

# 冬小麦子粒品质性状多目标 间接选择数学模型初探\*

范 濂 崔党群 范 平

(河南农业大学, 郑州 450002)

**摘 要** 利用56个冬小麦品种(系), 采用双重逐步回归的方法, 建立了冬小麦子粒品质性状多目标间接选择数学模型。结果表明, 适当增加株高和单株穗数, 可同时提高单株子粒蛋白质产量与含量及干面筋含量; 而增加单株子粒产量可以提高单株子粒蛋白质产量, 但降低子粒蛋白质含量和干面筋含量; 千粒重每增加1.0g, 沉淀值减少0.07791ml; 湿面筋含量随株高增加而增高, 随结实小穗数增加而降低。

**关键词** 冬小麦 品质性状 逐步回归 间接选择

改良小麦子粒品质, 培育高产、优质小麦新品种, 以满足我国人民物质生活水平提高和食物构成变化的需要已成, 为我国农业生产发展的客观要求。培育作物新品种需要进行多个世代选择。通过实验室测试, 对品质性状进行选择, 虽然准确可靠, 但费时、费力、耗资大, 且在早代的单株选择中, 因单株子粒数量有限, 难以满足品质测定和继续种植的双重需要。在早代对子粒品质性状进行直接选择颇为困难, 而利用品质性状与农艺性状的相关性, 对品质性状进行间接选择不失为一有效途径。小麦的品质性状较多, 不同的品质性状具有不同的营养和加工意义, 并控制着制成品的不同商品质量。由于性状间相关的复杂性, 仅以相关性为依据进行间接选择必然带有不确定性, 往往顾此失彼。有鉴于此, 本文试图利用双重逐步回归方法, 建立小麦子粒品质性状多目标间接选择数学模型, 探索优质小麦新品种选育中后代选择新途径。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验处理

试验于1986~1987年度在河南农业大学农业试验站进行。1986年选用陕农7859、徐州21、偃师9号等56个品种(系)秋播。随机区组设计, 3次重复, 3行区, 行长2 m, 行距0.23 m, 株距0.1 m。田间管理与一般试验田相同。翌年收获时, 选每小区中间1行避开两端和缺苗处, 随机连续拔取10株, 室内考查株高( $x_1$ )、颈长( $x_2$ )、穗长( $x_3$ )、结实小穗数( $x_4$ )、穗密度( $x_5$ )、单株穗数( $x_6$ )、穗粒数( $x_7$ )、千粒重( $x_8$ )和单株子粒产量( $x_9$ )等9个农艺性状, 并测定单株蛋白质产量( $Y_1$ )、蛋白质含量( $Y_2$ )、沉淀值( $Y_3$ )、湿面筋含量( $Y_4$ )和干面筋含量( $Y_5$ )。蛋白质含量按GB2905-82标准方法测定,

1992-04-03收稿。

\* 本文系河南省自然科学基金资助项目“小麦品质性状的遗传规律和选择效果的研究”的一部分。

以湿基表示；沉淀值按AACC56-63法测定；面筋含量按AACC38-10法测定。

## 1.2 计算方法

双重逐步回归以品质性状为因变量，农艺性状为自变量，按下列步骤进行。

1.2.1 计算相关矩阵  $R = \begin{pmatrix} R_{XX} & R_{XY} \\ R_{YX} & R_{YY} \end{pmatrix}$ ，式中， $R_{XX}$ 为农艺性状相关子阵。 $R_{XY} = R_{YX}$ 为农艺性状与品质性状相关子阵， $R_{YY}$ 为品质性状相关子阵。

$$\text{令 } S_1^0 = S_2^0 = R \quad S^0 = R_{YY}$$

1.2.2 首先选入一个因变量  $Y_j$

$\max |r_{ij}, m+j|$  ( $i = 1, 2, \dots, m; j = 1, 2, \dots, p; m$ 为自变量个数； $p$ 为因变量个数) 所对应的因变量即为  $Y_j$ 。

对相关阵  $S^0$  和  $S_2^0$  作消法变换  $S^0 \xrightarrow{T_{tt}} S'$ 、 $S_2^0 \xrightarrow{T_{m+t, m+t}} S_2'$ ，这里  $t = j$ 。消法变换的公式如下：

$$r_{ij}(k+1) = \begin{cases} 1/r_{tt}(k) & (i=t, j=t) \\ r_{tj}(k)/r_{tt}(k) & (i=t, j \neq t) \\ -r_{it}(k)/r_{tt}(k) & (i \neq t, j=t) \\ r_{ij}(k) - r_{it}(k)r_{tj}(k)/r_{tt}(k) & (i \neq t, j \neq t) \end{cases}$$

## 1.2.3 筛选自变量

(1) 引入自变量 ① 计算  $u_{2i}$ 。  $u_{2i} = 1 - S_2^k(i, i) / S_1^k(i, i)$ 。这里  $i = 1, 2, \dots, m_1$ ， $k$  为到计算时所进行的消法变换次数。

$$\text{令 } u_{2i} = \max |u_{2i}|$$

② 计算  $F_{2i}$ 。  $F_{2i} = \frac{n - m_1 - p_1 - 1}{p_1} \cdot \frac{u_{2i}}{1 - u_{2i}}$ 。这里  $n$  为样本容量， $m_1$  为已引入自变量个数， $p_1$  为已引入因变量个数。

若  $F_{2i} > F_{\alpha}$ ， $p, n-p$  时，则引入  $u_{2i}$  所对应的自变量  $x_i$ ，并作消法变换  $S_1^k \xrightarrow{T_{tt}} S_1^{k+1}$ ， $S_2^k \xrightarrow{T_{tt}} S_2^{k+1}$ ，这里  $t = i$ 。如果这是引入的第1个自变量，可继续进行第2个自变量的引入，否则应对在此之前引入的自变量重新进行  $F$  测验，确定剔除与否。

若  $F_{2i} < F_{\alpha}$ ， $p, n-p$  时，不能引入  $u_{2i}$  所对应的自变量，筛选自变量到此结束，转向因变量的筛选。

(2) 剔除自变量 ① 计算  $u_{1i}$ ，方法同前。令  $u_{1i} = \min |u_{1i}|$

$$\text{② 计算 } F_{1i} = \frac{n - m_1 - p_1}{p_1} (-u_{1i})$$

若  $F_{1i} < F_{\alpha}$ ， $p, n-p$ ，将  $u_{1i}$  所对应的自变量剔除，并作变换  $S_1^k \xrightarrow{T_{tt}} S_1^{k+1}$ 、 $S_2^k \xrightarrow{T_{tt}} S_2^{k+1}$ ，而后再对余下的已入选自变量进行  $F$  测验，确定剔除与否，直到没有已入选自变量可剔除，即  $F_{1i} > F_{\alpha}$ ， $p, n-p$ ，再继续引入新自变量。

## 1.2.4 筛选因变量

(1) 引入因变量 ① 计算  $u_j^*$ ， $u_j^* = 1 - S_2^h(m+j, m+j) / S_1^h(i, i)$ ，这里  $j = 1, 2, \dots, p_2$

令  $u_{2j}^* = \max |u_j|$

$$\textcircled{2} \text{ 计算 } F_{2j}^* = \frac{n-m_1-p_1-1}{m_1} \cdot \frac{u_{2j}^*}{1-u_{2j}^*}$$

若  $F_{2j}^* > F_\alpha$ ,  $m_1, n-m_1$ , 引入  $u_{2j}^*$  所对应的因变量  $Y_i$ , 并作消法变换  $S^k \xrightarrow{T_{t,t}} S^{k+1}$ ,  $S_2^k \xrightarrow{T_{m+t, m+t}} S_2^{k+1}$ , 这里  $t = j$ 。然后对在此之前已引入的因变量重新进行  $F$  测验, 确定剔除与否。

若  $F_{2j}^* < F_\alpha$ ,  $m_1, n-m_1$ , 不能引入  $u_{2j}^*$  所对应的因变量, 筛选因变量到此结束, 转向回归方程组的建立。

(2) 剔除因变量 ① 计算  $u_{1j}^*$ , 方法同上。令  $u_{1j}^* = \min |u_j|$ 。

$$\textcircled{2} \text{ 计算 } F_{1j}^* = \frac{n-m_1-p_1}{m_1} \cdot (-u_{1j}^*)$$

若  $F_{1j}^* < F_\alpha$ ,  $m_1, n-m_1$ , 则剔除  $u_{1j}^*$  所对应的因变量, 并作消法变换  $S^k \xrightarrow{T_{t,t}} S^{k+1}$ ,  $S_2^k \xrightarrow{T_{m+i, m+i}} S_2^{k+1}$ , 这里  $t = j$ 。而后对余下的已入选自变量进行  $F$  测验, 确定剔除与否, 直到没有已入选的自变量可剔除, 即  $F_{1j}^* > F_\alpha$ ,  $m_1, n-m_1$ , 再继续引入新的因变量。

1.2.5 建立回归方程组 对已入选的因变量建立的第一组回归方程, 其标准偏回归系数  $b_{ij}'$ ,  $m+j$  ( $i$  为第  $i$  个自变量,  $j$  为第  $j$  个因变量) 为  $S_1^k$  中的对应元素。然后将其转换为偏回归系数, 写出回归方程。再从  $R$  矩阵中删去已入选因变量所对应列, 按上述步骤, 即可得到第二组回归方程。余类推, 直到所有因变量都建立起回归方程。

## 2 结果与分析

根据试验结果计算的相关系数如附表。以品质性状为因变量, 农艺性状为自变量进行双重逐步回归建立的第一组回归方程为:

$$Y_1 = 0.52050 + 0.00590x_1 + 0.01594x_6 + 0.04236x_9$$

$$Y_2 = 9.29801 + 0.04632x_1 + 0.01687x_6 - 0.20945x_9$$

$$Y_3 = 6.76227 + 0.06453x_1 + 0.13652x_6 - 0.15552x_9$$

这一组回归方程的 3 个因变量依次分别为单株蛋白质产量、蛋白质含量和干面筋含量。因为面筋的主要成分也是蛋白质, 可见这一组回归方程的因变量即目标性状都是与蛋白质有关的性状。从附表中也可看出, 这 3 个性状间的简单相关系数均达显著水平。它们一起入选是其内在联系的反映。利用入选的 3 个自变量即农艺性状进行间接选择, 可同时改良 3 个品质目标性状, 而不致有所偏废。从这组回归方程还可看出, 适当增加株高 ( $x_1$ ) 和单株穗数 ( $x_6$ ) 都能提高单株蛋白质产量、蛋白质含量和干面筋含量。这可能是由于植株高, 生长势旺, 从土壤吸收氮总量相对多, 而茎、叶、根含氮量一般很低, 而导致子粒蛋白质含量和单株蛋白质产量以及与此有关的干面筋含量增加。蛋白质含量、单株蛋白质产量和干面筋含量随单株穗数 ( $x_6$ ) 的增加而增加, 可能与单株穗数多的品种多为冬性较强的品种有关, 因为



99%以上。

根据以上所建立的三组共5个品质性状的最优回归方程不难看出,欲改良单株蛋白质产量等5个品质目标性状,可利用株高、单株穗数、单株子粒产量、千粒重、结实小穗数等5个性状对其进行间接选择,而不必直接测定这些品质性状进行直接选择;若以改良小麦的营养品质为主,也可只利用株高、单株穗数、单株子粒产量,根据建立的第一组方程对后代进行间接选择。同时,由于这是把所有品质性状和农艺性状放在同一整体中建立的模型,因而可以达到均衡改良这几个品质性状的目的。

### 3 讨论

在研究多个品质性状与多个农艺性状的回归关系时,双重逐步回归较逐步回归更为合适。因为逐步回归是建立在几个因变量彼此无关的基础上的,但处于同一事物中的几个因变量常常存在着一定程度的相关性。因此用逐步回归有一定的局限性,而使用双重逐步回归建立的数学模型可能更符合实际。因为这既考虑了自变量同因变量的关系,也考虑了各个因变量彼此间的联系。

试验结果表明,利用双重逐步回归建立的品质性状多目标间接选择数学模型,对优质小麦新品种的选育具有一定的指导意义。一方面启示育种工作者可通过少数农艺性状对品质性状进行间接选择,克服育种早代单株种子量少、难以测定品质和直接选择的困难;另一方面还可节省大量的人力和费用开支,提高优质小麦品种选育效果。

由于作物不同品种对地域、气象等生态因子的互作不同,因而不同地力水平、不同年份小麦各性状的表现可能出现较大差异,甚至在较大程度上改变性状间的相关性。所以这种多目标间接选择数学模型应视育种试验地生态条件不同而分别建立,以便不受生态条件的干扰,同时也应该不断积累资料,充实已有模型,使其逐渐成为适用性较广的通用模型。

### 参 考 文 献

- 1 张尧庭,方开泰.双重筛选多元逐步回归.应用数学学报,1980,3(2):161~165
- 2 张尧庭,方开泰.双重筛选的算法和依据.数学的实践与认识.1986,4:60~70
- 3 庄巧生,王恒立.小麦育种的理论与实践的进展.北京:科学普及出版社,1987,519~528

## The Mathematical Model of Indirect Selection for Multi-objective on Grain Quality Characters in Wheat

Fan Lian    Cui Dangqun    Fan Ping

(*Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002*)

**Abstract** The mathematical model of indirect selection for multi-objective on grain quality characters in wheat was studied by adopting double stepwise regression with 56 wheat varieties. The model showed that the grain protein yield per plant, grain protein content and dry gluten content might be raised through increasing plant height and ear number per plant. The protein yield per plant might be raised and the grain protein content and dry gluten content might be reduced through increasing grain yield. When 1000-kernel weight raised by 1.0g, sedimentation value reduced by 0.07791ml. Wet gluten content can raise with increase of plant height and can reduce with decrease of fertile spikelets per ear.

**Key words:** Wheat, Grain quality characters, Stepwise regression, Indirect selection