

冬小麦亲本间数量性状遗传 距离及其聚类研究

郭瑞林* 宋长江

(河南省安阳农业科学研究所, 安阳 455000)

摘 要

在主成份分析的基础上, 测定了39个小麦亲本的遗传距离, 并采用最短距离法, 对它们进行了分类。结果表明, 将所研究的亲本分成10个类群较为合理, 在配制杂交组合过程中, 除考虑亲本其它选配原则外, 要尽量在类群间 (遗传距离 $D \geq \overline{D} = 7.20$) 选择亲本。研究还提出了综合评价亲本的主成份指标。据此, 从39个小麦亲本中筛选出综合表现较好的亲本19个。

关键词 小麦 遗传距离 主成份分析 聚类分析

亲本选配是作物杂交育种成败的关键。多年来, 国内外育种理论与实践工作者, 在亲本选配方面积累了比较丰富的经验, 其中最重要的一条就是双亲的遗传差异要大。而要了解杂交亲本的遗传差异, 仅依各性状表现型显然很难作出定论。针对这种情况, 刘来福 (1979) 在国内首先引述了遗传距离的概念。近年来这一概念在小麦、水稻杂交育种的亲本选配上已有应用, 并收到一定效果。于是, 我们开展了冬小麦亲本间数量性状遗传距离及其分类的研究, 以便为小麦杂交育种合理选配亲本提供依据。

材料与方法

选用近年来安阳农科所小麦研究室从全国各地搜集到的各具特色的亲本材料39份 (见表1)。于1987~1988年度种植在试验田 (安阳市东郊), 采用随机区组排列, 3次重复, 双行区, 行长2米, 宽行0.4米, 窄行0.2米, 株距0.1米, 每区种植41株。成熟后每小区随机收获10株脱粒考种, 包括: 株高、单株穗数、主茎穗长、结实小穗、不孕小穗、穗下茎长、千粒重、穗粒数、单株产量、全生育期、抽穗期、抗寒性、抗病性 (白粉病) 共13个性状。为方便起见, 全生育期以天数表示, 抽穗期以出苗至抽穗天数表示, 抗寒性和抗病性以反应型的倒数表示。

表1 亲本代号及名称

代号	名 称	代号	名 称	代号	名 称
1	77629-52	14	Exito	27	Veery "S"
2	81285-1-2-2	15	S ₁₄	28	中引1022
3	85S-139	16	绵阳8201-2	29	中引1675
4	Clesse 4	17	安83-18	30	KS75216/Plainsman V-3
5	小花农场542	18	83(21)-35-0	31	980单株
6	881	19	9615-112	32	S ₁₃
7	4551-1-8	20	安80-49	33	西昌7767
8	7182-0-1-1/萨孟德	21	冀84-5418	34	114427
9	鹤85-1	22	安85-1	35	79(6)-2
10	鹤84-1	23	78中3780	36	CA80228
11	矮选10号	24	80(6)-50-1	37	(NPFP/凡 ₁) ^w
12	苏省-号	25	山农114753	38	1-5
13	津选5-33-2-6	26	775-1	39	TP1119

在进行一般方差分析的基础上,对经F测验达到显著水平的性状,估算其遗传方差、遗传协方差及遗传相关系数,构成遗传相关矩阵,用Jacobi法进行相似变换,换为对角矩阵,求出其特征根及特征向量,计算主成份值,并在此基础上,计算任意两个亲本间的遗传距离。最后,采用最短距离法,对各个亲本进行聚类(具体计算方法见参考文献)。全部计算过程通过IBM计算机实现。

结果与分析

一、一般方差分析

方差分析表明,39个材料间,除全生育期、抽穗期、抗寒性、抗白粉病外,其余9个性状材料间的差异均达到极显著水平(表略)。因此,应对这9个性状作进一步分析。

二、主成份分析

1. 特征根及特征向量的生物学解释

遗传相关分析表明,上述入选的9个性状的相关性普遍存在(相关分析表略),且相互影响,相互制约。为此,需将这9个因子转换为彼此独立无关的因子,故采用Jacobi法进行相似变换,求出9个特征根及相应的特征向量。再从这9个特征根中选取4个较大的特征根及相应的特征向量,使其累计百分率在85%以上(本研究达到94%)。结果如表2所示。

表2中 λ_i 的值表示各综合指标遗传方差的大小。4个主成份的贡献率分别为43%,39%,8%和4%,提供的遗传方差占整个亲本间遗传方差的94%,基本上反映了亲本间遗传方差的全貌。这样,便可把原来相互关联的9个性状综合为4个独立无关的主成份。

从表2还可以看出,第一主成份特征向量的组合系数以株高和主茎穗长两性状的值为最大,均为0.706,其它性状的组合系数都很小。说明第一主成份反映的主要是植株的形态特征,故称之为形态因子。第二主成份特征向量的组合系数以主茎穗长为最大(0.706),故称之为穗长因子。第三主成份的特征向量主要由单株穗数和单株产量提供,但穗粒数的负值绝对值较大,说明单株穗数增加,单株产量亦随之增加。当单株穗数增加到一定程度时,便

表2 入选特征根及特征向量

特 征 根	λ_1	λ_2	λ_3	λ_4	分 量 来 源
	18.057	16.052	2.996	1.573	
累计贡献率(%)	43	82	90	94	
特	0.706	-0.706	0.035	0.009	株 高
征	-0.014	0.016	0.488	-0.329	单株穗数
向	0.706	0.706	-0.031	-0.012	主茎穗长
量	0.017	-0.015	-0.382	-0.415	结实小穗数
	-0.001	0.004	0.383	-0.448	不孕小穗数
	0.050	0.018	0.151	0.048	穗下茎长
	0.010	0.012	0.116	0.646	千粒重
	0.007	-0.035	-0.500	-0.287	穗粒数
	0.014	0.024	0.425	-0.125	单株产量
主成份	形态因子	穗长因子	产量因子	粒重因子	

会受到穗粒数降低的影响和限制。由于影响该主成份的这些性状都涉及到产量,故称为产量因子。同理,第四主成份为粒重因子。

2. 亲本性状的优劣的综合评定

以表2为基础,可以估算39个亲本各主成份值(见表3)。

表3 各亲本主成份值

亲本编号	主 成 份				亲本编号	主 成 份			
	\tilde{g}_{i1}	\tilde{g}_{i2}	\tilde{g}_{i3}	\tilde{g}_{i4}		\tilde{g}_{i1}	\tilde{g}_{i2}	\tilde{g}_{i3}	\tilde{g}_{i4}
1	6.14	-1.30	-0.88	-2.16	21	5.85	-0.88	-1.26	-0.37
2	5.83	1.82	-2.43	-4.24	22	6.12	1.25	-1.55	-3.14
3	5.90	-0.69	-1.54	-3.03	23	4.12	-0.11	-1.06	-0.30
4	7.79	-1.75	-0.22	-4.04	24	5.25	0.11	-0.81	-3.34
5	4.64	-1.38	-0.32	-1.26	25	5.02	-0.37	1.03	0.89
6	6.40	-1.22	-0.70	-1.53	26	6.62	-2.52	0.21	3.33
7	4.95	-1.53	0.54	-1.00	27	11.69	-3.21	-1.06	-1.66
8	6.62	-0.57	-0.10	-0.38	28	7.61	-1.25	0.86	4.14
9	6.27	-0.14	-0.42	5.49	29	7.03	-1.36	-0.25	-3.44
10	8.68	-0.51	-0.71	0.40	30	7.24	-1.21	-0.57	-2.12
11	5.54	-0.44	-0.30	-2.93	31	6.03	0.74	-1.03	-2.32
12	6.81	-1.89	-0.16	-2.89	32	4.24	-1.47	-1.79	-3.94
13	5.07	-0.50	-0.71	-4.48	33	5.36	-1.09	-0.42	0.00
14	5.70	-0.24	-0.20	-3.78	34	7.72	-0.35	-0.83	-1.82
15	5.94	-2.37	0.27	-0.35	35	5.88	-0.64	-1.34	-3.95
16	5.49	-2.22	-1.57	-3.49	36	9.18	-3.89	3.21	2.35
17	7.34	6.60	-2.14	-2.03	37	3.97	-0.73	-2.85	-5.83
18	5.32	5.48	-1.51	-1.29	38	8.71	-2.73	-1.54	-3.97
19	6.73	7.58	-1.18	-1.44	39	5.41	-0.80	-0.60	-3.65
20	4.51	6.27	0.18	-0.89					

根据表 3 可计算出 39 个材料第一、二、三、四主成份的平均值分别为 $\tilde{g}_{i1} = 6.27$, $S_{i1} = 1.54$; $\tilde{g}_{i2} = -0.24$, $S_{i2} = 2.56$; $\tilde{g}_{i3} = -0.66$, $S_{i3} = 1.06$; $\tilde{g}_{i4} = -1.65$, $S_{i4} = 2.44$ 。为筛选出综合性状较好的材料, 规定亲本材料的 4 个主成份入选指标为: $\hat{g}_{i1} = 6.27 \pm 1.3$, $\hat{g}_{i2} \geq -0.24 - 1 = -1.24$, $\hat{g}_{i3} \geq -0.66 + 0.8 = 0.14$, $\hat{g}_{i4} = -1.65$ 。据此, 从 39 个亲本材料中筛选出综合性状较好的亲本材料共 19 个 (编号为 2、3、6、8、9、11、14、15、17、18、19、20、21、22、24、25、26、33 和 36)。

三、聚类分析

以表 3 每个亲本的四个主成份组成一个主成份向量, 两个亲本主成份向量间的几何距离, 即为这两个亲本间数量性状的遗传距离。39 个亲本可能的遗传距离 (D^2) 值共有 $P(P-1)/2 = 39 \times 38/2 = 741$ 个。据此, 采用最短距离法进行聚类, 得到聚类图 (见图)。若以 $D = 2$ 作为分类标准, 则可将亲本分成 10 个类群。各类群内与类群间的遗传距离如表 4 所示。

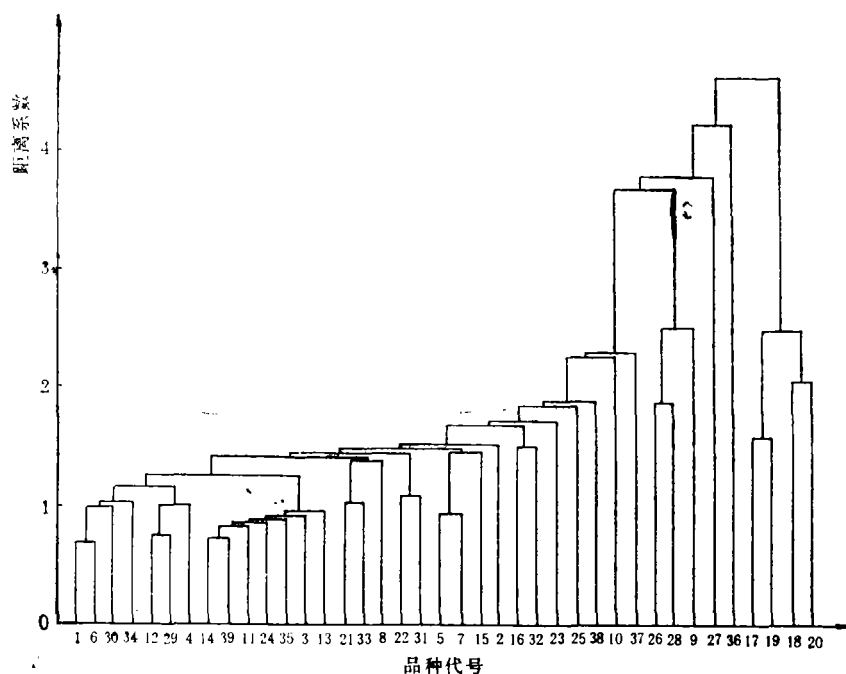


图 39 个品种 (亲本) 聚类图

由表 4 看出, 类群间 45 种可能组合的平均遗传距离为 $\bar{D} = 7.20$, 这就给杂交亲本的选择提供了一个数量标准, 即应在 $D > 7.20$ 的类群之间选择杂交亲本。一般情况下, 类群间遗传距离越大, 从中选出的亲本杂交后, 后代的优势越强, 遗传变异幅度越大, 出现理想基因类型的频率也越高。因此, 要在所研究的 39 个亲本中进行杂交, 亲本选择应限定在表 4 标有星号的

表4 亲本聚类及类群内与类群间的遗传距离

类群	亲本数	亲 本 编 号							类 群 内 与 类 群 间 遗 传 距 离									
I	28	1	2	3	4	5	6	7										
		8	11	12	13	14	15	16	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X
		21	22	23	24	25	29	30										
		31	32	33	34	35	38	39	0.70	2.29	2.31	3.75	4.99	3.83	0.94	5.49	4.69	5.99
II	1	10									8.10*	4.21	5.65	4.55	5.55	7.77*	7.12	8.11*
III	1	37										10.17*	11.82*	9.29	11.86*	8.95*	7.92*	9.10*
IV	2	26	28									1.92	2.55	7.26*	1.92	10.43*	9.25*	9.59*
V	1	9												9.5*	6.75	10.30*	8.92*	9.23*
VI	1	27													6.41	10.79*	10.79*	11.98*
VII	1	36														12.70*	11.76*	12.03*
VIII	2	17	19													1.61	2.51	2.97
IX	1	18																2.07
X	1	20																

* 表示类间距离大于各类间可能组合的平均距离7.20。

的类群间,如第Ⅱ群内的亲本可与第Ⅲ、Ⅷ、X类群内的亲本杂交,余类推。这样,配制出来的杂交组合可能较好。结合上述,根据主成份值筛选的19个综合性状较好的材料,可以认为9、17、18、19、20、26、36几个亲本间相互杂交,有可能出现遗传变异范围较大的理想类型。此推论是否正确,尚待今后进一步跟踪研究。

讨 论

遗传距离大的亲本杂交有时并不一定就包含有理想的基因型。这是因为,遗传育种理论阐述过许多杂交亲本选配原则,彼此间亲缘关系远即遗传距离大只是原则之一。因此,要真正做到有效地配制杂交组合,不仅要考虑亲本间的遗传距离,还要根据育种目标,综合考虑其它因素。

从统计学角度看,对亲本进行聚类,并不是考虑的性状越多越好,关键是要重视那些具有决定性的性状。一般来说,方差分析达到显著水平的性状都应加以考虑。本研究对全生育期、抽穗期、抗寒性、抗病性这些人们通常认为是分类主要依据的性状未囊括在内,原因是这些性状在同一材料不同个体间的差异几乎可以忽略不计,作为数量性状进行研究似欠妥当。然而,这些性状毕竟是比较重要的,在进行聚类分析时,如何将它们与其它数量性状一起加以考虑,乃是今后研究工作中应当引起注意的问题。

参 考 文 献

- [1] 刘来福:作物数量性状的遗传距离及测定,《遗传学报》,6(3)1979:249—355
- [2] 毛盛贤等:冬小麦数量性状遗传差异及其在作物育种上的应用,《遗传》,1(5)1979:26—30
- [3] Crow, J. F., Denistene, C: Genetic Distance, Plenum Press, New York, 1974

A Study on Genetic Distances and Cluster of Quantitative Characters among Parents in Winter Wheat

Guo Ruilin Song Changjiang

(Anyang Institute of Agriculture Sciences, Anyang 455000)

Abstract

On the base of principal components analyses, the genetic distances were estimated among 39 wheat parents. These parents were classified by adopting the method of the shortest distances. The results showed that it was reasonable that parents were divided into 10 groups. In order to draw up cross combinations, besides considering other selection principles of parent, the parents should be selected among different classes (genetic distances $D \geq D = 7.20$). The quotas of principal components were raised. 19 groups better parents were selected from those groups. They were respectively 81285-1-2-2, 85-139, 881, 7182-0-1-1/Samen De, He85-1, Aixuang 10, Exito, S₁₄, Anyang83-18, 9615-112, Anyang80-49, Ji84-5418, Anyang85-1, 80 (6) -50-1, Shannong114753, 775-1, Xichang1167 and CA80228.

Key words: Wheat; Genetic distances; Principle components analysis; Cluster analysis