

玉米穗部性状的多世代联合遗传分析

孙海艳^{1,2}, 徐德林², 蔡一林², 王久光², 王国强², 邵荣华²

(¹西南大学园艺园林学院, 重庆 400716; ²农业部生物技术与作物品质改良重点实验室, 重庆 400716)

摘要:以玉米自交系 095 和 L26 为亲本, 通过对 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 、 B_2 6 个基本世代联合分析, 研究了秃尖长、穗行数、穗粗、千粒重、穗重、单株产量等穗粒性状的遗传模型。结果表明: 穗行数、穗重、单株产量的最适模型为 D-2 模型, 即 1 对加性主基因 + 加性 - 显性多基因混合遗传模型; 穗粗、千粒重的最佳模型为 B-1 模型, 符合两对基因加性 - 显性 - 上位性模型; 秃尖长的最佳模型为 E-3, 符合两对加性主基因 + 加性 - 显性多基因模型。本研究利用主基因与多基因混合遗传模型分析方法对玉米穗部性状进行遗传分析, 有助于阐明玉米穗部性状的遗传规律。

关键词: 玉米; 穗粒性状; 遗传模型; 多世代联合分析

Genetic Analysis of Ear-related Traits in Maize by Using Joint Analysis of Multiple Generations

SUN Hai-yan^{1,2}, XU De-lin², CAI Yi-lin², WANG Jiu-guang², WANG Guo-qiang², SHAO Rong-hua²

(¹ College of Horticulture and Landscape Architecture, Chongqing 400716;

² Key Laboratory of Biotechnology and Crop Quality Improvement, Ministry of Agriculture, Chongqing 400716)

Abstract: Traits related to maize ear are very important yield component traits. In this paper, inheritance of 6 ear-related traits was analyzed by the joint segregation analysis of a mixed genetic model of major gene plus polygene in six generations (P_1 , P_2 , F_1 , B_1 , B_2 , and F_2) derived from cross 095 × L26. The result showed that, kernel row of ear, ear weight and grain weight were fitted by one additive major gene plus additive-dominance polygenes model (D-2); Ear diameter and 1000-kernel weight were fitted by two additive-dominance-epistasis major gene (B-1) model; Bald tip length was fitted by two additive major gene plus additive-dominance polygenes mode (E-3). Genetic analysis of ear-related traits with major gene plus polygene mixed inheritance model in maize will help to elucidate the genetic mechanism of ear characters.

Key words: Maize; Ear-related traits; Genetic model; Joint analysis of multiple generations

玉米是我国重要的粮食、饲料和经济兼用作物。提高玉米产量是玉米育种的主要目标之一, 玉米的产量及其构成因子等许多农艺性状是复杂的数量性状, 由多基因控制, 并受基因型和环境的影响。穗粒性状是玉米产量主要构成因素, 是玉米的重要性状, 对玉米的高产稳产有重要作用, 掌握穗粒性状的遗传规律对玉米育种工作具有重要意义。有关玉米穗部性状的遗传, 经典数量遗传学做了较多的研究^[1-8], 但经典数量遗传学不能用以检测个别的基因, 也无法区别不同基因在效应上有何差异, 而在于

研究基因的综合效应。盖钧镒等^[9]提出的主基因 + 多基因混合遗传模型认为, 数量性状基因在遗传效应上有很大差异, 效应较大的可以表现出主效基因的特征, 效应较小者表现为微效多基因, 能够鉴别主 - 多基因的混合遗传模型并估计相关遗传参数, 在大量遗传研究中得到广泛应用。本研究以 2 个亲本杂交获得的 6 个基本世代为材料, 利用主基因 + 多基因混合遗传模型, 对玉米穗部性状进行遗传分析, 以明确其遗传方式, 为玉米育种及穗部性状的改良提供理论依据。

收稿日期: 2012-03-31 修回日期: 2012-05-30

基金项目: 重庆市重大科技专项 (CSTC NO. 2010AA1022, CSTC NO. 2007AB1045); 重庆市自然科学基金项目 (CSTC NO. 2006BB1323); 中央高校基本科研业务费专项 (XDJK2009C122)

作者简介: 孙海艳, 硕士, 主要从事作物遗传育种研究。E-mail: sunhaiyan1975@126.com

通信作者: 蔡一林, 教授, 博士生导师。研究方向: 玉米遗传育种与生物技术。E-mail: caiyilin1789@yahoo.com.cn

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验用亲本自交系 095 (P_1) 由重庆地方品种北碚黄马牙选育而成, 现已组配成渝单 5 号、成单 28 和荆单 8 号等品种; 亲本 L26 (P_2) 为常用自交系。2006 年春用 095 作母本, L26 作父本组配 F_1 , 2006 年冬在海南种植 F_1 , 通过回交、自交获得 B_1 ($F_1 \times P_1$)、 B_2 ($F_1 \times P_2$)、 F_2 各世代。2007 年春在西南大学玉米研究所试验场依次种植 P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 、 F_2 6 个世代, 各世代个体观察值分别为 40、40、50、120、120、200 株。田间水肥管理与大田生产同。

1.2 性状测定

待果穗成熟晒干后考察其秃尖长 (bald tip length, BTL)、穗长 (ear length, EL)、穗粗 (ear diameter, ED)、穗行数 (kernel rows per ear, KRE)、行粒数 (grain number per row, GNR)、千粒重 (1000-kernel weight, 1000-KW)、穗重 (ear weight, EW)、单株产量 (grain weight per plant, GW) 等性状。性状评价标准按全国玉米区试要求执行。

1.3 遗传模型分析

数据分析采用章元明等^[10]的主基因 + 多基因混合遗传模型, 对 P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 、 F_2 6 个世代穗部性状进行联合遗传分析方法^[11-12]。计算包括 1 对主基因 (A)、两对主基因 (B)、多基因 (C)、1 对主基因加多基因 (D)、两对主基因加多基因 (E) 共 24 个模型的极大似然函数值 (max-likelihood-values, MLV) 和 AIC (Akaike's information criterion, AIC) 值, 采用最小 AIC 值判别准则, 一组适合性测验 (均匀性检验、Smirnov 检验和 Kolmogorov 检验的 5 个统计量 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 W^2 和 D_n) 从各种候选模型中选出最佳模型及其相应一组的成分分布参数, 进而估计出相应的基因效应值、方差及相关遗传参数。

表 1 亲本差异显著性检验

Table 1 Significance test of difference between the parents

性状 Trait	平均值 \pm 标准差 $\bar{x} \pm s$			差异 Difference
	P_1	P_2	F_1	
秃尖长 (cm) BTL	1.14 \pm 1.21	0.30 \pm 0.53	1.38 \pm 1.11	3.99 **
穗粗 (cm) ED	13.13 \pm 1.42	11.29 \pm 1.15	15.58 \pm 0.67	6.34 **
穗行数 KRE	16.85 \pm 2.57	13.70 \pm 1.67	18.58 \pm 1.90	6.51 **
千粒重 (g) 1000-KW	257.25 \pm 41.05	200.7 \pm 30.10	260 \pm 29.76	7.02 **
穗重 (g) EW	66.01 \pm 19.63	45.26 \pm 17.85	158.50 \pm 41.92	4.95 **
单株产量 (g) GW	53.15 \pm 19.33	36.23 \pm 15.32	143.20 \pm 33.84	4.34 **
穗长 (cm) EL	10.60 \pm 1.56	10.19 \pm 1.94	17.23 \pm 1.89	1.04
行粒数 GNR	16.23 \pm 4.72	17.73 \pm 3.94	36.68 \pm 5.15	1.54

** 表示在 $P < 0.01$ 水平上差异显著 ** indicates the different significance at $P < 0.01$ level

2 结果与分析

2.1 亲本差异性检验

从 2 个亲本穗部性状的差异显著性 u 检验结果 (表 1) 可知, 两亲本间穗长和行粒数的差异未达显著水平, 秃尖长、穗粗、穗行数、千粒重、穗重和单株产量等 6 个性状间差异均达到极显著水平, 可做进一步的遗传分析。

2.2 遗传模型的选择及模型适合性检验

对采集的秃尖长、穗粗、穗行数、千粒重、穗重、单株产量的数据估算 AIC 值, 根据 AIC 值最小的原则选择候选遗传模型 (表 2), 对各性状的候选遗传模型进行适合性检验, 选择统计量达到显著水平个数最少的模型为最适遗传模型 (表 3)。由表 3 可知, 穗行数、穗重、单株产量的最佳模型为 D-2, 符合 1 对加性主基因 + 加性 - 显性多基因混合模型, 受 1 对主基因控制, 且主基因无显性效应, 多基因无上位性效应; 穗粗、千粒重的最佳模型为 B-1, 符合两对基因加性 - 显性 - 上位性模型; 秃尖长的最佳模型为 E-3, 符合两对加性主基因 + 加性 - 显性多基因模型。

2.3 遗传参数的估计

在亲本自交系 095 (P_1) 与亲本自交系交 L26 (P_2) 这对材料中, 将获得的最适模型的一阶、二阶分布参数极大似然估计值列于表 4。由分布参数通过最小二乘法进一步估计得遗传参数 (表 4)。由表 4 可知, 秃尖长的第 1 对主基因加性效应为 0.0228, 显性效应为 0, 表现为第 1 对主基因呈无显性; 第 2 对主基因的加性效应为 -0.1228, 显性效应为 0, 第 2 对主基因呈无显性。多基因的加性效应为 0.1678, 显性效应为 0.8784, 表现为多基因呈正向超显性。主基因遗传率在 B_1 、 B_2 、 F_2 世代分别为 17.32%、14.93% 和 34.10%, 微效多基因遗传率都为 0。说明主基因对秃尖长的作用远高于微效多基因。

表 2 IECM 算法估计各种遗传模型的 AIC 值

Table 2 The values of AIC obtained from IECM algorithm

模型代号 Model symbol	秃尖长 BTL	穗粗 ED	穗行数 KRE	千粒重 1000-KW	穗重 EW	单株产量 GW
A-1	1592.77	2025.44	2680.07	3951.14	5818.04	5706.76
A-2	1604.09	2177.91	2740.62	3996.63	5955.65	5855.36
A-3	1591.93	2057.76	2686.01	3952.18	5914.26	5810.79
A-4	1638.03	2258.44	2803.91	4035.84	5967.03	5863.05
B-1	1568.03	<u>1923.80</u>	2659.64	<u>3947.90</u>	5754.90	5627.52
B-2	1590.99	1971.59	2667.90	3954.13	5753.26	5623.76
B-3	1690.07	2224.12	2809.83	4058.36	6020.02	5913.88
B-4	1603.84	2175.93	2741.04	3997.56	5955.62	5855.34
B-5	1589.44	2065.09	2687.27	3951.92	5914.59	5811.11
B-6	1587.45	2063.09	2685.28	3964.19	5912.59	5809.11
C	1567.73	1939.10	2659.02	3955.86	5720.29	5588.93
C-1	1586.01	1966.74	2667.55	3966.08	5727.17	5593.85
D	1574.94	1940.85	2661.58	3959.51	5724.10	5592.83
D-1	1567.77	1935.19	2656.08	3954.66	5716.00	5584.65
D-2	1565.77	1933.18	<u>2654.08</u>	3952.66	<u>5714.00</u>	<u>5582.65</u>
D-3	1573.52	1933.19	2654.10	3952.68	5717.37	5585.75
D-4	1565.74	1942.66	2657.63	3953.42	5715.21	5584.24
E	1582.14	1940.85	2668.15	3945.73	5733.30	5602.89
E-1	1570.25	1936.39	2662.60	3950.13	5723.14	5592.85
E-2	1596.20	1961.14	2670.36	3967.45	5734.68	5601.32
E-3	<u>1565.57</u>	1948.65	2661.26	3969.99	5724.66	5592.31
E-4	1590.20	1969.00	2669.45	3967.98	5729.04	5595.73
E-5	1592.21	1958.04	2666.85	3963.46	5731.14	5597.81
E-6	1592.21	—	—	4184.20	5746.24	5594.35

下划线数据为该性状 AIC 最小值 Underlined is the minimum AIC value for that trait

表 3 6 个穗部性状的遗传模型的适合性检验

Table 3 Test for goodness of fit about genetic models of 6 ear traits

性状 Trait	模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_n
秃尖长 BTL	E-3	P_1	2.559(0.1096)	0.630(0.4273)	9.127** (0.0025)	0.5703*	0.2279*
		F_1	2.670(0.1023)	1.653(0.1986)	1.408(0.2354)	0.3501	0.1600
		P_2	0.679(0.4101)	2.890(0.0891)	13.028*(0.0003)	1.2382*	0.3390*
		B_1	1.176(0.2782)	1.650(0.1990)	0.879(0.3484)	0.2403	0.1151
		B_2	4.025*(0.0448)	6.029*(0.0141)	4.208*(0.0402)	0.7313*	0.1590*
		F_2	1.129(0.2880)	0.449(0.5029)	2.060(0.1512)	0.3022	0.1076*
穗粗 ED	B-1	P_1	0.724(0.3947)	0.656(0.4179)	0.003(0.9554)	0.1090	0.1131
		F_1	3.465(0.0627)	0.879(0.3485)	11.965** (0.0005)	0.9301*	0.2795*
		P_2	0.041(0.8395)	0.002(0.9603)	0.343(0.5584)	0.0498	0.1039
		B_1	0.662(0.4157)	0.010(0.9212)	12.588** (0.0004)	0.4460	0.1110
		B_2	2.639(0.1043)	0.392(0.5313)	14.342** (0.0002)	0.7287*	0.1801*
		F_2	2.002(0.1571)	0.726(0.3940)	4.290*(0.0383)	0.4864*	0.1033*
穗行数 KRE	D-2	P_1	0.164(0.6852)	0.316(0.5743)	0.458(0.4984)	0.5947*	0.3187*
		F_1	0.585(0.4443)	0.671(0.4126)	0.099(0.7531)	0.4190	0.2048*
		P_2	0.010(0.9212)	0.261(0.6093)	5.893*(0.0152)	0.7123*	0.2958*
		B_1	1.629(0.2018)	1.009(0.3151)	0.856(0.3549)	0.8466*	0.2128*
		B_2	0.033(0.8565)	0.016(0.8988)	0.037(0.8480)	0.6723*	0.1799*
		F_2	1.096(0.2951)	0.234(0.6284)	4.493*(0.0340)	0.9504*	0.1678*
穗重 EW	D-2	P_1	0.347(0.5560)	0.012(0.9125)	7.398** (0.0065)	0.2456	0.1470
		F_1	0.928(0.3354)	2.061(0.1511)	4.047*(0.0443)	0.2403	0.1543

续表

性状 Trait	模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
单株产量 GW	D-2	P ₂	0.029(0.8651)	0.429(0.5123)	10.754** (0.0010)	0.2716	0.1467
		B ₁	0.870(0.3509)	1.122(0.2895)	0.389(0.5326)	0.1983	0.1050
		B ₂	0.190(0.6633)	0.167(0.6824)	0.002(0.9604)	0.0469	0.0519
		F ₂	0.237(0.6265)	0.654(0.4185)	1.824(0.1768)	0.1034	0.0562
		P ₁	0.245(0.6203)	0.004(0.9484)	2.756(0.0969)	0.1224	0.1347
		F ₁	0.486(0.4855)	1.381(0.2399)	3.999* (0.0455)	0.1670	0.1217
		P ₂	0.017(0.8974)	0.433(0.5105)	9.808** (0.0017)	0.2440	0.1408
		B ₁	0.544(0.4608)	0.883(0.3474)	0.814(0.3670)	0.1505	0.0822
		B ₂	0.108(0.7424)	0.095(0.7576)	0.001(0.9692)	0.0305	0.0455
		F ₂	0.131(0.7177)	0.479(0.4888)	1.873(0.1711)	0.1050	0.0560
千粒重 1000-KW	B-1	P ₁	0.277(0.5988)	0.084(0.7721)	0.773(0.3792)	0.2108	0.1945
		F ₁	0.158(0.6915)	0.009(0.9234)	1.329(0.2491)	0.1260	0.1498
		P ₂	1.623(0.2027)	1.012(0.3144)	0.827(0.3632)	0.3121	0.2058
		B ₁	1.588(0.2076)	1.255(0.2625)	0.159(0.6901)	0.2728	0.1021
		B ₂	1.729(0.1885)	1.307(0.2529)	0.270(0.6033)	0.4190	0.1238
		F ₂	2.392(0.1220)	3.110(0.0778)	1.133(0.2871)	0.3623	0.0845

U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 为均匀性检验统计量; ${}_nW^2$ 为 Smirnov 检验统计量; D_n 为 Kolmogorov 检验统计量; ${}_nW^2$ ($P < 0.05$) 的临界值为 0.461, ($P < 0.01$) 的临界值为 0.743; * 表示在 $P < 0.05$ 水平上差异显著; ** 表示在 $P < 0.01$ 水平上差异显著

U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 are the statistic of Uniformity test; ${}_nW^2$ is the statistic of Smirnov test; D_n is the statistic of Kolmogorov. The critical of ${}_nW^2$ is 0.461 at 0.05 level. The critical of ${}_nW^2$ is 0.743 at 0.01 level. * indicates the different significance at $P < 0.05$ level. ** indicates the different significance at $P < 0.01$ level

表 4 玉米穗部性状的遗传参数估计值

Table 4 Estimates of genetic parameters for ear characters in maize

世代 Generation	参数 Parameter	穗行数 KRE D-2	穗重 EW D-2	单株产量 GW D-2	穗粗 ED D-2	千粒重 1000-KW B-1	秃尖长 BTL E-3
B ₁	d_a				0.5012	5.6035	0.0228
	d_b				0.4967	0.5971	-0.1228
	h_a				0.7813	7.9241	
	h_b				0.7816	8.0031	
	i				-1.5065	3.2080	
	j_{ab}				-0.0779	-7.4809	
	j_{ba}				-0.0731	-2.5381	
	l				-0.0252	-6.2226	
	h						
	d	1.2870	25.4179	22.4706			
	h/d	0	0	0			
	$[d]$	0.1887	-21.8507	-19.3873			0.1678
	$[h]$	3.5760	106.2503	101.0590			0.8784
	$[i]$						
	$[j]$						
$[l]$							
B ₂	σ_p^2	5.2280	937.6124	752.5239			0.7916
	σ_{mg}^2	0.0526	14.7377	10.7225			0.1371
	σ_{pg}^2	1.0086	50.1801	127.7181			0
	σ^2	4.1668	872.6946	614.0833			0.6545
	h_{mg}^2 (%)	1.01	1.57	1.42			17.32
h_{pg}^2 (%)	19.29	5.35	16.97			0	
B ₂	σ_p^2	5.7210	1500.3298	1217.8705			0.7694

续表

世代 Generation	参数 Parameter	穗行数 KRE D-2	穗重 EW D-2	单株产量 GW D-2	穗粗 ED D-2	千粒重 1000-KW B-1	秃尖长 BTL E-3
F ₂	σ_{mg}^2	0.2051	627.6352	549.1500			0.1149
	σ_{pg}^2	1.3491	0	54.6372			0
	σ^2	4.1668	872.6946	614.0833			0.6545
	h_{mg}^2 (%)	3.59	41.83	45.09			14.93
	h_{pg}^2 (%)	23.58	0	4.49			0
	σ_p^2	8.6842	1839.9028	1553.9203			0.9931
	σ_{mg}^2	1.9516	416.1128	313.8567			0.3386
	σ_{pg}^2	2.5658	551.0954	625.9803			0
	σ^2	4.1668	872.6946	614.0833			0.6545
	h_{mg}^2 (%)	22.47	22.62	20.20			34.10
h_{pg}^2 (%)	29.55	29.95	40.28			0	

d_a : 主效 a 基因加性效应; d_b : 主效 b 基因加性效应; h_a : 主效 a 基因显性效应; h_b : 主效 b 基因显性效应; [d]: 多基因加性效应; [h]: 多基因显性效应; i: 主效基因 a、b 间加性互作; j_{ab} : a 基因加性与 b 基因显性互作; j_{ba} : b 基因加性与 a 基因显性互作; l: 主基因显性与显性互作; d: 主基因加性效应; h: 主基因显性效应; h/d: 主基因显性度; σ_p^2 : 群体表型方差; σ_{mg}^2 : 分离群体主基因遗传方差; σ_{pg}^2 : 分离群体微效多基因遗传方差; σ^2 : 环境方差; h_{mg}^2 (%): 分离群体主基因遗传率; h_{pg}^2 (%): 分离群体微效多基因遗传率; [i]: 多基因加性与加性互作; [j]: 多基因加性与显性互作; [l]: 多基因显性与显性互作

d_a refers to the additive effect of major gene a; d_b refers to the additive effect of major gene b; h_a refers to the dominant effect of major gene a; h_b refers to the dominant effect of major gene b; [d] refers to the additive effects of minor genes; [h] refers to the dominant effects of minor genes; i refers to the interaction of additive effects between major gene a and b; j_{ab} refers to the interaction between the additive effect of major gene a and the dominant effect of major gene b; j_{ba} refers to the interaction between the additive effect of gene b and the dominant effect of gene a; l refers to the interaction of dominant effects between the 2 major genes, d refers to the additive effect of major gene; h refers to the dominant effect of major gene; h/d refers to the degree of dominance of major gene; σ_p^2 refers to the phenotypic variance of groups; σ_{mg}^2 refers to the genetic variance of separation groups' major gene; σ_{pg}^2 refers to the genetic variance of separation groups' minor genes; σ^2 refers to the environment variance; h_{mg}^2 (%) refers to the heritability of separation groups major gene; h_{pg}^2 (%) refers to the heritability of separation groups' minor genes, [i] refers to the additive-additive interaction of minor genes; [j] refers to the additive-dominant interaction of minor genes; [l] refers to the dominant-dominant interaction of minor genes

穗行数主基因的加性效应为 1.2870, 微效多基因的加性效应为 0.1887, 显性效应为 3.5760, 微效多基因呈正向超显性。主基因遗传率在 B_1 、 B_2 、 F_2 分别为 1.01%、3.59% 和 22.47%, 微效多基因遗传率分别为 19.29%、23.58% 和 29.55%, 3 个世代的多基因遗传率均大于主基因遗传率, 说明微效多基因对穗行数的作用明显。在育种实践中, 应该重视微效基因对性状的贡献, 可以采用轮回选择或通过聚合回交法转移多基因。

穗粗的第 1 对主基因加性效应为 0.5012, 显性效应为 0.7813, 表现为第 1 对主基因呈正向超显性; 第 2 对主基因的加性效应为 0.4967, 显性效应为 0.7816, 表现为第 2 对主基因呈正向超显性。上位性效应以加加上位为主。

千粒重的第 1 对主基因加性效应为 5.6035, 显性效应为 7.9241, 表现为第 1 对主基因呈正向超显性; 第 2 对主基因的加性效应为 0.5971, 显性效应为 8.0031, 表现为第 2 对主基因呈正向超显性。上位性效应以显显上位和加显上位为主。

穗重主基因的加性效应 25.4179, 微效多基因

的加性效应为 -21.8507, 显性效应为 106.2503, 表现微效多基因呈负向超显性。主基因遗传率在 B_1 、 B_2 和 F_2 分别为 1.57%、41.83% 和 22.62%, 微效多基因遗传率分别为 5.35%、0 和 29.95%, 说明主基因和微效多基因对穗重都有一定作用, 以多基因遗传为主。

单株产量主基因的加性效应为 22.4706, 微效多基因的加性效应为 -19.3873, 显性效应为 101.0590, 微效多基因呈负向超显性。主基因遗传率在 B_1 、 B_2 、 F_2 分别为 1.42%、45.09% 和 20.20%, 微效多基因遗传率分别为 16.97%、4.49% 和 40.28%, 其中 F_2 的多基因遗传率为 40.28%, 说明主基因和微效多基因对单株产量作用都非常明显, 以多基因遗传为主。

3 讨论

对于玉米穗部性状的遗传, 不同研究者^[13-16]由于所用材料和方法不同, 获得的结果不尽相同, 研究表明, 多数穗部性状的遗传符合主基因 + 多基因遗传模型, 说明存在控制这些性状的主基因。向

道权等^[13]研究认为秃顶长和穗行数存在 2 对主基因,行粒数和千粒重存在 1 对完全显性主基因。赵刚等^[14]研究表明,超高油组合 0410 × 1155 穗粗、穗秃顶的遗传分别符合 1 对及 2 对主基因 + 多基因遗传模型,超高油组合 0417 × 1025 的单穗粒重和穗秃尖的遗传符合 1 对主基因 + 多基因遗传模型,百粒重的遗传符合 2 对主基因 + 多基因遗传模型。石明亮等^[15]研究认为,行粒数在 S1 × S3 和 S3 × S7 两个组合中以主基因遗传为主,穗行数在 S3 × S7 组合中以主基因遗传为主。包和平等^[16]以高淀粉玉米杂交组合郑单 958 为材料,研究表明穗长由多基因控制;百粒重、单穗重、行粒数由 1 对加性主基因 + 加性 - 显性多基因控制;秃尖长由 1 对加性 - 显性主基因 + 加性 - 显性多基因控制;百粒重、单穗重、行粒数和秃尖长均检测到主基因的存在。本研究运用多世代联合分析方法,对玉米穗部性状进行了初步的遗传分析,其中秃尖长、千粒重和穗粗的遗传以主基因遗传为主。

有关玉米穗部性状的遗传研究报道较多,一般认为,穗重主要受加性基因控制为主^[1-2],秃尖长受基因加性效应和非加性效应的共同影响^[7];穗行数、穗粗和千粒重以加性效应为主^[1,3,5,7-8]和受加性和非加性基因共同作用的结果^[2];关于单株产量遗传的报道分歧较大,由以加性效应为主^[1,3-4,8]和受加性和非加性基因共同作用的结果^[2],及主要受非加性效应的影响^[7]。本研究表明,加性效应在穗部性状遗传中起着十分重要的作用,显性效应次之,上位性效应的显著性则因性状不同而异。符合 D-2 模型的穗行数、穗重、单株产量等性状均表现为 1 对主基因控制,秃尖长由两对主基因控制,主基因都表现为以加性效应为主,多基因位点以显性总效应为主,多基因位点的加性效应总效应较小。符合 B-1 模型的穗粗、千粒重的上位性效应的显著性因性状不同而异。因此,对于加性效应为主的基因,可以在遗传率相对较高的世代,通过杂交、回交转移。对于多基因,可以在遗传率相对较高的世代,通过轮回选择集中增效基因。

随着遗传模型和分析方法的不断发展和完善^[17-18],QTL 分析已成为研究数量性状遗传机制的有效方法。在玉米数据库中^[19]已经收录了关于穗行数、穗粗、轴粗、穗长等穗部性状 168 个 QTL,这些 QTL 的研究揭示了一些穗部性状的部分遗传特

征^[20],通过 QTL 定位找到与这些基因紧密连锁的分子标记,采用分子标记辅助选择的方法可以提高育种效果^[21-22]。如果找到了与秃尖长、千粒重和穗粗有关的主基因分子标记,对于降低秃尖长、增加千粒重和穗粗将大有帮助。

参考文献

- [1] 刘宗华,王琳,李浩川,等.不同玉米基础群体选系穗部性状配合力效应分析[J].河南农业大学学报,2010,44(2):137-141
- [2] 敖君.几个玉米自交系主要数量性状配合力分析[J].玉米科学,1999,7(1):41-42
- [3] 李继竹,王爽,郭宝贵,等.玉米穗粒性状的遗传性研究[J].吉林农业大学学报,2004,26(5):494-498
- [4] 彭云承,马学明.几个常用玉米自交系主要数量性状的配合力分析[J].杂粮作物,2001,21(4):1-4
- [5] 曹靖生.玉米几个穗部性状的遗传分析[J].黑龙江农业科学,1994(2):9-11
- [6] 焦仁海,刘兴武,孙发明,等.玉米穗部产量性状配合力和遗传参数分析[J].玉米科学,2008,16(6):24-28
- [7] 姜敏,刘静.玉米穗部性状配合力的研究[J].玉米科学,2004,12(4):12-15
- [8] 李开忠,李盛昱.玉米穗部性状的遗传性研究[J].玉米科学,2006,14(3):13-16
- [9] 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,2003:224-260
- [10] 章元明,盖钧镒,王健康.利用回交 B₁ 和 B₂ 及 F₂ 群体鉴定数量性状两对主基因 + 多基因混合遗传模型[J].生物数学学报,2000,15(3):358-366
- [11] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of QTL model and effects[J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 1162-1168
- [12] 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
- [13] 向道权,黄烈健,曹永国,等.玉米产量性状主基因 - 多基因遗传效应的初步研究[J].华北农学报,2001,16(3):1-5
- [14] 赵刚,张亚平,席世丽,等.微胚乳超高油玉米产量性状的主基因 + 多基因遗传分析[J].玉米科学,2009,17(2):7-11
- [15] 石明亮,江建华,梁奎,等.玉米新选自交系 2 个组合 6 个世代穗行数和行粒数的遗传分析[J].华北农学报,2010,25(5):104-111
- [16] 包和平,李颖,李春成.高淀粉玉米“郑单 958”主要农艺性状主基因 + 多基因遗传分析[J].吉林农业大学学报 2010,32(3):245-248
- [17] 马雪霞,丁业掌,蒋峰,等.亚洲棉纤维品质和产量性状的主基因与多基因遗传分析[J].植物遗传资源学报,2008,9(2):212-217
- [18] 闫世江,司龙庭,张建军,等.黄瓜苗期低温弱光下耐低温性主基因 - 多基因联合遗传分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(2):281-285
- [19] Maize Genetics and Genomics Database[DB/OL]. <http://www.maizegdb.org/qlt.php> (2012-05-15)
- [20] 谭巍巍,王阳,李永祥,等.不同环境下多个玉米穗部性状的 QTL 分析[J].中国农业科学,2011,44(2):233-244
- [21] 向道权,黄烈健,戴景瑞.玉米产量 QTL 和杂种优势遗传基础研究进展[J].中国农业大学学报,1999,4(S):1-7
- [22] Stuber C W. Biochemical and molecular markers in plant breeding [J]. Plant Breeding Rev, 1992, 9: 37-61