

# 小麦籽粒蛋白质和氨基酸含量的遗传模型

董洪平\* 孙耀中

(河北农业技术师范学院, 昌黎 066600)

王健 卢少源 李宗智

(河北农业大学, 保定 071000)

**摘 要** 采用  $6 \times 6$  双列杂交设计, 对小麦籽粒中蛋白质及其 16 种氨基酸的含量进行了遗传分析。结果表明, 这些性状的遗传不仅受加性效应控制, 而且也受非加性效应控制。除组氨酸外, 其余性状均符合加性——显性模型。各性状加性分量  $D$  与显性分量  $H_1$  都达到显著程度。平均显性度  $\sqrt{H_1/D}$  值表明, 少数性状(如蛋白质、苯丙氨酸)为超显性, 其余多数性状为完全显性(如甘氨酸、丙氨酸等)或不完全显性(如赖氨酸和丝氨酸等)。在亲本中控制蛋白质、赖氨酸的隐性基因多于显性基因, 但显性基因与隐性基因的频率相差不大。就其余性状而言, 亲本中显性基因的频率则高于隐性基因的频率。

**关键词** 小麦 蛋白质 氨基酸 遗传

小麦的蛋白质含量及其品质(即氨基酸组成)是其营养价值的主要标志。许多科学工作者在此领域做了大量的工作<sup>[1,2]</sup>。就其遗传学研究方面报道不少, 但多半侧重于蛋白质含量的分析。关于一些氨基酸的遗传性质也有一些报道, 但因采用的品种、所处环境和分析手段的不同而结论不尽相同<sup>[1]</sup>。我国在这方面的研究起步较晚, 近年来随着品质育种的提出, 一些学者开始着手这方面的工作。本研究以国内外的几个小麦品种为材料, 采用精密测试手段, 对蛋白质及 16 种氨基酸含量的遗传模型进行了分析和遗传分量的估算与分析, 旨在为小麦品质的遗传理论研究和小麦品质育种工作提供理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料与设计

本试验选用 6 个小麦品种(石家庄 54、4819、30778-2、594F<sub>1</sub>-1、22A、336D-222)为亲本, 做完全双列杂交。田间试验为三次重复的随机区组。

### 1.2 分析方法

粗蛋白用瑞典 Tecator 公司 Kjeltce System10003 半微量凯氏定氮仪测定; 氨基酸用日立 835—50 型氨基酸自动分析仪测定, 以 100mg 籽粒中所含氨基酸 mg 数表示。

### 1.3 统计分析

按 Hayman<sup>[4]</sup>作双列表方差分析; 依 Mather 和 Jinks<sup>[3]</sup>及 Hayman<sup>[5]</sup>检验加性—显性模型, 估算遗传分量及做  $Y_r$  与  $W_r + V_r$  的相关分析以确定显性方向。

## 2 结果与讨论

### 2.1 处理间方差分析

方差分析(表 1)表明,17 个性状的处理间变异对各自机误变异都达到极显著水平,故此对各性状作进一步分析。

表 1 处理间方差分析结果

变 异 来 源		区 组	处 理 间	机 误
自 由 度		2	35	70
均 方	蛋白质	0.0154	2.0287 * *	0.1676
	赖氨酸	0.0589 * *	0.0240 * *	0.0041
	天门冬氨酸	0.0130	0.0480 * *	0.0050
	苏氨酸	0.0180 * *	0.0250 * *	0.0020
	丝氨酸	0.0160	0.0720 * *	0.0080
	谷氨酸	0.5850 * *	0.4610 * *	0.0530
	甘氨酸	0.0130 *	0.0440 * *	0.0040
	丙氨酸	0.0020 * *	0.0260 * *	0.0020
	缬氨酸	0.0030	0.0260 * *	0.0040
	蛋氨酸	0.0150 * *	0.0370 * *	0.0030
	异亮氨酸	0.0015 *	0.0370 * *	0.0050
	亮氨酸	0.0601 * *	0.0743 * *	0.0071
	酪氨酸	0.0041	0.0569 * *	0.0030
	苯丙氨酸	0.0731 * *	0.0396 * *	0.0062
	组氨酸	0.0021	0.0277 * *	0.0029
	精氨酸	0.0489 * *	0.0546 * *	0.0065
	脯氨酸	0.1563 * *	0.3385 * *	0.0204

### 2.2 双列表方差分析

表 2 表明,全部 17 性状的均方均达到极显著水准,表明这些性状在遗传上存在着显著的加性效应。多数性状(如蛋白质,苏氨酸等)存在着杂种优势( $b_1$ 、 $b_3$ )。一些性状(如蛋白质、丝氨酸、苏氨酸等)。基因分布上有不平衡倾向( $b_2$ )。一些性状(如蛋白质,赖氨酸等)具有母本效应( $c$ 、 $d$ )。以上分析表明,这些性状在遗传上不仅受加性效应控制,而且也受非加性效应控制。

### 2.3 遗传模型检验

$Wr/Vr$  回归分析显著性检验表明,除组氨酸外其余性状的遗传均符合加性—显性模型( $b$  值与 1 相差不显著)。说明这些性状的非加性效应属于显性<sup>[6]</sup>。回归常数显著性检验, $a$  值与 0 间差异均不显著,说明这些性状遗传上基本属于完全显性或不明显的部分显性( $a$  值 $>0$ )或超显性( $a$  值 $<0$ )。 $Wr+Vr$  列中各亲本对应值的大小可以推测亲本所含相对显隐性基因数的多少,该值较小的亲本含有较多的显性基因,该值较大的亲本含有较少的显性基因。如对蛋白含

表 2 双列表方差分析结果

变异来源	$a$	$b_1$	$b_2$	$b_3$	$c$	$d$
自由度	5	1	5	9	5	10
蛋白质	8.9609 * *	9.6456 * *	0.7377 * *	1.0050 *	0.2107	0.2765 *
赖氨酸	0.0949 * *	0.0722	0.0034	0.0195 * *	0.0104 *	0.0048 * *
天门冬氨酸	0.2133 * *	0.1603	0.0271 *	0.0249 *	0.0137 *	0.0040
苏氨酸	0.1076 * *	0.1014 * *	0.0108 * *	0.0138 * *	0.0144 *	0.0007 *
丝氨酸	0.3010 * *	0.1410 *	0.0443 * *	0.0472 * *	0.0530 *	0.0078 * *
均 谷氨酸	2.0243 * *	1.0954	0.2252	0.2969 *	0.1474	0.0396 * *
甘氨酸	0.1522 * *	0.3970 * *	0.0199	0.0230 * *	0.0108	0.0035 * *
丙氨酸	0.0853 * *	0.1916 * *	0.0510	0.0222 * *	0.0140 * *	0.0067
缬氨酸	0.0781 * *	0.0477 *	0.0211 *	0.0271 * *	0.0290 * *	0.0013 * *
蛋氨酸	0.0459 * *	0.0372	0.0078	0.0242 * *	0.0209 *	0.0059 * *
异亮氨酸	0.1284 * *	0.0431	0.0155 *	0.0772 * *	0.0285	0.0057 * *
方 亮氨酸	0.3532 * *	0.3721 *	0.0263 *	0.0270	0.0165	0.0006
酪氨酸	0.2670 * *	0.2113 * *	0.0204 * *	0.0289 * *	0.0081	0.0043 * *
苯丙氨酸	0.2194 * *	0.8885 *	0.1283 * *	0.0434 * *	0.0143	0.0068 * *
组氨酸	0.1085 * *	0.1116 *	0.0162 *	0.0179 * *	0.0126 * *	0.0011
精氨酸	0.2025 * *	0.2556 *	0.0414 * *	0.0327 *	0.0236	0.0026
脯氨酸	1.7941 * *	0.6849 * *	0.1492 * *	0.1154 *	0.0699 *	0.0060

量来讲,3号亲本含的隐性基因最多,而1号亲本含的显性基因最多,其它亲本介于中间。其余性状依此类推。 $Wr+Vr$ 与 $Yr$ 的相关系数 $r$ 值可以说明显性的方向,该值为正时,大值亲本为隐性;该值为负时,大值亲本为显性。对蛋白质和多数氨基酸来讲,大值亲本一般为隐性,少数氨基酸(如丝氨酸、谷氨酸等)高值亲本为显性。

## 2.4 遗传分量

各性状加性分量 $D$ 与显性分量 $H_1$ 都达到显著程度,与双列表方差分析结果一致。平均显性度 $\sqrt{H_1/D}$ 值表明,少数性状(如蛋白质,苯丙氨酸)为超显性,其余多数性状为完全显性(如甘氨酸、丙氨酸等)或不完全显性(如赖氨酸,丝氨酸等)。其中有些结果与截距表示的结果有所不同,可能是回归分析中包含误差所致<sup>[5]</sup>。加性效应与显性效应的协方差 $F$ 表明,在亲本中控制蛋白质,赖氨酸的隐性基因多于显性基因,但 $H_2/H_1$ 接近0.25,表明显性基因与隐性基因的频率相差不大。对于其余性状,亲本中显性基因的频率高于隐性基因的频率( $F$ 值 $>0$ )。

## 2.5 遗传分析在育种上的意义

以上分析除了理论上的意义之外,在育种实践中也有一定的指导意义。双列表方差分析表明,本研究中大多数性状的 $b_1$ 、 $b_3$ 项显著,在 $F_1$ 杂交优势上的利用值得考虑,但须注意显性的方向( $r$ 值)。并可根据亲本中增效基因的数目(依 $Wr+Vr$ 值)来搭配亲本组合,并同时考虑基因互作(即特殊配合力)和母本效应( $c$ 、 $d$ )。如本研究中,就赖氨酸来讲,3号和4号亲本中增效基因最多。因此两品种的杂交一代具有较高的赖氨酸含量(0.363%),两亲所参加的组合平均

表3 阵列遗传方差  $V_r$  与协方差  $W_r$  之和、 $W_r$  对  $V_r$  的回归常数  $a$ 、  
回归系数  $b$  和  $W_r+V_r$  与亲本平均值  $Y_r$  的相关系数  $r$

性状	$W_r+V_r$						$a$	$b$	$r$
	1	2	3	4	5	6			
蛋白质	0.2449	0.5809	1.4825	0.6778	1.2465	0.7794	0.0189	0.7938	0.7025
赖氨酸	0.0057	0.0058	0.0161	0.0132	0.0053	0.0083	0.0003	0.9551	0.6035
天门冬氨酸	0.0110	0.0135	0.0339	0.1208	0.0322	0.0162	0.0019	0.8377	0.6922
苏氨酸	0.0110	0.0121	0.0153	0.0123	0.0096	0.0109	0.0031	0.6267	0.1207
丝氨酸	0.0411	0.0447	0.0316	0.0296	0.0387	0.0367	0.0118	0.6670	-0.5241
谷氨酸	0.2852	0.1152	0.2610	0.2161	0.2441	0.1611	0.0379	0.8630	-0.4349
甘氨酸	0.0082	0.0120	0.0522	0.0135	0.0197	0.0190	0.0002	0.8666	0.7780
丙氨酸	0.0091	0.0101	0.0172	0.0142	0.0108	0.0075	-0.0002	0.8924	0.4843
缬氨酸	0.0116	0.0027	0.0223	0.0117	0.0082	0.0033	0.0006	0.8299	0.4196
蛋氨酸	0.0050	0.0044	0.0039	0.0053	0.0100	0.0083	0.0015	0.5109	0.6037
异亮氨酸	0.0178	0.0102	0.0205	0.0085	0.0151	0.0137	0.0024	0.8508	-0.1000
亮氨酸	0.0285	0.0237	0.0591	0.0471	0.0359	0.0354	0.0059	0.8872	0.6028
酪氨酸	0.0104	0.0178	0.5400	0.0311	0.0170	0.0236	0.0013	0.8933	0.8050
苯丙氨酸	0.0122	0.1775	0.0113	0.0287	0.0237	0.0135	-0.0037	0.8612	0.7710
精氨酸	0.0255	0.0188	0.0519	0.0162	0.0306	0.0148	0.0038	0.8932	0.4411
组氨酸	0.0168	0.0121	0.0131	0.0141	0.0121	0.0159	0.0088	-0.1567 *	-0.0960
脯氨酸	0.1690	0.1478	0.2292	0.1190	0.1383	0.1813	0.0495	0.7591	0.3078

表4 遗传分量

性状	$D$	$F$	$H_1$	$H_2$	$\sqrt{H-1/D}$	$H_2/4H_1$
蛋白质	0.6332 *	-0.2171	0.8400 *	0.7133 *	1.1518	0.2123
赖氨酸	0.0072 *	0.0030 *	0.0045 *	0.0046 *	0.7849	0.2587
天门冬氨酸	0.0236	0.0054	0.0198 *	0.0149 *	0.9164	0.1881
苏氨酸	0.0157 *	0.0059 *	0.0102 *	0.0082 *	0.8039	0.2018
丝氨酸	0.0607 *	0.0352 *	0.0294 *	0.0214 *	0.6963	0.1815
谷氨酸	0.2973 *	0.1165 *	0.1701 *	0.1318 *	0.7563	0.1937
甘氨酸	0.0252 *	0.0122 *	0.0282 *	0.0246 *	1.0578	0.2186
丙氨酸	0.0124 *	0.0039 *	0.0144 *	0.0138 *	1.0777	0.2381
缬氨酸	0.0140 *	0.0096 *	0.0129 *	0.0091 *	0.9604	0.1765
蛋氨酸	0.0079 *	0.0042 *	0.0063 *	0.0053 *	0.8929	0.2081
异亮氨酸	0.0190 *	0.0077 *	0.0104 *	0.0080 *	0.7383	0.1938
亮氨酸	0.0489 *	0.0147 *	0.0288 *	0.0245 *	0.7674	0.2129
酪氨酸	0.0251 *	0.0004	0.0236 *	0.0198 *	0.9705	0.2092
苯丙氨酸	0.0770 *	0.0806 *	0.1035 *	0.0761 *	1.1594	0.1836
精氨酸	0.0440 *	0.0330 *	0.0307 *	0.0229 *	0.8353	0.1868
脯氨酸	0.2459 *	0.0774 *	0.1066 *	0.0779 *	0.6583	0.1829

含量也较高,但该组合并不是全  $F_1$  中最高的,4 号和 6 号(含较多的增效基因)的杂种一代含量最高,证实了  $b_3$  的存在。在常规育种的选择过程中,也可参考遗传分析的结果。如可根据加性效应  $D$  和显性效应  $H_1$  的大小及比例,决定选择世代的早晚。就是说,平均显性度

( $\sqrt{H_1/D}$ )低的性状可在早代选择,显性较强的( $\sqrt{H_1/D}>1$ )的性状则推迟晚代选择。至于亲本中显性与隐性基因的频率,只与所研究的品种有关,其它品种可能会产生出不同的结果,对不同品种应具体考虑。

### 参 考 文 献

- 1 董洪平. 河北农业技术师范学院学报,1987,1(3):70~75
- 2 董洪平. 河北农业技术师范学院学报,1988,2(3):67~74
- 3 刘来福等. 作物数量遗传. 北京:农业出版社,1984
- 4 Hayman BI. Biometrics, 1954(10):231~244
- 5 Mather K and Jinks JL. Biometrical Genetics Chapman and Hall. London, New York, 1971

## Genetic Model for Protein and Amino Acid Content in Wheat Grain

Dong Hongping      Sun Yaozhong

(Hebei Agrotechnical Teachers' College, Changli)

Wang Jian      Lu Shaoyuan      Li Zongzhi

(Hebei Agricultural University, Baoding)

**Abstract** With a design of  $6 \times 6$  diallel crossing, genetic analyses for the content of protein and 16 kinds of amino acids in wheat grain were conducted, and the genetic components were evaluated and the genes distribution of each characters was revealed. The results indicated that the mean squares were in significant level and the heredity of protein and 16 kinds of amino acids was dominated not only by the additive gene effects, but also by non-additive gene effects. The genetic model of all characters went with the additive-dominant one except the histidine. The additive component D and the dominant component  $H_1$  for each character were in significant level. The mean dominant value  $\sqrt{H_1/D}$  indicated that the heredity of a few characters (protein, phenylalanine) was dominated by over-dominant genes, while of some of the rest characters (glycine, alanine etc.), by complete dominant genes, and of others (lysine, serine etc.), by incomplete dominant genes. There were more recessive genes than dominant ones in the control for the heredity of protein and lysine though there was no significant difference in gene frequency. As for many other characters, the dominant gene frequency was higher than the recessive one.

**Key words:** Wheat; Protein; Amino acids; Genetic model