

小麦几个数量性状 不同生长时期的基因效应分析

白云凤 唐朝晖

李希陵 任荫汉 李关健

(山西省农业科学院作物遗传研究所, 太原 030031) (山西省农业科学院经济作物研究所, 汾阳 032200)

摘要 依据 Logistic 生长拟合曲线, 把小麦株高、单株叶数和千粒重等性状建成划分为四个生长时期。采用世代平均值分析法, 对不同生长时期的净增量进行了基因效应分析。结果表明, 各性状不同生长时期基因作用的方向和程度具有明显差异, 遗传模型也有所不同, 并且各个时期的基因效应相互独立。上位性效应对于株高和单株叶数的遗传具有重要作用, 而粒重的遗传基本符合加性-显性三参模型。

关键词 小麦 生长时期 基因效应

数量性状表达中, 基因作用的类型和量值决定着群体的基本特征。有关小麦群体数量性状基因效应的诸多研究^[1~3], 对指导小麦育种实践作出了重要贡献。但以往的研究多以终结性状为对象, 局限于一个时间点, 获得的为一种静止遗传模型。发育遗传学的研究进展表明, 性状的建成是一个动态过程。在这个过程中, 基因的作用是按一定的时空秩序有选择地表达的^[4]。吴国海发现玉米数量性状在不同生长阶段, 其净增量基因效应的符号和显著性有明显差异^[5]。我们在研究小麦子粒生长特性中, 也观察到不同时段遗传力有一定变幅。因此, 单纯用终结性状获得的静止遗传模型来研究和探讨微效多基因体系在性状建成过程中的作用规律有一定局限性。为此, 我们用世代平均值分析法对冬小麦的株高、单株叶数和千粒重等数量性状在不同生长时期的基因效应进行了研究, 以为小麦育种实践提供参考依据。

1 材料和方法

1.1 供试材料和田间设计

以株高、粒重等性状差异的大小为依据, 选用 6 个常用亲本组配三个杂交组合。组合名称和代号为: 品冬 3 号 × 81 水 3151(A)、经麦 67 × 晋麦 27 号(B) 和 78 水 415 × 3057-1-1(C)。1988~1989 年分别配置和繁殖出它们的 P₁、P₂、F₁、F₂、B₁ 和 B₂ 材料。试验于 1989~1990 年在本所试验地进行。

试验将 3 个组合各自的 6 个世代按不等群随机区组设计, 3 次重复。根据世代分离与否决

定各世代种植行数。行长 2m, 每行 20 株, 行距 33cm。其中 P₁、P₂ 和 F₁ 每重复种植 2 行, 每份材料取样 10 株调查考种; B₁ 和 B₂ 每重复种植 3 行, 取样 15 株; F₂ 每重复种植 5 行, 取样 25 株。粒重则按穗取样。

1.2 性状调查方法

1.2.1 单株叶数和株高 从返青后开始调查, 此后每周调查一次, 直到叶片抽齐和株高停止生长为止。叶片以抽出 1cm 为准。

1.2.2 千粒重 分穗记载开花期, 从开花后第 5 天开始取样, 此后每隔 6 天取样一次, 直至粒重停止生长为止。于室内风干至恒重时称重。

1.3 生长时期的划分

对株高、单株叶数和千粒重, 以每一组合 6 个世代的群体平均数作 Logistic 生长拟合曲线:

$$\hat{y} = \frac{K}{1 + e^{\frac{a-x}{b}}} \quad (x \text{ 为取样天数, } K \text{ 由上限估得})$$

经回归检验, 3 个性状各组合的回归方程均达到了极显著水平, 表明所得经验曲线拟合良好。进而参照诸德辉方法^[6], 将株高、单株叶数的生长期划分为: 开始生长期、加速生长期、显著生长期和生长定期 4 个时期(简作 1、2、3、4 期)。参照张晓龙方法^[7], 将粒重划分为籽粒形成期、加速灌浆期、显著灌浆期和成熟期 4 个时期(也简作 1、2、3、4 期)。各期之间的分界点均根据正态理论, 1 期与 2 期以 $\hat{y} = 0.159K$, 即生长曲线由缓慢上升变为直线上升的转折点为界; 2 期与 3 期以 $\hat{y} = 0.5K$, 即生长中点为界; 3 期与 4 期以 $\hat{y} = 0.841K$, 即曲线由直线上升变为缓慢升高的转折点为界。

2 结果与分析

2.1 不同时期各性状的基因效应

根据前述生长时期的划分结果, 分别计算各个群体不同时期的净增量及其相应方差。并按世代平均值分析法, 先以三参模型求得各类基因效应及其相应平方和。对其中离差显著的, 则进一步按六参模型估算各类基因效应(表 1)。

结果表明, 株高、单株叶数和千粒重等性状在各组合中的基因效应, 随生长时期的不同有明显差异。不仅表现为基因效应的作用方向(符号)和量值大小不同, 而且遗传模型也有变化。

对于株高, 组合 A、C 各除一个生长时期符合三参遗传模型外, 其余符合六参遗传模型, 上位型效应起着重要作用; 而组合 B 只有一个生长时期符合六参模型, 其余三个生长时期则符合三参模型, 加性-显性效应在该组合株高的建成过程中起着决定性作用。对于终结性状, 组合 A 符合三参模型, B、C 则符合六参模型。

对于单株叶数, 组合 A 的各期净生长量符合三参模型, 而组合 B、C 各有两个生长期符合三参模型, 其他两个生长期符合六参模型, 表明基因间上位性效应在这两个组合的叶片建成中起着一定的作用; 而从终结性状看, 三个组合均符合三参模型。

对于千粒重, 除组合 B 的第一生长期符合六参遗传模型外, 其余均符合三参模型。从终结性状看, 则均符合三参模型。表明在粒重的性状建成中, 上位性效应的作用比较微弱。

以各类基因效应的方向和显著性频率为依据, 可以进一步看到, 对于株高, 组合 A 以正向

表 2 各类基因效应对总遗传变异的贡献(%)

组合	变异来源	株高				单株叶数				千粒重				终结性性状					
		1	2	3	4	平均	终结性性状	1	2	3	4	平均							
A	a	61.7	26.1	70.7	42.5	50.3	93.1	31.4	15.6	51.7	9.4	27.0	47.4	92.8	64.3	48.5	62.7	67.1	81.5
	d	0.2	38.3	0.3	0.6	9.8	2.6	8.1	78.3	46.8	50.8	46.0	23.3	0.3	23.1	1.1	2.9	6.9	4.0
	离差	38.1	35.6	29.0	56.9	39.9	4.3	60.5	6.1	1.5	39.8	27.0	29.3	6.9	12.6	50.4	34.5	26.1	14.6
B	a	37.0	3.6	71.5	67.7	45.0	91.0	11.5	70.1	8.7	32.4	30.7	27.0	43.4	11.6	46.8	55.8	39.4	39.0
	d	54.9	69.1	5.8	9.6	34.9	1.6	49.0	8.2	65.6	36.9	39.9	60.1	14.9	48.4	2.8	10.5	29.2	35.1
	离差	8.0	27.3	22.7	22.8	20.2	7.4	39.5	21.7	25.7	30.7	29.4	12.9	41.8	40.0	50.5	33.7	41.5	25.9
C	a	3.6	45.8	21.6	4.6	18.9	12.1	34.5	16.8	10.8	18.5	20.2	64.0	48.3	66.3	63.3	32.6	52.6	74.1
	d	65.7	4.7	11.5	52.1	33.5	21.8	41.3	42.9	33.4	22.9	35.1	1.0	6.8	0.1	26.8	60.2	23.5	23.9
	离差	30.7	49.5	66.9	43.3	47.6	66.1	24.2	40.3	55.7	38.6	44.7	35.0	44.9	33.6	9.9	7.2	23.9	2.0
平均	a	34.1	25.2	54.6	38.3	38.0	65.4	25.8	34.2	23.7	20.1	26.0	46.1	61.5	47.4	52.9	50.4	53.0	64.9
	d	40.3	37.4	5.9	20.8	26.1	8.6	32.8	43.1	48.6	36.9	40.4	28.1	7.3	23.9	10.2	24.5	16.5	21.0
	离差	25.6	37.4	39.5	41.0	35.9	26.0	41.4	22.7	27.7	43.0	33.7	25.7	31.2	28.7	36.9	25.1	30.5	14.2

加性基因效应和负向上位性效应为主;组合 B、C 则以负向加性效应和负向显性效应为主,各类上位性效应也起一定作用。从终结性性状看,A 以正向加性效应为主,与各个生长时期反应出来的情况一致;B、C 则以负向加性效应和负向显性效应和正向显性×显性效应同时起作用,与各个生长时期反应出来的情况也基本一致。对于单株叶数,各组合不同生长时期则以正向加性效应和不同方向的显性效应起重要作用,各类上位性效应亦起一定作用;从终结性性状看,则以正向加性和负向显性效应起决定性作用。对于千粒重,不同生长时期的加性效应比显性效应更为重要,而基因效应的方向则随组合和生长时期而变化,终结性性状反应出来的情况也如此。

2.2 不同时期各类基因效应对总遗传变异的贡献

采用回归程序对世代平均值的平方和分割,估算各性状中每一生长时期各类基因效应占该期总遗传变异的比重(表 2)。结果表明,虽然各类基因效应所起作用的大小随组合和生长时期而异,但总的趋势是:①株高的加性效应和显性效应对总遗传变异的贡献互相消长,但平均加性效应的贡献大于显性效应。离差的贡献随着生长时期的推移而逐步增加,由 1 期的 25.6%增加到 4 期的 41%,平均约占总变异的 1/3,

是一个不容忽视的成份。但从终结性状看, A、B 两组合均以加性效应占绝对优势, 对总遗传变异的贡献达 90% 以上, 而组合 C 的离差则占到总遗传变异的 2/3。②对于单株叶数, 各期加性效应的贡献平均占总遗传变异的 26%, 显性效应平均占 40.4%, 离差占 33.70%。从终结性状看, 加性效应所占的比重较大, 占到总遗传变异的 46.1%, 显性效应次之, 占 28.1%, 离差占 25.7%。③对于粒重, 各期加性效应贡献平均为 53.02%, 显性效应的贡献平均为 16.49%, 离差占 30.49%。从终结性状看, 加性效应的贡献为 64.9%, 显性效应的贡献为 21%, 离差的贡献为 14.16%。

通过从不同生长时期获得的信息与从终结性状获得的信息相比较, 可以看到, 终结性状的加性效应对总遗传变异的贡献要比各个生长时期加性效应的贡献大, 而终结性状离差的贡献则比各个生长时期离差的贡献小。

上述分析与根据各类基因效应及其显著性频率所得结论总趋势相同, 提供了与之互为补充的遗传信息。

2.3 不同生长时期的基因效应与终结性状基因效应的关系

每一性状不同时期各类基因效应间的相关系数均未达到显著水平, 表明各时期的基因作用是互相独立的。

由于世代平均值分析法本身为一线性可加模型, 每一性状 4 个生长时期净增量基因效应的累加值最终基本上与终结性状的基因效应值趋同(表 1)。但是, 由于数量性状在不同生长时期可能由不同的基因或基因组控制, 造成不同生长时期基因效应的大小和符号不同, 将各个生长时期平均净增量的基因效应值相加就使正负基因效应相互抵消, 而使终结性状剖分的基因效应不能充分反映数量性状的微效多基因体系在生长过程中的真实作用方式。因此采用分段式研究方法能更确切地反映数量性状建成中各生长时期基因作用方式与量值变化的客观规律。

3 讨论

通过本项试验结果可以看出, 遗传模型及其各类基因效应的估值大小和方向不仅随生长时期的不同而变化, 也随各组合双亲的不同而异。这一情况是由生物群体的遗传结构决定的。因为不同亲本的遗传基础不同, 控制不同生长阶段的基因或基因组不同, 杂交后代的群体基因频率、基因的平均效应和基因型值都可能彼此不同。

本项研究结果, 其终结性状的基因效应与前人研究结果基本一致^[2,3]。但通过对各个性状不同生长时期基因效应研究, 表明在性状建成的过程中, 不同时期基因作用的方向和程度以及遗传模型都有变化, 这与在玉米上的研究结果相一致^[6]。因此在数量性状建成中, 似乎不同生长时期基因作用的这种变化是普遍存在的。若如此, 以终结性状为研究对象就难以充分反映这一变化, 而从动态角度, 深入研究小麦数量性状的微效多基因体系在性状建成中的作用规律, 必将有助于育种实践中准确把握亲本选配和后代选择过程, 提高育种效果。

鸣谢: 文稿承蒙孙善澄先生审阅并提出宝贵意见, 谨致谢意。

参 考 文 献

1 庄巧生, 王恒立主编. 小麦育种理论与实践的进展. 北京: 科学技术普及出版社, 1987: 125~139

- 2 郭平仲,等. 小麦群体的基因效应与杂种优势. 作物学报, 1989, 15(1): 11~20
- 3 郭平仲,等. 世代平均值分析的多元回归程序. 作物学报, 1985, 11(4): 217~221
- 4 腰原英利著,敖光明译. 发育与基因. 北京: 科学出版社, 1984: 125~133
- 5 吴国海. 玉米几个数量性状在不同生育阶段的基因效应分析. 遗传学报, 1987, 14(5): 363~369
- 6 诸德辉. 小麦的生长与促控. 北京农业科学, 1985(增刊): 45~48
- 7 张晓龙. 小麦品种籽粒灌浆研究. 作物学报, 1982, 8(2): 87~92

Gene Effect Analyses of Three Quantitative Characters at Different Growing Stage in Wheat

Bai Yunfeng

(Crop Genetics Research Institute, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Taiyuan 030031)

Li Xiling Ren Yinhan Li Guanjian

(Institute of Economic Crops, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Fenyang 032200)

Abstract The experimental materials included 3 crosses from 6 parents of wheat. Generation mean analysis method was used to study gene effect of plant height, leaf number per plant and 1000-grain weight at different growing stages. Algebraic symbol and significance of the gene effect, and genetic model for each character showed distinct changes with its growing stage and its parents of the cross, which were considered as the result of actions of different gene loci at each stage and the genetic structure of the population derived from different parents. The additive-dominance model fitted to the inheritance of 1000-grain weight, but epistatic effects were present in the inheritance of plant height and leaf number per plant.

Key words: Wheat; Growing stage; Gene effect

《作物品种资源》(季刊)简介

《作物品种资源》是中国农业科学院作物品种资源研究所与中国农学会遗传资源分会联合主办的专业刊物,报道作物品种资源收集、保存、评价、引种和研究方法等著述;介绍我国丰富多采的作物品种资源、可供作物育种和农业生产利用的优异资源以及国外有关研究的信息。本刊辟有一定篇幅刊登各地名特优稀资源,可供农村广大基层科技人员、科技专业户充分利用。

《作物品种资源》创刊于1982年,是目前我国唯一的作物品种资源专业期刊,拥有相当稳定的读者群,在国内外有关学术领域有一定影响,曾获1990年度全国优秀农业专业技术期刊奖、1992年北京优秀科技期刊四通奖全优期刊奖、1996年全国农口学会优秀期刊奖,是全国中文核心期刊之一。所刊文章被国外20多种检索期刊大量摘引。季刊,16开56页,邮发代号82-132,每期定价2.50元,全年10元。全国各地邮局均可订阅。