

花生荚果和籽仁相关性状的主基因 + 多基因 混合遗传模型分析

李兰周¹, 刘凤珍¹, 万勇善¹, 张 昆¹, 赵文祥²

(1. 作物生物学国家重点实验室, 山东省作物生物学重点实验室, 山东农业大学 农学院, 山东 泰安 271018;

2. 山东省农业科学院 科技信息工程技术研究中心, 山东 济南 250100)

摘要:以花生栽培品种 04D893 × 79266 杂交, 经多代自交获得包含 142 个家系的 $F_{6:7}$ 重组自交系群体为材料, 分别在 2011–2012 年 2 个环境条件 (E1 和 E2) 下种植, 对荚果和籽仁的 6 个产量相关性状进行遗传模型分析并进行其遗传参数的估算。结果表明, 单果质量的遗传符合 2 对主基因遗传模型, 主基因遗传率 2 年平均为 45.97%; 单仁质量的遗传符合 3 对主基因遗传模型, 主基因遗传率平均为 67.54%; 果壳厚度的遗传符合 3 对主基因遗传模型, 主基因遗传率平均为 63.24%; 果长的遗传均符合 3 对主基因遗传模型, 主基因遗传率平均为 81.14%; 果宽的遗传符合 2 对主基因遗传模型, 主基因遗传率平均为 59.83%; 单株生产力的遗传符合 2 对主基因遗传模型, 主基因遗传率平均为 21.76%。

关键词:花生; RIL 群体; 主基因 + 多基因混合遗传模型; 产量

中图分类号: S565.01 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2013)05-0116-08

Genetic Analysis of Pod and Kernel Characters by Major Gene Plus Polygene Mixed Inheritance Model in Peanut

LI Lan-zhou¹, LIU Feng-zhen¹, WAN Yong-shan¹, ZHANG Kun¹, ZHAO Wen-xiang²

(1. State Key Laboratory of Crop Biology, Shandong Key Laboratory of Crop Biology, Agronomy College of Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China; 2. Science and Technology Information Engineering Center of Shandong Agricultural Science Academy, Jinan 250100, China)

Abstract: A cross of 04D893 and 79266 in cultivated peanut was made and then selfed to construct a $F_{6:7}$ RIL population which has 142 individuals. Genetic analysis was made by method of major gene plus polygene mixed inheritance model based on the RIL population. The single pod weight was controlled by two major genes in two environments (E1 and E2), the main gene heritability was 45.97%; The weight of per-kernel was controlled by three major genes, their heritability was about 67.54%; The thickness of pod shell was controlled by three major genes, their heritability was about 63.24%; Length of pod shell was controlled by three major genes, their heritability was about 81.14%; Width of pod shell was controlled by two major genes, their heritability was about 59.83%; Total pod weight per-plant was controlled by two major genes, their heritability was lower, about 21.76%. The results provided a valuable reference in selective breeding practices.

Key words: Peanut; Recombinant inbred line population; Major gene plus poly-genes mixed inheritance; Yield

花生 (*Arachis hypogaea* L.) 是我国重要的经济油料作物之一, 种植面积约 500 万 hm^2 , 总产量达 1 400 万 t 左右, 占世界花生总产量的 40% 以上, 居第一位^[1]。随着人们对食用植物油的需求不断增

收稿日期: 2013-05-16

基金项目: 山东省花生良种产业化工程项目; 山东省现代农业产业技术体系花生创新团队建设项目; 国家现代农业产业技术体系建设专项资金项目 (CARS-14); “十二五”农村领域国家科技计划项目 (2011BAD35B04); 国家自然科学基金项目 (31271757)

作者简介: 李兰周 (1988-), 男, 山东莒南人, 在读硕士, 主要从事生物技术与作物遗传改良研究。

通讯作者: 刘凤珍 (1966-), 女, 山东东阿人, 教授, 博士, 主要从事植物基因克隆、表达载体构建、基因转化、植物分子标记辅助育种和分子育种, 花生新品种培育等研究。

万勇善 (1960-), 男, 山东临沐人, 教授, 主要从事花生等油料作物的栽培与生理、遗传育种及生物技术等研究。

长,目前我国花生产量仍不能满足国内外市场的需求,因此,加强高产优质花生育种具有重大的现实意义,开展与花生产量性状密切相关的花生荚果性状遗传分析显得尤其重要。近年来,主基因+多基因遗传模型分析方法的提出能使数量性状的表型特征得到较全面的描述并指导育种应用,在一定程度上提高了对花生复杂数量性状遗传规律的认识^[2-4]。本研究以包含 142 个稳定家系的重组自交系群体为材料,对花生单果质量、单仁质量、果长、果宽、果壳厚度、单株生产力 6 个与产量相关的荚果和籽仁性状进行遗传分析,以确定该 6 个产量性状的最适遗传模型和基因作用方式,估计基因的遗传效应大小,揭示基因型效应和环境效应对 6 个产量相关性状表现型值的作用,为花生高产育种的相关性状选择提供参考。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料是由山东农业大学花生研究室以栽培种花生 04D893 为父本和 79266 为母本配制杂交组合,采用单粒传法,经多代自交之后获得由 142 个稳定家系组成的 $F_{6,7}$ 重组自交系群体 (RIL)。

1.2 试验方法

1.2.1 材料种植 试验采用随机区组设计,设 2 次重复,于 2011 年和 2012 年在山东农业大学农学试验站种植,单粒播种,行长 210 cm,行距 30 cm,株距 15 cm,栽培管理条件与大田栽培条件一致。

1.2.2 性状调查 收获时每个家系随机 5 株单独收

获(避免边缘效应),风干后供室内考种使用,考种时单株设置 3 个重复,取平均值,调查标准参考文献 [5]。

1.2.3 数据分析 运用软件 SPSS 17.0 对试验数据进行分析,对调查性状进行描述性统计、遗传变异分析。采用盖钧镒、章元明等^[6-9]的数量性状主基因+多基因混和遗传模型分析方法对 2011 和 2012 年两亲本及 RIL 群体的 6 个调查性状进行分析。

通过 G3DH.exe 软件运行数据,以 AIC 值最小的模型作为最优模型,若 AIC 值相同,则根据适合性检验(均匀性检验、Smirnov 检验、Kolmogorov 检验)中选择统计量达到显著水平个数最少的模型为最优遗传模型。同时估算各世代、各成分分布参数,并由此估计出相应的主基因与多基因效应值、方差及有关遗传参数。

2 结果与分析

2.1 花生不同亲本及 RIL 群体产量相关性状的遗传变异

两亲本间单株生产力差异显著,其他 5 个性状差异极显著(表 1, 2)。RIL 群体中 6 个性状的偏度、峰度绝对值均小于 1,表现为连续变异,近似呈正态分布;通过亲本值和极值分析表明,RIL 群体中除果长外其余 5 个性状均出现超低亲和超高亲变异类型;果长、果宽的变异系数约 10%,表现较低,单果质量、单仁质量、果壳厚度和单株生产力的变异系数较高,达到约 20%(表 1, 2),表明该 RIL 群体家系间变异类型十分丰富,适合进行下一步的遗传模型分析。

表 1 亲本和群体 6 个产量性状的统计分析(2011 年)

Tab. 1 Statistical analysis of the 6 yield traits in RIL and the parents in 2011

性状 Traits	亲本 Parents		RIL 群体 RIL population						
	79266	04D893	平均值 Mean	最小值 Min	最大值 Max	标准差 SD	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness	变异系数/% CV
单仁质量/g Weight of per-kernel	1.054	1.512**	1.19	0.64	1.69	0.344	0.635	-0.050	19.22
果壳厚度/cm Thickness of pod shell	0.194	0.266**	0.20	0.10	0.40	0.052	0.861	0.589	26.00
单果质量/g Single pod weight	2.930	3.608**	2.54	1.45	3.73	0.525	-0.538	0.091	20.67
果宽/cm Width of pod shell	1.727	2.023**	1.38	1.27	2.10	0.172	-0.212	-0.184	12.46
果长/cm Length of pod shell	4.185	5.063**	4.06	2.94	4.93	0.380	-0.069	-0.010	9.36
单株生产力/g Total weight of pod per-plant	38.060	31.480*	29.28	5.43	51.07	8.444	-0.169	-0.137	29.84

注: * 和 ** 分别表示 5% 和 1% 显著水平。表 2 同。

Note: Significance at the 5%, 1% levels are indicated by * and ** respectively. The same as Tab. 2.

2.2 最适遗传模型分析

经遗传模型分析软件 G3DH.exe 运算,初步确定了该 6 个产量性状的最适遗传模型。单果质量在环境 E1 和 E2 中最适遗传模型分别为 B-1-4 和 B-1-5,即 2 对主基因遗传模型,该 2 对主基因存在显性

上位性或隐性上位性效应,2 个环境中都未检测到多基因效应的存在(表 3)。单仁质量在环境 E1 和 E2 中最适遗传模型分别为 F-4 和 F-2,即 3 对具有部分等加性效应的主基因遗传模型和 3 对具有完全不同加性效应的主基因遗传模型,均无多基因效应

表 2 亲本和群体 6 个产量性状统计分析(2012 年)

Tab. 2 Statistical analysis of the 6 yield traits in RIL and the parents in 2012

性状 Traits	亲本 Parents		RIL 群体 RIL population						
	79266	04D893	平均值 Mean	最小值 Min	最大值 Max	标准差 SD	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness	变异系数/% CV
单仁质量/g Weight of per-kernel	1.122	1.519**	1.06	0.59	1.57	0.193	-0.460	0.011	18.21
果壳厚度/cm Thickness of pod shell	0.176	0.282**	0.23	0.10	0.37	0.053	-0.428	-0.178	23.04
单果质量/g Single pod weight	3.020	4.120**	2.78	1.48	3.95	0.521	-0.477	-0.243	18.74
果宽/cm Width of pod shell	1.669	1.999**	1.72	1.20	2.33	0.201	0.494	-0.049	11.69
果长/cm Length of pod shell	4.033	5.061**	4.15	3.09	5.01	0.387	-0.447	-0.121	9.33
单株生产力/g Total weight of pod per-plant	48.560	26.940*	39.78	14.62	62.24	8.547	0.213	0.045	21.49

表 3 RIL 群体单果质量最适模型的确定及适合性检验

Tab. 3 Determination of optimum models and compatibility test for weight of per-pod in peanut RILs

环境 Condition	模型 Model	世代 Generation	AIC 值 AIC value	U_1^2	P	U_2^2	P	U_3^2	P	nW^2	D_n	P
E-1	2MG-Dominance I	P1	236.239 7	0.220 4	0.638 8	1.270 8	0.259 6	7.242 0	0.007 1	0.234 3	0.063 9	1.000 0
		P2		0.913 0	0.339 3	0.195 2	0.658 6	3.737 1	0.053 2	0.223 4	0.138 2	0.976 9
		RIL		0.024 2	0.876 3	0.067 5	0.795 1	0.190 3	0.662 7	0.057 9	0.004 0	1.000 0
	2MG-Recessive I	P1	236.239 8	0.220 2	0.638 9	1.270 0	0.259 8	7.237 1	0.007 1	0.234 2	0.064 0	1.000 0
		P2		0.911 7	0.339 7	0.194 5	0.659 2	3.739 8	0.053 1	3.739 8	0.138 2	0.976 8
		RIL		0.024 2	0.876 4	0.067 4	0.795 2	0.190 1	0.662 8	0.057 9	0.004 0	1.000 0
	3MG-PEA	P1	236.239 9	0.219 8	0.639 2	1.272 0	0.259 4	7.265 5	0.007 0	0.234 6	0.063 8	1.000 0
		P2		0.925 7	0.330 6	0.202 2	0.652 9	3.716 2	0.053 9	0.224 3	0.137 6	0.977 7
		RIL		0.024 6	0.875 5	0.068 7	0.793 2	0.195 0	0.658 8	0.058 0	0.004 1	1.000 0
E-2	2MG-Recessive I	P1	225.305 9	0.048 8	0.825 2	0.132 4	0.716 0	0.359 7	0.548 7	0.042 8	0.079 9	1.000 0
		P2		0.348 7	0.554 9	0.346 1	0.556 4	0.004 4	0.947 2	0.142 1	0.126 7	0.990 2
		RIL		0.001 4	0.969 9	0.000 4	0.984 6	0.004 8	0.945 0	0.033 4	0.010 1	1.000 0
	2MG-Additive	P1	225.305 9	0.048 8	0.825 1	0.132 4	0.716 0	0.359 8	0.548 6	0.042 8	0.079 9	1.000 0
		P2		0.348 5	0.555 0	0.345 9	0.556 4	0.004 4	0.947 2	0.142 1	0.126 7	0.990 2
		RIL		0.001 4	0.970 0	0.000 4	0.984 7	0.004 7	0.945 1	0.033 4	0.010 1	1.000 0
	3MG-PEA	P1	225.305 9	0.048 5	0.825 6	0.131 0	0.717 4	0.353 3	0.552 2	0.042 7	0.079 7	1.000 0
		P2		0.392 4	0.530 1	0.390 9	0.531 8	0.005 6	0.940 4	0.146 1	0.124 7	0.991 8
		RIL		0.003 1	0.955 7	0.000 9	0.976 2	0.009 2	0.923 6	0.034 3	0.010 0	1.000 0

注: P . 显著水平(0.05); U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 . 均匀性检验; nW^2 . Smirnov 检验; D_n . Kolmogorov 检验。表 4~8 同。

Note: P . Significance level(0.05); U_1^2 , U_2^2 , U_3^2 . Mean uniformity test statistic; nW^2 . Mean Smirnow test statistic; D_n . Mean Kolmogorov test statistic. The same as Tab. 4-8.

表 4 RIL 群体单仁质量最适模型的确定及适合性检验

Tab. 4 Determination of optimum models and compatibility test for weight of per-kernel in peanut RILs

环境 Condition	模型 Model	世代 Generation	AIC 值 AIC value	U_1^2	P	U_2^2	P	U_3^2	P	nW^2	D_n	P
E-1	2MG-AI	P1	126.611	0.417 5	0.518 2	0.524 7	0.468 9	0.155 9	0.692 9	0.166 4	0.053 2	1.000 0
		P2		0.185 6	0.666 6	1.243 4	0.264 8	7.792 7	0.005 2	0.379 1	0.049 0	1.000 0
		RIL		0.000 6	0.980 1	0.000 2	0.989 6	0.002 0	0.964 7	0.033 7	0.009 5	1.000 0
	3MG-A	P1	126.055	0.470 9	0.492 6	0.657 7	0.417 4	0.343 8	0.557 6	0.172 8	0.046 9	1.000 0
		P2		0.262 8	0.608 2	1.360 7	0.243 4	7.185 6	0.007 3	0.366 7	0.049 3	1.000 0
		RIL		0.000 0	0.996 5	0.000 2	0.990 2	0.001 1	0.974 0	0.033 9	0.009 7	1.000 0
	3MG-EPA	P1	125.415	0.389 1	0.532 8	0.521 4	0.470 3	0.223 0	0.636 7	0.161 2	0.050 6	1.000 0
		P2		1.129 1	0.288 0	2.682 4	0.101 5	5.933 6	0.014 9	0.466 2	0.048 8	1.000 0
		RIL		0.015 0	0.902 5	0.002 3	0.961 6	0.444 9	0.504 8	0.057 9	0.008 1	1.000 0
E-2	3MG-AI	P1	-124.696	0.040 3	0.840 9	0.005 8	0.939 3	0.223 6	0.636 3	0.065 2	0.092 6	0.999 9
		P2		0.133 3	0.715 0	0.081 2	0.775 7	0.075 3	0.783 8	0.081 5	0.155 0	0.940 7
		RIL		0.000 6	0.981 1	0.000 6	0.980 8	0.000 0	0.996 5	0.010 4	0.004 8	1.000 0
	3MG-A	P1	-129.007	0.081 0	0.776 0	0.009 8	0.921 2	0.499 1	0.479 9	0.088 2	0.084 9	1.000 0
		P2		0.013 2	0.908 6	0.117 5	0.731 7	0.858 4	0.354 2	0.072 0	0.220 0	0.641 8
		RIL		0.009 2	0.923 4	0.006 3	0.936 8	0.003 0	0.956 0	0.018 0	0.006 3	1.000 0
	MX3-CEA-A	P1	-125.438	0.074 1	0.785 4	0.009 4	0.922 6	0.443 4	0.505 5	0.083 9	0.086 6	1.000 0
		P2		0.127 7	0.720 8	0.033 9	0.854 0	0.420 0	0.516 9	0.088 9	0.176 7	0.862 6
		RIL		0.000 9	0.976 1	0.007 4	0.931 4	0.052 1	0.819 5	0.024 1	0.004 5	1.000 0

(表4)。果壳厚度在环境 E1 和 E2 中最适遗传模型为 F-3, 即 3 对具有独立完全等加性的主基因遗传模型(表5)。果长在 2 个环境中的最适遗传模型都为 F-2, 即 3 对具有不同加性效应的主基因遗传模型, 无多基因效应的存在(表6)。果宽在环境 E1 和 E2 中的最适遗传模型分别为 B-1-1 和 E-1-6, 即 2

对具有加性上位性效应的主基因遗传模型和 2 对具有累加效应的主基因 + 加性多基因混合遗传模型, 在环境 E2 中检测到较大的多基因效应(表7)。单株生产力在 2 个环境中的最适遗传模型都为 B-1-3, 即 2 对具有完全等加性主基因遗传模型, 无多基因效应(表8)。

表5 RIL 群体果壳厚度最适模型的确定及适合性检验

Tab.5 Determination of optimum models and compatibility test for thickness of pod shell in peanut RILs

环境 Condition	模型 Model	世代 Generation	AIC 值 AIC value	U_1^2	P	U_2^2	P	U_3^2	P	nW^2	Dn	P
E-1	2MG-EA	P1	-502.947	0.001 9	0.964 9	0.016 2	0.898 8	0.114 4	0.735 1	0.037 0	0.059 5	1.000 0
		P2		0.076 0	0.782 8	0.008 3	0.927 6	0.495 2	0.481 6	0.073 8	0.080 5	1.000 0
		RIL		0.007 7	0.929 9	0.011 6	0.914 3	0.008 1	0.928 3	0.050 7	0.005 3	1.000 0
	3MG-CEA	P1	-503.229	0.040 5	0.840 6	0.007 7	0.930 1	0.183 5	0.668 4	0.046 9	0.052 2	1.000 0
		P2		0.113 4	0.736 3	0.022 4	0.88 1	0.497 7	0.480 5	0.076 2	0.081 6	1.000 0
		RIL		0.004 4	0.947 3	0.004 3	0.947 4	0.000 1	0.993 6	0.046 6	0.005 4	1.000 0
	3MG-PEA	P1	-503.031	0.151 1	0.697 5	0.011 4	0.915 1	1.164 4	0.280 5	0.076 1	0.068 5	1.000 0
		P2		0.103 7	0.747 4	0.105 1	0.745 8	0.002 5	0.960 4	0.082 4	0.085 6	1.000 0
		RIL		0.001 0	0.974 9	0.003 2	0.954 7	0.011 1	0.916 1	0.032 5	0.005 2	1.000 0
E-2	PG-A	P1	-525.637	0.031 3	0.859 6	0.005 7	0.940 1	0.147 6	0.700 8	0.061 8	0.092 5	0.999 9
		P2		0.030 4	0.861 7	0.000 9	0.975 9	0.633 1	0.426 2	0.055 5	0.108 2	0.998 6
		RIL		0.000 0	0.996 9	0.015 2	0.901 9	0.258 3	0.611 3	0.061 5	0.003 8	1.000 0
	MX2-A-A	P1	-528.837	0.024 7	0.875 2	0.060 1	0.806 4	0.138 3	0.710 0	0.060 7	0.090 3	0.999 9
		P2		0.034 6	0.852 5	0.148 1	0.700 3	0.671 5	0.412 5	0.053 9	0.128 4	0.988 8
		RIL		0.000 1	0.994 3	0.000 0	0.994 5	0.003 1	0.955 9	0.021 7	0.006 5	1.000 0
	3MG-PEA	P1	-529.825	0.003 8	0.951 2	0.023 6	0.878 0	0.142 0	0.706 3	0.058 3	0.091 1	0.999 9
		P2		0.006 8	0.934 4	0.079 3	0.778 3	0.652 4	0.419 3	0.051 7	0.121 7	0.993 8
		RIL		0.002 8	0.957 6	0.020 3	0.886 6	0.132 8	0.715 5	0.030 7	0.006 6	1.000 0

表6 RIL 群体果长最适模型的确定及适合性检验

Tab.6 Determination of optimum models and compatibility test for length of pod shell in peanut RILs

环境 Condition	模型 Model	世代 Generation	AIC 值 AIC value	U_1^2	P	U_2^2	P	U_3^2	P	nW^2	Dn	P
E-1	MX2-Duplicate-A	P1	117.277	0.093 4	0.759 9	0.089 8	0.764 4	5.675 7	0.017 2	0.217 2	0.083 3	1.000 0
		P2		0.000 8	0.977 4	0.186 5	0.665 8	3.375 5	0.066 2	0.115 9	0.176 8	0.862 1
		RIL		0.011 8	0.913 4	0.008 7	0.925 9	0.002 4	0.960 8	0.051 4	0.006 8	1.000 0
	3MG-A	P1	115.739	0.042 9	0.835 9	0.100 3	0.751 4	4.281 7	0.038 5	0.187 6	0.080 6	1.000 0
		P2		0.000 0	0.996 2	0.243 3	0.621 8	3.820 1	0.050 6	0.127 7	0.189 5	0.803 6
		RIL		0.000 3	0.985 7	0.002 5	0.960 1	0.01 7	0.896 3	0.027 3	0.004 5	1.000 0
	MX3-CEA-A	P1	117.051	0.090 7	0.763 3	0.091 6	0.762 1	5.650 6	0.017 4	0.216 5	0.083 3	1.000 0
		P2		0.001 3	0.971 6	0.180 5	0.670 9	3.377 0	0.066 1	0.116 0	0.176 4	0.864 0
		RIL		0.000 1	0.990 7	0.000 9	0.976	0.027 1	0.869 2	0.039 0	0.007 1	1.000 0
E-2	MX2-AI-I	P1	102.657	0.042 8	0.836 2	0.360 3	0.548 3	2.560 8	0.109 5	0.103 3	0.069 1	1.000 0
		P2		0.003 9	0.950 1	0.055 8	0.813 2	1.410 4	0.235 0	0.070 6	0.125 0	0.991 5
		RIL		0.000 4	0.983 3	0.000 8	0.978 0	0.000 9	0.976 7	0.016 0	0.011 5	1.000 0
	MX2-A-A	P1	102.595	0.038 9	0.843 6	0.348 6	0.554 9	2.552 2	0.110 1	0.102 7	0.068 9	1.000 0
		P2		0.002 4	0.961 0	0.062 3	0.802 9	1.411 8	0.234 8	0.070 4	0.125 7	0.991 0
		RIL		0.010 4	0.918 9	0.008 3	0.927 3	0.000 9	0.976 6	0.020 3	0.015 8	1.000 0
	3MG-A	P1	100.549	0.002 5	0.960 3	0.026 9	0.869 7	0.214 7	0.643 1	0.047 9	0.071 0	1.000 0
		P2		0.005 2	0.942 5	0.155 5	0.693 3	3.447 4	0.063 3	0.118 6	0.175 8	0.866 4
		RIL		0.001 3	0.970 8	0.00 2	0.964 5	0.001 3	0.970 9	0.017 6	0.005 8	1.000 0

表 7 RIL 群体果宽最适模型的确定及适合性检验

Tab. 7 Determination of optimum models and compatibility test for width of pod shell in peanut RILs

环境 Condition	模型 Model	世代 Generation	AIC 值 AIC value	U_1^2	P	U_2^2	P	U_3^2	P	nW^2	Dn	P
E-1	2MG-AI	P1	-128.676	0.024 6	0.875 3	0.020 3	0.886 6	0.001 4	0.970 2	0.023 1	0.085 9	1.000 0
		P2		0.070 8	0.790 1	0.104 9	0.746 0	0.070 3	0.790 9	0.027 2	0.065 8	1.000 0
		RIL		0.001 0	0.975 2	0.000 7	0.978 6	0.000 2	0.989 3	0.032 7	0.004 4	1.000 0
	2MG-Dominance I	P1	-128.179	0.091 3	0.762 5	0.045 5	0.831 1	0.100 6	0.751 1	0.028 2	0.084 1	1.000 0
		P2		0.111 5	0.738 5	0.123 4	0.725 3	0.012 6	0.910 6	0.027 5	0.069 0	1.000 0
		RIL		0.000 0	0.995 7	0.001 8	0.965 9	0.022 6	0.880 5	0.032 0	0.009 4	1.000 0
	2MG-Recessive I	P1	-128.179	0.091 2	0.762 6	0.045 4	0.831 2	0.100 7	0.751 0	0.028 2	0.084 1	1.000 0
		P2		0.111 3	0.738 7	0.123 3	0.725 5	0.012 7	0.910 4	0.027 4	0.069 0	1.000 0
		RIL		0.000 0	0.995 8	0.001 8	0.965 9	0.022 7	0.880 2	0.032 0	0.009 4	1.000 0
	2MG-Additive	P1	-128.179	0.091 4	0.762 4	0.045 5	0.831 0	0.100 6	0.751 1	0.028 2	0.084 1	1.000 0
		P2		0.111 2	0.738 8	0.123 2	0.725 6	0.012 6	0.910 6	0.027 4	0.069 0	1.000 0
		RIL		0.000 0	0.995 8	0.001 8	0.965 9	0.022 7	0.880 2	0.032 0	0.009 4	1.000 0
E-2	MX2-AI-A	P1	-134.631	0.058 8	0.808 4	0.002 1	0.963 0	1.264 3	0.260 8	0.104 1	0.080 1	1.000 0
		P2		0.008 8	0.925 4	0.030 2	0.862 1	1.118 1	0.290 3	0.084 9	0.176 7	0.862 6
		RIL		0.000 1	0.993 8	0.000 9	0.975 7	0.008 5	0.926 7	0.013 9	0.006 6	1.000 0
	MX2-Additive-A	P1	-136.483	0.028 2	0.866 6	0.013 6	0.907 1	1.248 1	0.263 9	0.101 5	0.081 4	1.000 0
		P2		0.036 0	0.849 5	0.005 1	0.943 2	1.040 4	0.307 7	0.089 3	0.169 6	0.891 9
		RIL		0.010 2	0.919 4	0.007 1	0.932 7	0.002 9	0.956 9	0.018 9	0.005 5	1.000 0
	MX3-CEA-A	P1	-132.254	0.362 1	0.547 4	0.096 3	0.756 3	1.186 1	0.276 1	0.124 8	0.070 4	1.000 0
		P2		0.145 7	0.702 7	0.448 8	0.502 9	1.443 3	0.229 6	0.093 2	0.218 0	0.652 7
		RIL		1.250 8	0.263 4	1.467 4	0.225 8	0.264 1	0.607 3	0.244 7	0.005 5	1.000 0

表 8 RIL 群体单株生产力最适模型的确定及适合性检验

Tab. 8 Determination of optimum models and compatibility test for total pod weight per-plant in peanut RILs

环境 Condition	模型 Model	世代 Generation	AIC 值 AIC value	U_1^2	P	U_2^2	P	U_3^2	P	nW^2	Dn	P
E-1	2MG-EA	P1	1 074.979	0.338 8	0.560 5	0.006 8	0.934 1	3.700 7	0.054 4	0.185 9	0.260 7	0.809 9
		P2		0.016 2	0.898 6	0.293 6	0.587 9	2.802 3	0.094 1	0.126 3	0.121 7	1.000 0
		RIL		0.002 8	0.957 7	0.052 9	0.818 1	0.510 3	0.475 0	0.067 3	0.004 6	1.000 0
	3MG-CEA	P1	1 075.071	0.647 3	0.421 1	0.115 3	0.734 1	3.089 1	0.078 8	0.208 8	0.230 9	0.902 9
		P2		0.051 1	0.821 2	0.483 1	0.487 0	3.628 2	0.056 8	0.144 1	0.136 4	0.999 6
		RIL		0.000 8	0.977 5	0.034 3	0.853 0	0.399 1	0.527 5	0.063 6	0.004 8	1.000 0
	3MG-PEA	P1	1 075.280	0.072 2	0.788 2	0.039 1	0.843 2	3.355 8	0.067 0	0.121 1	0.260 0	0.812 4
		P2		0.095 9	0.756 8	0.953 4	0.328 8	7.325 0	0.068 0	0.200 7	0.166 4	0.994 0
		RIL		0.000 9	0.976 7	0.002 9	0.957 3	0.010 2	0.919 4	0.051 0	0.004 4	1.000 0
E-2	2MG-EA	P1	1 120.628	0.004 3	0.947 6	0.000 0	0.999 7	0.064 2	0.800 0	0.049 0	0.112 6	1.000 0
		P2		1.062 2	0.302 7	0.608 2	0.435 5	0.760 4	0.383 2	0.147 2	0.108 0	1.000 0
		RIL		0.000 1	0.992 0	0.017 8	0.893 8	0.327 8	0.567 0	0.048 2	0.005 1	1.000 0
	3MG-CEA	P1	1 120.817	0.647 3	0.421 1	0.115 3	0.734 1	3.089 1	0.078 8	0.208 8	0.230 9	0.902 9
		P2		0.051 1	0.821 2	0.483 1	0.487 0	3.628 2	0.056 8	0.144 1	0.136 4	0.999 6
		RIL		0.000 8	0.977 5	0.034 3	0.853 0	0.399 1	0.527 5	0.063 6	0.004 8	1.000 0
	3MG-PEA	P1	1 120.722	0.030 0	0.862 6	0.136 7	0.711 6	0.654 1	0.418 7	0.068 7	0.155 4	0.997 3
		P2		0.245 1	0.620 5	0.058 4	0.809 0	0.903 8	0.341 8	0.072 2	0.163 2	0.995 2
		RIL		0.016 5	0.897 7	0.023 9	0.877 0	0.014 6	0.903 9	0.035 6	0.004 3	1.000 0

2.3 遗传参数估计估算

最适遗传模型确定之后,根据最适模型各个成分分布的均值和权重,估算出各性状相应的遗传参数(表 9)。

果长在 2 个环境中都表现为 3 对具有不同加性效应的主基因遗传模型 3MG-A(F-2),不存在多基因效应。在环境 E1 中 3 个主基因的加性效应值分别为 0.409 7, -0.044 3, 0.146 2, 主基因遗传率为

80.73%。在环境 E2 中 3 个主基因的加性效应值分别为 0.417 4, -0.049 3, 0.148 9, 主基因遗传率为 81.54%。果长在 2 个环境中主基因遗传率平均为 81.14%, 说明果长遗传变异主要由遗传效应决定, 环境因素影响较小。

果宽在环境 E1 中最适遗传模型为 2MG-AI (B-1-1) 表现为 2 对具有加性上位性效应的主基因遗传模型。2 个主基因的加性效应值分别为 0.190 5, -0.038 9, 两基因间的互作效应值为 0.097 3, 主基因遗传率为 67.22%。在环境 E2 中最适遗传模型为 MX2-Additive-A (E-1-6) 即 2 对具有累加效应的

主基因加多基因混合遗传模型, 第一对主基因的效应值为 0.191 1, 两主基因之间的互作值为 0.035 5, 主基因遗传率为 52.44%, 多基因遗传率为 35.80%。可见, 果宽在 2 个环境中的主基因遗传率平均为 59.83%。在环境 E2 中出现了较高的多基因效应。另外, 遗传效应决定了果宽总表型变异的 67.22%、88.24%, 平均为 77.73%, 环境方差分别占总表型方差的 32.78%、11.76%, 平均为 22.27%, 说明果宽同样主要由遗传效应控制, 环境效应对果长的影响不大。

表 9 RIL 群体中 6 个产量性状的最适模型及遗传参数估计

Tab. 9 The optimum models and estimates of genetic parameters on 6 yield traits in RIL population

性状 Traits	单果质量 SPW		单仁质量 WPK		果壳厚度 TPS		果长 LPS		果宽 WPS		单株生产力 PW	
环境 Environment	E1	E2	E1	E2	E1	E2	E1	E2	E1	E2	E1	E2
代号 Code	B-1-4	B-1-5	F-4	F-2	F-3	F-3	F-2	F-2	B-1-1	E-1-6	B-1-3	B-1-3
模型 Model	2MG	2MG	3MG	3MG	3MG	3MG	3MG	3MG	2MG	MX2	2MG	2MG
	-Dominance I	-Recessive I	-EPA	-A	-CEA	-CEA	-A	-A	-AI	-Additive-A	-EA	-EA
一阶参数 1 st order genetic parameters												
m	3.040 7	3.077 8	1.103 6	1.296 2	0.227 7	0.229 7	4.036 5	3.952 9	1.774 1	1.800 2	32.418 5	38.717 9
d _a	0.565 5	0.112 0	0.244 7	0.255 4	0.012 7	0.027 8	0.409 7	0.417 4	0.190 5	0.191 1	-2.919 4	-5.798 5
d _b	-0.366 0	0.930 2	0.244 7	-0.177 5	0.012 7	0.027 8	-0.044 3	-0.049 3	-0.038 9	-	-2.919 4	-5.798 5
d _c	-	-	-0.468 5	0.116 0	0.012 7	0.027 8	0.146 2	0.148 9	-	-	-	-
i _{ab}	-	-	-	-	-	-	-	-	0.097 3	0.035 5	-	-
[d]	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-0.217 2	-	-
二阶参数 2 nd order genetic parameters												
σ_p^2	0.260 8	0.244 5	0.130 1	0.033 3	0.002 8	0.002 7	0.142 3	0.138 5	0.029 8	0.032 8	71.520 6	97.574
σ_{mg}^2	0.133 2	0.099 9	0.062 7	0.028 9	0.001 2	0.002 3	0.114 9	0.112 9	0.020 0	0.017 2	10.248 9	28.472 1
σ_{pg}^2	-	-	-	-	-	0	-	-	-	0.001 7	-	-
σ_e^2	0.127 6	0.144 6	0.009 0	0.004 4	0.001 6	0.000 4	0.027 4	0.025 6	0.009 8	0.003 9	61.294 6	69.101 9
$h_{mg}^2/\%$	51.08	40.86	48.19	86.88	42.45	84.02	80.73	81.54	67.22	52.44	14.33	29.18
$h_{pg}^2/\%$	-	-	-	-	-	-	-	-	-	35.67	-	-
σ_{mg}^2/σ_p^2	0.51	0.41	0.48	0.87	0.43	0.85	0.81	0.82	0.67	0.52	0.14	0.29
σ_e^2/σ_p^2	0.49	0.59	0.52	0.13	0.57	0.15	0.19	0.18	0.33	0.12	0.86	0.71

注: m. 群体均值; d. 主基因加性效应值; [d]. 多基因效应值; σ_p^2 . 表型方差; σ_{mg}^2 . 主基因方差; σ_{pg}^2 . 多基因方差; σ_e^2 . 环境方差; h_{mg}^2 . 主基因遗传率; h_{pg}^2 . 多基因遗传率; σ_{mg}^2/σ_p^2 . 主基因方差占总遗传方差的比例; σ_e^2/σ_p^2 . 环境方差占总表型方差的比例。

Note: m. Population mean; d. Additive effect of the major gene; [d]. Additive effect of poly-genes; σ_p^2 . Phenotypic variance; σ_{mg}^2 . Major-gene variance; σ_{pg}^2 . Poly-gene variance; σ_e^2 . Environmental variance; h_{mg}^2 . Major gene heritability; h_{pg}^2 . Polygene heritability; σ_{mg}^2/σ_p^2 . Proportion of major gene variance and phenotypic variance; σ_e^2/σ_p^2 . Proportion of environmental variance and phenotypic variance.

果壳厚度在 2 个环境中的最适遗传模型为 3MG-CEA (F-3), 即 3 对独立完全等加性的主基因遗传模型, 不存在多基因效应。果壳厚度在环境 E1 中 3 个主基因的加性效应值都为 0.012 7, 主基因遗传率为 42.45%, 在环境 E2 中 3 个主基因的加性效应值都为 0.027 8, 主基因遗传率为 84.02%。可见, 花生果壳厚度的遗传主要受 3 对主基因的控制, 主基因遗传率平均为 63.24%, 且在 2 个环境中差

异较大, 表明果壳厚度的遗传规律较为复杂, 主基因效应可能随环境的改变而变化。

单果质量在环境 E1 和 E2 中最适遗传模型分别为 2MG-Dominance I (B-1-4) 和 2MG-Recessive I (B-1-5), 即 2 对具有显性上位性或者隐性上位性的主基因遗传模型。在环境 E1 中 2 个主基因的加性效应值分别为 0.565 5 和 -0.366 0, 主基因遗传率为 51.08%, 无多基因效应; 在环境 E2 中 2 个主基

因的加性效应值分别是 0.112 0 和 0.930 2, 主基因遗传率为 40.86%, 无多基因效应。可见, 单果质量的遗传效应主要是受 2 个主基因的影响, 该 2 个主基因可能存在显性或者隐性的关系, 该 2 对主基因遗传率平均为 45.97%, 环境方差占表型方差的比例分别为 59.14% ~ 48.92%, 可见环境因素对单果质量影响较大。

单仁质量在环境 E1 和 E2 中最适遗传模型分别为 3MG-EPA(F-4) 和 3MG-A(F-2), 即 3 对主基因遗传模型。在环境 E1 中 3 个主基因的加性效应值分别为 0.244 7, 0.244 7, -0.468 5, 主基因遗传率为 48.19%, 没有检测到多基因效应的存在; 在环境 E2 中 3 个主基因的加性效应值分别是 0.255 4, -0.177 5, 0.1160, 主基因遗传率为 86.88%, 无多基因效应。可见, 单仁质量的遗传效应在 2 年中均表现出受 3 个主基因的影响, 主基因遗传率平均为 67.54%, 无多基因效应, 与果壳厚度的遗传规律相似, 在 2 个环境的基因遗传率差异较大。

单株生产力在 2 个环境中的最适遗传模型为 2MG-EA(B-1-3), 即 2 对具有完全等加性主基因遗传模型。在环境 E1 中, 2 个主基因的效应值都为 -2.919 4, 主基因遗传率为 14.33%, 无多基因效应。在环境 E2 中 2 主基因效应值为 -5.798 5, 主基因遗传率为 29.18%, 无多基因效应。可见, 单株产力的遗传效应主要受 2 对等加性主基因控制, 主基因遗传率平均为 21.76%, 没有检测到多基因效应的存在, 说明单株产力除了受遗传因素影响之外, 更多的受环境因素影响比较大。

3 讨论与结论

利用 RIL 群体进行数量性状遗传分析具有较多的优点, 一是 RIL 群体是永久性群体, 环境干扰影响较小; 二是家系间是纯合稳定的, 无显性和显性互作的干扰, 而能较准确地估计主效基因的加性效应值、加性和加性互作效应值^[10]。本研究以 79266 × 04D893 为杂交组合, 经多代自交获得的 F_{6,7} 重组自交系群体, 是一种永久性群体, 可以进行有重复的比较试验, 适合于受环境影响较大的产量相关性状的遗传研究。

殷冬梅等^[11]研究表明, 花生单株产量、百仁质量、百果质量和出仁率性状的遗传符合加性-显性遗传模型, 夏友霖等^[12]研究发现, 花生单株果质量、饱果数、百果质量、百仁质量和出仁率等产量相关性状遗传效应以加性效应为主, 多数性状也表现出非加性效应, 但主要以加性为主。赖明芳等^[13]也认为,

在花生产量相关性状的基因遗传效应中加性效应占主导优势。本研究对花生荚果和籽仁特征相关的 6 个产量相关性状进行了遗传模型分析, 结果表明, 单果质量、单仁质量、果壳厚度、果长、果壳、单株饱果质量 6 个性状的遗传效应均属于 2 个或 3 个主基因遗传模型, 以加性效应为主, 主基因遗传率普遍高于多基因遗传率, 与前人的研究结果一致^[14]。本研究结果在年份间的重复稳定性良好, 其中果长(F-2)、单株生产力(B-1-3)、果壳厚度(F-3)在 2 个环境中表现出相同的遗传模型, 而单果质量、单仁质量、果壳厚度和果宽在 2 个环境中的遗传模型则表现出较小的差异性, 单果质量在两环境中的遗传均属于 2 对主基因遗传模型, 单仁质量属于 3 对主基因遗传模型, 果宽属于 2 对主基因遗传模型。

不同性状之间的主基因遗传率也表现出较大的差异, 果壳厚度的主基因遗传率较高, 2 个环境均达到 80% 以上, 适合在早期世代进行选择。单株生产力的主基因遗传率最低, 2 个环境下的主基因遗传率在 14.33% ~ 29.18%, 宜在高世代趋于稳定时, 进行定向选择, 以提高选择效果。除了花生自身的遗传效应影响以外, 环境条件对于花生产量也有显著影响, 同种性状在不同的种植环境条件下的主基因遗传率表现出较大的差异, 单仁质量在环境 E1 的主基因遗传率是 48.19%, 环境 E2 中的主基因遗传率则是 86.88%; 果壳厚度在环境 E1 中的主基因遗传率是 42.45%, 环境 E2 中的主基因遗传率达到 84.03%, 环境 E2 明显高于 E1。

单果质量、单仁质量、果壳厚度、果长、果宽和单株生产力是影响花生产量的重要农艺性状, 本研究初步确定了该 6 个性状的遗传模型: 单果质量的遗传符合 2 对主基因遗传模型, 单仁质量符合 3 对主基因遗传模型, 果壳厚度符合 3 对主基因遗传模型, 果长符合 3 对主基因遗传模型, 果宽属于符合主基因 + 多基因遗传模型, 单株产力符合 2 对主基因遗传模型, 单果质量、单仁质量、果壳厚度、果长、果宽的遗传由遗传效应和非遗传效应组成, 遗传效应占主导, 而单株产力则以非遗传效应占主导, 受环境影响较大, 以上结果为花生高产育种的荚果和籽仁相关性状选择提供了参考。

参考文献:

- [1] 许婷婷, 杨传新, 宫清轩, 等. 花生出口形势分析[J]. 花生学报, 2010, 39(4): 34-37.
- [2] 张新友, 韩锁义, 徐静, 等. 花生蛋白质含量的主基因 + 多基因遗传分析[J]. 中国油料作物学报, 2011, 33(2): 118-122.

- [3] 陈四龙,李玉荣,程增书,等. 花生含油量杂种优势表现及主基因 + 多基因遗传效应分析 [J]. 中国农业科学, 2009, 42(9): 3048 - 3057.
- [4] 刘恩生. 花生蛋白质、脂肪含量及其它农艺性状的配合力和遗传参数分析 [J]. 华北农学报, 1987, 2(3): 18 - 26.
- [5] 王在序,盖树人. 山东花生 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1999: 528 - 531.
- [6] 盖钧镒,章元明,王健康. QTL 混合模型扩展至两对主基因 + 多基因时的多世代联合分析 [J]. 作物学报, 2000, 26(4): 385 - 391.
- [7] 章元明,盖钧镒. 利用 DH 或 RIL 群体检测 QTL 体系并估计其遗传效应 [J]. 遗传学报, 2000, 27(7): 634 - 640.
- [8] 盖钧镒,章元明,王健康. 植物数量性状遗传体系 [M]. 北京: 科学出版社, 2003: 145 - 156.
- [9] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of QTL model and effects [J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 1162 - 1168.
- [10] 李斯深,陈茂学,王洪刚. 利用重组自交系 (RILs) 群体进行质量 - 数量性状的遗传分析遗传模型和小麦产量性状遗传 [J]. 作物学报, 2001, 27(6): 896 - 904.
- [11] 殷冬梅,尚明照,崔党群. 花生主要农艺性状的遗传模型分析 [J]. 中国农学通报, 2006, 22(7): 261 - 265.
- [12] 夏友霖,赖明芳,曾彦,等. 花生产量和品质性状的配合力及相对遗传力分析 [J]. 西南农业学报, 2006, 19(2): 260 - 264.
- [13] 赖明芳,曾彦,漆燕,等. 花生主要经济性状遗传特点分析 [J]. 中国油料作物报, 2007, 29(2): 42 - 45.
- [14] 刘华. 栽培花生产量和品质相关性状遗传分析与 QTL 定位研究 [D]. 郑州: 河南农业大学, 2011.

《天津农业科学》征订启事

《天津农业科学》是天津市农业科学院信息研究所主办的综合性学术期刊,创刊于 1974 年。国际刊号: ISSN 1006 - 6500, 国内刊号: CN12 - 1256/S。本刊为月刊,大 16 开,100 页,每期定价 5 元,全年 60 元。

本刊为中国核心期刊(遴选)数据库收录期刊,中国学术期刊综合评价数据统计源期刊,全国优秀农业期刊。

开设栏目有: 生物技术、作物栽培与设施园艺、植物保护、土壤肥料与节水灌溉、畜牧兽医与水产养殖、园林绿化、贮藏加工、农产品安全、行业标准、新品种选育、植物生理、农业经济与信息技术、农业科研管理、新品种保护、三农问题研究、农业区划等。

适合各级农业科技人员、农技推广人员、农业行政管理干部、农业大中专院校师生参阅。

欢迎订阅,欢迎投稿!

通讯地址: 天津市南开区白堤路 268 号农科大厦 1905 室

邮 编: 300192

电话/传真: 022 - 23678601

E-mail: tjnykx@163.com

开户行: 建设银行南开新技术产业园区支行

账 号: 12001650472050001417 - 3

户 名: 天津市农业科学院信息研究所