

# 黄淮夏大豆形态性状的遗传研究

贺春林\* 薛应离

(河南省农业科学院经济作物研究所, 郑州 450002)

## 摘 要

本文以黄淮地区 6 个夏大豆品种(系)通过双列杂交保留下来的 $F_3$ 代材料, 研究大豆 6 个形态性状的遗传特性。结果表明, 株高、有效分枝数、主茎节数、主茎荚丛数和茎粗 5 个性状均符合加性—显性模型, 而底荚高则存在非等位基因之间的互作效应。株高、有效分枝数、主茎节数和主茎荚丛数为部分显性, 茎粗存在超显性现象。主茎节数和主茎荚丛数可能有相似的遗传特点。豫豆 8 号大豆带有较多的控制株高的显性基因, 油 84-30 大豆带有较多的控制分枝和茎粗的显性基因, 而尖顶大白角大豆控制主茎节数和荚丛数的显性基因较多。

**关键词** 大豆 形态性状 遗传特性

在大豆育种中, 对形态性状的考察极为重要。目前, 国内外对大豆产量性状遗传特性的研究有一些报道〔1,2,3,4〕, 而对形态性状研究的报道很少。本研究针对黄淮夏大豆品种(系)形态性状进行多基因体系遗传特性的研究, 旨在为本地区的大豆育种提供遗传信息。

## 材料与方 法

本研究所用材料为豫豆 2 号、豫豆 8 号、油 84-30、尖顶大白角、通许小籽黄和油 82-10 等 6 个黄淮地区夏大豆品种通过  $1/2 P(P+1)$  的双列杂交保留下来的 $F_3$ 代材料。包括 15 个组合和 6 个亲本。试验于 1988 年在河南省农科院进行, 田间按随机区组排列, 3 次重复, 5 行区, 行长 4 m, 行距 0.4 m, 株距 0.13 m, 每行 30 株。成熟后各小区在中间 3 行随机取 20 株考种, 余下的收获计产。考察了株高、底荚高、有效分枝数、主茎节数、主茎荚丛数和茎粗 6 个形态性状。

进行遗传分析时, 首先对各性状数据进行基因型方差分析, 然后采用 Hayman (1954~1960)〔5,6,7,9〕及 Jinks (1956)〔8〕的方法进行遗传分析。

## 结果与讨论

### 一、模型检验

根据同一亲本后代的阵列方差 $V_r$ 和亲本与同一亲本后代的协方差 $W_r$ , 求出其直线回归系数 $b$ , 并进行显著性检验(表1)。结果表明, 株高、有效分枝数、主茎节数、主茎荚丛数及茎粗5个性状的回归系数 $b$ 与0的差异显著或极显著, 而与1的差异不显著, 可能不存在非等位基因间的互作效应。而底荚高的回归系数 $b$ 与0 ( $P=0.10$ ) 和1 ( $P=0.05$ ) 的差异都显著, 可能是由于某些亲本中存在上位性等因素造成的。

表1  $W_r/V_r$ 回归系数的显著性检验

性 状	$W_r/V_r$ 回 归 系 数		
	$b$	与0的差异	与1的差异
株 高(cm)	0.7641	**	NS
底荚高 (cm)	0.3514	$\Delta$	*
有效分枝数	0.6679	*	NS
主茎节数	0.7814	**	NS
主茎荚丛数	0.7688	**	NS
茎 粗(mm)	0.7063	*	NS

注:  $\Delta$ 、\*和\*\*分别表示在0.10、0.05和0.01水平上显著, NS表示不显著。

从 $W_r + V_r$ 与 $W_r - V_r$ 的方差分析结果(表2)可知, 株高、有效分枝数、主茎节数、主茎荚丛数和茎粗5个性状阵列的 $W_r + V_r$ 差异显著或极显著, 而 $W_r - V_r$ 呈同质性。这进一步说明基因的加性—显性模型对这5个性状是非常合适的。而底荚高的 $W_r + V_r$ 与 $W_r - V_r$ 都显著, 表明加性—显性模型不能解释底荚高的遗传, 而是存在非等位基因之间的相互作用。这与表1的分析结果相吻合。

表2  $W_r + V_r$ 和 $W_r - V_r$ 方差分析

性 状	$W_r + V_r$	$W_r - V_r$
株 高 (cm)	15241.70**	734.96
底 荚 高 (cm)	251.58*	98.14*
有效分枝数	0.48*	0.22
主茎节数	4.89**	0.54
主茎荚丛数	2.73*	0.36
茎 粗 (mm)	0.05*	0.01

注: \*和\*\*分别表示0.05和0.01水平的显著性。

### 二、遗传特性的图解分析

分别绘出符合加性—显性模型株高、有效分枝数、主茎节数、主茎荚丛数和茎粗5个性状的 $W_r/V_r$ 回归图(见图-a~e)。在加性—显性模型中, 如果存在着真实显性, $W_r$ 与 $V_r$ 的

回归线应是一条通过抛物线  $Wr = \sqrt{V_{olo} \cdot Vr}$  的内侧、斜率 ( $b$ ) 为 1 的直线 (式中  $V_{olo}$  为各亲本的方差), 回归截距 ( $a$ ) 反映了显性程度, 沿回归线排列的亲本坐标到原点的距离反映了该亲本所含显、隐性基因的相对多少。

1. 株高 从图-a 可以看出, 株高的回归截距  $a > 0$ , 说明为部分显性。阵列点 2 距离原点最近, 表明亲本 2 含最多的显性基因, 而亲本 6 则含最多的隐性基因, 其它阵列点在 2 和 6 之间, 它们与原点距离的远近代表着该亲本所含显性基因多寡的顺序。

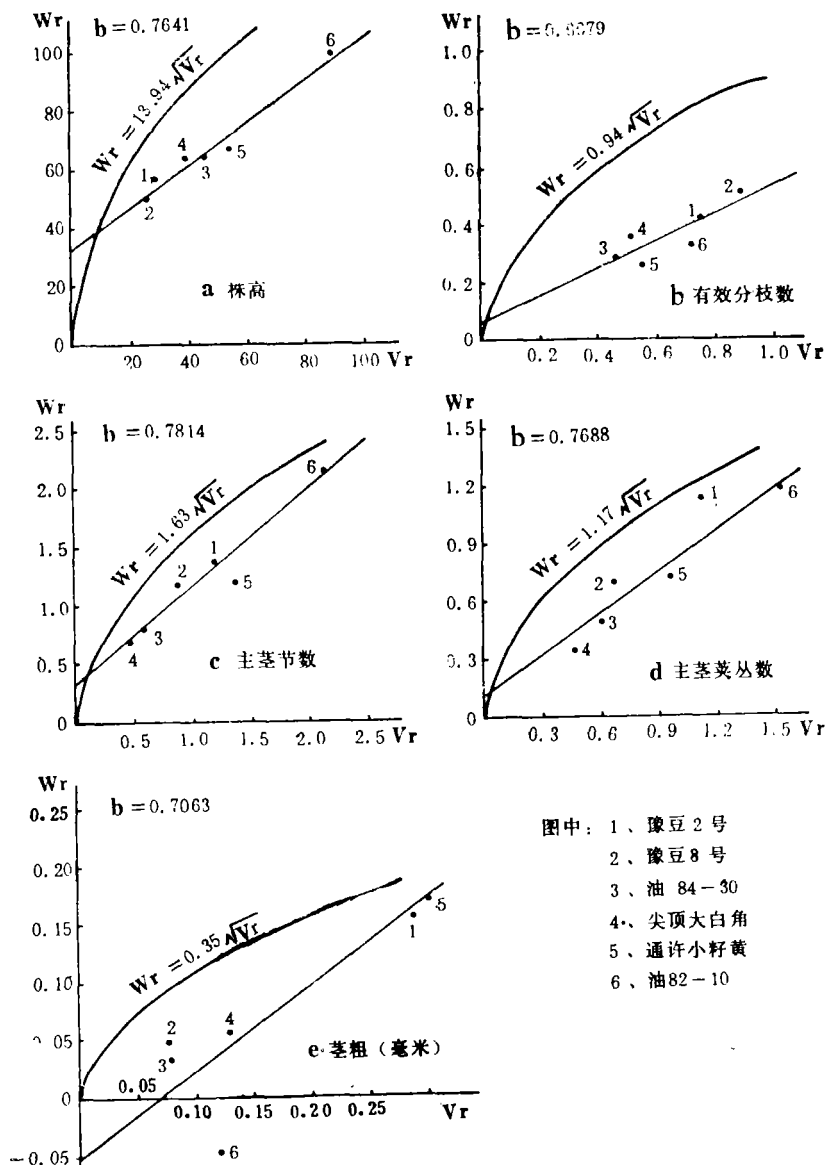


图 大豆各形态性状的  $Wr/Vr$  回归图

同时,株高的 $W_r+V_r$ 与其相应亲本值的相关较为密切( $r=-0.6173$ ),说明虽然正、负向显性基因同时作用,但仍以正向显性为主,即显性为增效,隐性为减效。因此,如用含隐性基因最多的品种6做杂交亲本,则有利于育成与玉米间作的矮秆型品种。

2. 有效分枝数 从图-b可知,有效分枝数的回归截距 $a>0$ ,表明为部分显性。亲本3含最多的显性基因,亲本2含最多的隐性基因,其它亲本点均在这两者之间。此外,有效分枝数与 $W_r+V_r$ 值也成显著的负相关( $r=-0.7341^*$ ),表明显性增效。所以,要育成分枝型的品种,可考虑用品种3做为杂交亲本。

3. 主茎节数和主茎荚丛数 在主茎节数和主茎荚丛数的 $W_r/V_r$ 回归图(图-c、d)中,其回归截距( $a$ )均大于0,说明为部分显性。并且,这两个性状具有相似的阵列点分布,暗示着各供试亲本的主茎节数和主茎荚丛数有相似的遗传特点。同时,控制这两个性状遗传的显性基因在亲本4中最多,亲本3次之,而在亲本6中最少。此外, $W_r+V_r$ 与阵列共同亲本的相关系数,主茎节数为 $-0.2788$ ,主茎荚丛数为 $-0.0593$ ,均不显著。因此,这两个性状中的正向显性基因和负向显性基因都不可忽视。

4. 茎粗 在茎粗的 $W_r/V_r$ 图解(图-e)中,回归截距 $a<0$ ,表明具有超显性效应。亲本2和3带有较多的控制茎粗遗传的显性基因,亲本5最少。然而, $W_r+V_r$ 与所在阵列公共亲本值的相关系数为负值( $r=-0.6149$ ),表明了显性增效和隐性减效。因此,用亲本2和3配杂交组合,有利于获得茎秆粗壮的类型,而用亲本5则不利于茎粗品系的选育。事实上,亲本5(通许小籽黄)的主茎很细,田间也容易倒伏。

## 小 结

通过对供试亲本形态性状的模型检验,株高、有效分枝数、主茎节数、主茎荚丛数和茎粗5个性状均属加性—显性模型,底荚高存在非等位基因之间的互作。

株高、有效分枝数、主茎节数和主茎荚丛数表现部分显性,茎粗存在超显性现象。油82—10大豆适合于做选育矮秆型品种的杂交亲本,而油84—30、尖顶大白角大豆分别对选育分枝型、单秆型的品种具有一定的利用价值。

## 参 考 文 献

- [1] 周丰镇:大豆主要农艺性状遗传的双列杂交图解分析,《大豆科学》,7(2)1983:97—102
- [2] 陈恒鹤:大豆主要农艺性状遗传的基因效应分析,《大豆科学》,3(2)1984:91—98
- [3] 贺春林等:黄淮夏大豆亲本经济性状的遗传研究. II.  $F_1$ 、 $F_2$ 代的Hayman遗传分析,《大豆育种应用基础和技术研究进展》,江苏科学技术出版社,1990:116—123
- [4] Kaw, R.N. and P.M. Menon: Diallel Analysis in Soybean, Indian J. Agric. Sci., 53 (2) 1983:991—997
- [5] Hayman, B.I.: The Theory and Analysis of Diallel Cross, Genetics, 1954 (39): 789—309
- [6] Hayman, B.I.: The Theory and Analysis of Diallel Crosses II, Genetics, 1958 (43): 68—85

- [ 7 ] Hayman, B.I.: Theory and Analysis of Diallel Crosses. III, Genetics, 1960(45): 155—172
- [ 8 ] Jinks, J.L.: The F<sub>2</sub> and Backcross Generations from A Set of Diallel Crosses, Heredity, 1956 (10): 1—30
- [ 9 ] Hayman, B.I.: Interaction, Heterosis and Diallel Crosses, Genetics, 1957 (42) : 336—355

## Genetic Study on Morphological Characters of Soybean in Huang—Huai Valleys

He Chunlin      Xue Yingli

(Industrial Crop Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences,  
Zhengzhou 450002)

### Abstract

In this paper F<sub>2</sub> data of diallel crosses of 6 soybean varieties in Huang-huai Valleys were used to study genetic property for 6 morphological characters. The results showed that a simple additive-dominance model was suitable for plant height, number of podding branches, number of nodes and clusters on the main stem and stem diameter; while interaction effect among non-allelic genes existed in the heights of lower pod. Plant height, number of podding branches, number of nodes and clusters on the main stem showed partial dominance, and overdominance existed in stem diameter. Number of nodes and clusters on the main stem demonstrated similar genetic properties. Yudou 8 had dominant genes to control plant height, Oil 84-30 had those ones to control number of podding branches and stem diameter and Jianding Dabaijiao had the dominant genes to control number of nodes and clusters on the main stem.

**Key words:** Soybean; Morphological character; Genetic property