长、穗粗、穗重和单株粒重是由多基因模型控制; 行粒数和千粒重检测到 1 对完全显性主基因, 穗行数和秃顶长存在 2 对主效基因, 而且穗行数的 2 对主效基因之间存在互作效应。同时对不同方法计算出来的遗传率作了比较, 认为存在主效基因的性状遗传率偏低的原因是由于基因的显性作用所致。讨论了不同产量性状的育种对策。

关键词: 玉米产量性状; 主基因- 多基因模型; 遗传参数

中图分类号: S513. 03 文献标识码: A 文章编号: 1000- 7091(2001) 03- 0001- 05

农作物品种改良所涉及的性状, 如产量、品质、抗逆性等大多数是由多基因控制的遗传基础十分复杂的数量性状。在很多情况下, 人们无法区分控制这些性状的各个基因座位及其遗传效应并在育种中操纵他们^[1~ 3]。控制数量性状的大量微效基因、单个基因的效应无法区别, 这类性状的遗传研究需借助于生物统计遗传学的归纳与分析^[4]。大量研究结果表明: 有些性状, 其数量和质量界限往往不十分明确, 在分离世代既具有可分组趋势, 又存在界模糊现象。产生这种现象的原因是由于主- 微效基因共同作用于同一性状。不同性状的主效基因数目和遗传效应不同。Elkind 和 Cahaner 对此提出了主基因- 多基因遗传模型, 指出其单基因是可以鉴定的。很多国内外学者对主基因- 多基因遗传模型和遗传参数的估算方法也作了大量研究^[5~ 9]。玉米是我国重要的粮食作物, 深入研究玉米产量性状及其遗传效应, 可为玉米品种改良和杂种优势的利用提供依据。作者利用玉米 $F_{2:3}$ 家系对玉米产量性状的主基因- 多基因遗传效应作了初步研究。

1 材料和方法

1.1 材料

利用中国农业大学培育的高产、多抗性杂交组合农大 3138 为材料, 于 1998 年构建了 $F_{2:3}$ 家系。家系数目为 230 个。

收稿日期: 2000- 05- 20

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(39893350)

作者简介: 向道权(1967-), 男, 博士, 现在加拿大进行博士后研究工作。* 为联系作者。

1.2 田间试验设计和性状评价方法

田间试验于 1999 年在张家口坝下农科所(春播)和中国农业大学曲周试验站(夏播)进行。将 230 个 $F_{2.3}$ 家系、 P_1 、 P_2 和 F_1 一起随机区组排列, 3 次重复。每小区种植 30 株, 株行距为 33 cm×67 cm, 肥水管理按照常规进行。

性状评价标准按全国玉米区试统一标准进行。考察株高、穗位、穗长、秃顶长、穗粗、穗行数、行粒数、千粒数、单穗粒重等性状。每一家系考察 20 株。

1.3 统计分析方法

假设分离世代主基因效应由于多基因和环境的修饰为一个独立的正态分布, 则整个分离世代可以看作多个独立正态分布的混合分布。对 $F_{2.3}$ 家系及其亲本进行联合分析, 涉及模型有 1 对主基因(A)、2 对主基因(B)、多基因(C)、1 对主基因+ 多基因(D)和 2 对主基因+ 多基因(E)。混合分布参数的估计采用 IECM 法。分析软件由南京农业大学大豆研究所章元民博士提供。

2 结果与分析

2.1 主基因- 多基因遗传模型的判定

用分析软件对 $F_{2.3}$ 家系的 8 个产量性状进行分析。根据 AIC 值判断成分分布个数, 从而推论各性状是否属于主- 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。表 1 为 8 个性状的最小 AIC 值及该性状适合模型。从表 1 中可看出, 8 个产量性状有 4 个性状适合多基因遗传模型, 他们是穗长、穗粗、穗重和单穗子粒重; 有 4 个性状存在主基因效应, 秃顶长和穗行数存在 2 对主基因, 行粒数和千粒重存在 1 对完全显性主基因。

表 1 玉米产量性状遗传模型

性 状	穗 长	秃顶长	穗 粗	穗行数	行粒数	千粒重	穗 重	单株粒重
似然函数值	- 1 479. 50	- 651. 89	- 185. 26	- 1 286. 60	- 2 159. 3	- 2 537. 47	- 3 626. 65	- 3 545. 26
最小 AIC 值	2 971. 01	1 321. 79	382. 53	2 599. 21	4 330. 6	5 086. 82	7 265. 31	7 100. 53
适合模型	多 基 因 模 型(C)	2 对主基 因加显性 模型(E- 2)	多基因模 型(C)	2 对主基 因加显性 上位性模 型(E 1)	1 对完全 显性主基 因加显性 多基因模 型(D 3)	1 对完全 显性主基 因加显性 多基因模 型(D 3)	多 基 因 模 型(C)	加性、显性 多 基 因 模 型(G 1)

2.2 遗传参数的估算及遗传效应的分析

根据不同性状适合遗传模型, 进一步估算出基因的加性效应、显性效应和基因互作效应(表 2)。从表 2 可知, 控制秃顶长的 2 对主基因均为正效基因, 当这 2 对基因存在时都会增加玉米的秃顶长度, 2 对主基因之间不存在互作。控制穗行数的 2 对主基因, 一个为正效基因, 另外一个为负效基因, 二者之间存在互作效应。互作效应以 A 加性、B 显性和 A 显性、B 显性互作为主。控制千粒重和行粒数的主效基因表现为完全显性作用。表 3 为各性状的表型方差、主基因方差、多基因方差和遗传率。不同产量性状遗传率存在差异。穗长、穗粗、穗重和单穗粒重的多基因遗传率分别为 75. 75%, 87. 19%, 89. 28% 和 74. 4%, 他们的遗传率普遍较存

在主基因性状的遗传率高。控制秃顶长的 2 个主效基因的遗传率为 72. 27%, 穗行数主效基因遗传率为 38. 88%, 行粒数和千粒重的主效基因遗传率分别为 27. 86% 和 31. 97%。

表 2 玉米产量性状的基因效应值

性 状	穗 长	秃顶长	穗 粗	穗行数	行粒数	千粒重	穗 重	单株粒重
m ₁ (m)	14. 420 0	1. 082 9	4. 056 7	13. 218 8	22. 955 6	53. 769 3	99. 535 7	73. 903 0
m ₂	24. 556 7	/	5. 396 7	/	/	/	329. 266 7	/
m ₃	13. 936 7	/	4. 250 0	/	/	/	- 90. 321 4	/
m ₄	17. 465 0	/	4. 558 7	/	/	/	144. 827 6	/
d _a (d)	/	0. 401 0	/	0. 000 1	2. 583 7	4. 189 0	/	/
d _b	/	0. 142 8	/	- 0. 000 2	/	/	/	/
h _a (h)	/	- 0. 726 5	/	0. 101 3	2. 583 7	4. 189 0	/	/
h _b	/	- 0. 908 8	/	2. 084 5	/	/	/	/
I	/	/	/	- 0. 016 2	/	/	/	/
j _{ab}	/	/	/	1. 999 1	/	/	/	/
j _{ba}	/	/	/	0. 009 6	/	/	/	/
L	/	/	/	- 4. 990 4	/	/	/	/
[d]	/	- 0. 395 6	/	0. 400 1	- 2. 350 3	- 4. 072 3	/	4. 370 0
[h]	/	2. 576 1	/	3. 987 6	21. 442 3	24. 632 4	/	185. 794 0

表 3 控制玉米产量性状的主基因多基因遗传率

性 状	穗 长	秃顶长	穗 粗	穗行数	行粒数	千粒重	穗 重	单株粒重
δ ² p	2. 3625	0. 2826	0. 0916	1. 6183	14. 0194	34. 3312	682. 4103	515. 1162
δ ² mg	/	0. 2043	/	0. 6292	3. 9052	10. 3025	/	/
δ ² pg	1. 7897	/	0. 0799	0. 7900	7. 3723	10. 9774	609. 2764	383. 2251
h ² mg	/	72. 27	/	38. 88	27. 86	30. 01	/	/
h ² pg	75. 75	/	87. 19	48. 82	52. 59	31. 97	89. 28	74. 40

3 讨论

产量性状是玉米遗传改良的主要目标, 了解各性状的遗传特点有利于指导玉米育种实践。亲本材料主基因的存在可为杂交育种的亲本选配和群体改良中的选择方法提供依据。在所研究的 8 个产量性状中, 穗长、穗粗、穗重和单株粒重是受多基因控制, 没有检测到主基因的存在, 而且多基因的遗传率都很高, 在育种时可以采用轮回选择及早代选择来提高育种效果。对于遗传率较低的性状, 可采用晚代选择的方法。秃顶长、穗行数、行粒数和千粒重性状均存在主效基因, 其主效基因遗传率占的比例较高。育种时可以选用含有主效基因的亲本, 或者通过 QTL 基因定位的方法找到同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^[1, 3]。

利用玉米 F_{2:3} 家系和主基因- 多基因模型计算出的遗传率同 NCI 和 NCH 设计所计算的

结果比较,可以看出各个性状遗传率大小的变化趋势是一致的^[10~12]。适合多基因模型的性状的遗传率基本相同,但对存在主基因的性状来说,利用主基因-多基因模型计算出的遗传率明显偏低。其原因可能同主效基因的显性作用有关。如千粒重这一性状,在前人对产量性状的研究中其遗传率较低,变化范围为41%~63%。本研究中遗传率也最低,为31.97%,但其1个主基因遗传率就达30.1%。穗行数的遗传率为48.82%,其2个主效基因遗传率为38.82%。因此,利用主基因-多基因模型来分析数量性状的遗传效应,反映的情况可能更真实。我们不但能够计算出性状遗传率的大小,而且还能检测出基因的加性、显性和上位性效应。

随着分子标记技术的发展,科学家们已将众多的数量性状基因定位在相应的连锁图上。研究数量性状的遗传规律,找到主效基因及与之紧密连锁的分子标记是我们当前研究的主要任务。假如我们能找到同千粒重、穗行数和秃顶长有关的主效基因的分子标记,对于提高粒重、增加穗行数、降低秃顶将大有帮助。

一个基因位点是主基因还是多基因是相对于他所产生的表型效应大小而言的。主基因可产生大的表型效应,但一个基因位点是否表现为主基因效应还同环境的互作有关。只有充分弄清了各目标性状的基因数目、遗传效应、作用方式才能有的放矢采取合理的育种方法与对策。

参考文献:

- [1] 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.
- [2] Stuber C W, Edwards M D, Wendel J F, *et al.* Molecular marker facilitated investigation of quantitative trait loci in maize: Factors influencing yield and its component traits[J]. Crop Sci, 1987, 27: 639-648.
- [3] Stuber C W. Biochemical and molecular markers in plant breeding[J]. Plant Breeding Rev, 1992, 9: 37-61.
- [4] 章元明,盖钧益,张孟臣. 利用 $P_1F_1P_2$ 和 F_2 或 $F_{2:3}$ 世代联合的数量性状的分离分析[J]. 西南农业大学学报,2000,22(1):6-9.
- [5] 刘朝晖,张旭,李浩兵,等. 小麦品种纹枯病抗性遗传的初步研究[J]. 南京农业大学学报,1999,22(3):5-8.
- [6] 盖钧益,王建康. 利用回交或 $F_{2:3}$ 家系鉴定数量性状主基因-多基因混合遗传模型[J]. 作物学报,1998,24(4):402-409.
- [7] 姜长鉴,莫惠栋. 质量-数量性状的遗传分析,IV. 极大似然法的应用[J]. 1995,21(6):641-648.
- [8] Janss L L G, Thompson R, Van Arendonk J A M. Application Gibbsampling for inference in a mixed major gene poly gene inheritance model in animal population[J]. Theor Appl Genet, 1995, 91: 1137-1147.
- [9] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of a QTL model and its effects[J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 1162-1168.
- [10] 徐占宏,赵虹,党拥华,等. 糯玉米主要性状的配合力及遗传参数分析[J]. 玉米科学,1998,6(3):21-24.
- [11] 加耶,吴子恺. 玉米几个产量性状和抗旱性有关的遗传研究[J]. 玉米科学,1998,6(1):4-8.
- [12] 郑祖平,李忠,刘代惠,等. 玉米自交系几个性状的遗传参数研究[J]. 玉米科学,1997,5(1):14-17.

A Preliminary Study on Genetic Effect of Maize Yield Component Traits Based on Major Gene and Polygene Mixed Inheritance

XIANG Dao quan, HUANG Lie jian, CAO Yong guo, DAI Jing rui
(China Agricultural University, Beijing 100094, China)

Abstract: Genetic effects of maize yield component traits were studied by using four populations P_1 , P_2 , F_1 and F_2 based on major gene and polygene mixed model. The results showed that ear length, ear diameter, ear weight and grain yield/ plant were controlled by polygenes. Some major genes controlling kernel number, kernel weight, row number and bare tip length were found. Epistatic interaction between two major genes controlling row number was also detected. It was supposed that characters controlled by major gene and polygene model having lower heritabilities was due to dominant effect. Breeding strategies for yield component traits were discussed.

Key words: Maize yield component traits; Major gene and polygene model; Genetic parameter