

春小麦籽粒蛋白质和氨基酸含量的 杂种优势及配合力分析*

江德亨 张怀刚 纪兰菊 王 经 王志国 陈 峰

(中国科学院西北高原生物研究所) (中国科学院兰州近代物理研究所)

摘 要

本文用西北高原生物研究所新育成的6个稳产高产较优质品种(系)和6个来自国内外的
高蛋白质品种(系)以 $P \times Q$ 不完全双列杂交方法分析了春小麦品种(系)籽粒蛋白质含量及12种
水解氨基酸含量的杂种优势和配合力,探讨了青海高原春小麦籽粒蛋白质和氨基酸含量的遗
传特性,为青海高原春小麦营养品质的改良提供了理论与实践基础,并从改良营养品质的角
度,筛选出一些较理想的杂交亲本和杂交组合。此外,还认为可把总配合力效应作为预测杂种
性状表现和杂种优势的一个重要指标。

关键词: 春小麦;营养品质;遗传分析

一、前 言

目前世界许多国家把小麦品质作为一个重要的育种目标,并进行了大量的研究工作
(Johnson 等, 1973; Halloran, 1975; Konzak, 1977; Dhaliwai, 1977; Mihaljiv, 等,
1978; 李宗智, 1981; 1982)。国内小麦品质育种起步较晚,有关品质遗传的报道不多。
丁寿康等(1985)将来自我国各地的小麦品种籽粒蛋白质含量进行了分析,并对蛋白
质含量的遗传与育种问题作了探讨;朱睦元等(1984)以6个小麦品种完全双列杂交方
法分析了小麦籽粒蛋白质含量的杂种优势及配合力;李宗智(1985)以7个冬小麦品种按
 3×4 不完全双列杂交方法研究了小麦籽粒蛋白质含量和品质的遗传。关于小麦籽粒中
氨基酸含量的遗传研究则更少,且仅为色氨酸和赖氨酸等少数氨基酸的研究报道(朱睦元
等, 1984; 丁寿康等, 1985)。张怀刚等(1990)对青海高原春小麦籽粒中氨基酸含量在基因
型间的变化规律作过报道。本文应用 $P \times Q$ 不完全双列杂交方法研究12个春小麦品种
(系)籽粒蛋白质含量和12种氨基酸含量的杂种优势及配合力,进一步探讨青海高原春小
麦籽粒蛋白质含量和氨基酸含量的表现及遗传规律,以为青海高原春小麦品质育种积

* 本文承陈集贤研究员指导和审阅,白秦安同志参加杂交工作,特此致谢。

本文1989年5月29日收到。

累资料,寻找高蛋白质、高氨基酸配合力高的亲本材料,筛选优良杂交组合。

二、材料与方 法

选用具有高产和/或优质的12个春小麦品种(系)作为 6×6 不完全双列杂交亲本。母本为高原602(1)、85繁462(2)、85繁464(3)、85繁466(4)、85繁461(5)和85繁458(6),均为西北高原生物研究所新育成的稳产高产较优质品种(系);父本为高蛋白质品种(系):墨西哥的Vee“s”#5(7)、肯尼亚的Kenya C6042(8)、印度的NP 880-2(9)、南斯拉夫的Cocer 68-8(10)、和中国农业科学院的中引8325(11)及青海省大通1080(12)。1985年冬在云南省元谋县按 $P \times Q$ 交配模式配制成36个杂交组合,1986年春将杂种 F_1 及杂交亲本种于青海省西宁市彭家寨乡试验点。试验地为中等肥力水平,随机区组设计,重复3次,行距0.2米,行长2米,株距0.05米,单行区。成熟后分区收获脱粒。用快中子活化法测定籽粒中氮素含量,乘以系数5.7,即得籽粒中蛋白质含量百分率;用日本产Waters-AAA 721氨基酸自动分析仪测定籽粒中水解氨基酸含量,样品前处理参照Phillips(1983)的方法,测定结果以氨基酸占籽粒重量的百分率表示(张怀刚等,1990)。鉴于杂种优势及配合力分析不能处理具有缺值的向量,仅将籽粒蛋白质含量和12种水解氨基酸含量的数据用于本文分析。实验数据用IBM PC/XT电子计算机处理,按照刘来福等(1984)介绍的方法进行统计运算及分析。

三、结果与分析

(一) 杂种优势

1. 亲子相关

为了解杂种与杂交亲本间各性状的平均数的关系,将36个杂种的各性状的平均值、高亲平均值、低亲平均值和中亲平均值列入表1。

从表1可以看出,杂种各性状的平均值,除赖氨酸和蛋氨酸略低于低亲平均值外,其余均介于高亲平均值与低亲平均值之间,其中多数性状的杂种平均值趋向于中亲平均值,蛋白质、谷氨酸、缬氨酸和异亮氨酸等4个性状稍高于中亲平均值,其余性状的杂种平均值稍低于中亲平均值。由此可见,杂种的性状表现与双亲及中亲值有密切关系。因此,在亲本选配时,双亲之一必须具备改良性状的高值或较高值,以提高杂种 F_1 及以后世代的表型值,达到改良之目的。

2. 杂种优势

平均优势的测定表明(表2),谷氨酸、异亮氨酸、缬氨酸和蛋白质的平均优势为较弱的正值,其余性状的平均优势为负值。但是平均优势在杂交组合间却有很大的变幅(表2)。如蛋白质从“85繁458 \times NP 880-2”的-39.52%到“高原602 \times Cocer 68-8”的50.56%不等;赖氨酸从“85繁466 \times 大通1080”的-54.37%到“85繁464 \times Cocer 68-8”的36.59%不等;其他性状类同。

虽然这些性状有5.6—52.8%的杂交组合负向超低亲,但有13.9—63.9%的杂交组合正向超中亲,甚至有8.3—36.1%的杂交组合正向超高亲(表3)。因此,尽管多数性状的平均优势平均值为负值,但杂交组合间变幅很大,且有一定比例的杂交组合超中亲,甚至超高亲。同一杂交组合对于不同性状所显示的平均优势差异也很大。如“高原602 \times Cocer 68-8”组合,天冬氨酸呈负向优势(-10.72%),其余性状均呈正向优势,且苏氨

表1 杂种与亲本性状间的关系

Table 1 Relationship between parents and their hybrids in character performance (%)

性状 Character	杂种 Hybrids \bar{x}	中亲 Middle parents \bar{x}	高亲 Maximum parents \bar{x}	低亲 Minimum parents \bar{x}
蛋白质 Pro ¹⁾	12.30	12.27	14.29	10.26
天冬氨酸 Asp	0.6971	0.7916	0.8929	0.6903
苏氨酸 Thr	0.3523	0.3788	0.4143	0.3447
丝氨酸 Ser	0.6090	0.6507	0.7124	0.5888
谷氨酸 Glu	4.6481	4.4581	4.9028	4.0131
甘氨酸 Gly	0.5295	0.5374	0.5824	0.4923
丙氨酸 Ala	0.4932	0.4969	0.5327	0.4606
缬氨酸 Val	0.5170	0.5083	0.5522	0.4644
蛋氨酸 Met	0.0995	0.1169	0.1303	0.1035
异亮氨酸 Iso	0.3655	0.3572	0.3925	0.3218
亮氨酸 Leu	0.6700	0.6876	0.7607	0.6146
苯丙氨酸 Phe	0.4101	0.4343	0.4653	0.4033
赖氨酸 Lys	0.3564	0.4619	0.5613	0.3625

注 (Note): 1. Pro = Protein Asp = Aspartic acid Thr = Threonine Ser = Serine Glu = Glutamic acid Gly = Glycine Ala = Alanine Val = Valine Met = Methionine Iso = Isoleucine Leu = Leucine Phe = Phenylalanine Lys = Lysine

2. 性状缩写符号以下表同。

Abbreviations in following tables as in this table.

酸、丝氨酸、谷氨酸、甘氨酸、缬氨酸、亮氨酸和蛋白质表现为正向优势极值。所以,只要亲本选择合理,组合配制恰当,改良这些性状是完全可能的。

表2 平均优势及变异幅度

Table 2 Average heterosis and their variational ranges

性状 Character	优势平均值 Heterosis \bar{x}	标准差 D	变异系数 Variational coefficient	变幅 Range
Pro	0.90	16.30	11811.11	-39.52—50.56
Asp	-11.41	17.74	155.48	-49.07—33.35
Thr	-6.81	11.53	169.31	-36.78—26.51
Ser	-5.78	14.32	247.75	-38.07—31.77
Glu	4.46	15.27	342.38	-22.04—40.33
Gly	-1.07	10.66	996.26	-27.40—29.53
Ala	-0.18	16.66	9255.56	-24.46—64.47
Val	2.35	12.12	515.74	-29.48—39.86
Met	-14.11	20.79	147.34	-51.22—42.84
Iso	3.25	14.25	438.46	-28.21—43.21
Leu	-1.74	13.87	797.13	-28.51—35.54
Phe	-4.89	16.91	345.81	-32.24—31.57
Lys	-18.66	21.12	113.18	-54.37—36.59

(二) 配合力

13个性状的方差分析表明(表4),区组间除蛋白质和异亮氨酸含量达极显著水准外,

表3 超亲杂交组合数及百分率

Table 3 Transgressive crosses and their percentages

性状 Character	正向超高亲 Higher than maximum		正向超中亲 Higher than middle		负向超低亲 Lower than minimum	
	组合数 Crosses	%	组合数 Crosses	%	组合数 Crosses	%
Pro	6	16.7	15	41.7	2	5.6
Asp	3	8.3	8	22.2	19	52.8
Thr	4	11.1	7	19.4	17	47.2
Ser	4	11.1	11	30.6	16	44.4
Glu	13	36.1	20	55.6	8	22.2
Gly	8	22.2	11	30.6	9	25.0
Ala	11	30.6	14	38.9	13	36.1
Val	11	30.6	23	63.9	6	16.7
Met	5	13.9	9	25.0	19	52.8
Iso	12	33.3	21	58.3	5	13.9
Leu	8	22.2	12	33.3	10	27.8
Phe	11	30.6	13	36.1	17	47.2
Lys	4	11.1	5	13.9	17	47.2
平均 Mean	7.7	21.4	13.0	36.1	12.2	33.9

注: 本试验杂交组合=36

Note: The number of crosses in the test was 36.

其余性状均不显著;全部性状的组合间方差均达显著或极显著水准,说明杂交组合(基因型)间存在着真实的遗传差异。进一步分析组合间方差表明(表4),母本除天冬氨酸、

表4 籽粒蛋白质和氨基酸含量的方差分析

Table 4 Analysis of variance of the incomplete diallel data for contents of grain protein and amino acids

性状 Character	区组间 Blocks	组合间 Crosses	母本 Female parents	父本 Male parents	交互 Interaction	误差 Error
	(2)	(35)	(5)	(5)	(25)	(70)
Pro	14.643**	8.230**	4.810*	29.853**	4.809**	1.776
Asp	0.0809	0.0510**	0.0543	0.0726*	0.0541**	0.0259
Thr	0.0002	0.0054**	0.0024**	0.0146**	0.0041**	0.00049
Ser	0.0066	0.0253**	0.0231**	0.0528**	0.0230**	0.0044
Glu	0.8090	1.2790**	1.0530*	3.6513**	1.0528**	0.3304
Gly	0.0023	0.0071**	0.0063	0.0149**	0.0063*	0.0033
Ala	0.0211	0.0159*	0.0164	0.0199*	0.0163*	0.0084
Val	0.0026	0.0062**	0.0060**	0.0183**	0.0039**	0.0014
Met	0.0006	0.0014**	0.0016*	0.0028**	0.0011**	0.0005
Iso	0.0066**	0.0037**	0.0041*	0.0111**	0.0022	0.0016
Leu	0.0171	0.0187**	0.0160*	0.0435**	0.0159**	0.0063
Phe	0.0094	0.0120**	0.0161**	0.0276**	0.0081*	0.0047
Lys	0.0013	0.0066*	0.0064	0.0084	0.0063	0.0040

注 (Note): **, * 分别为概率 5% 和 1% 上显著。Significant at 0.05 and 0.01 probability level, respectively. () 为自由度 Degree of freedom

表5 亲本蛋白质和氨基酸的一般配合力效应

Table 5 Effects of g.c.a. for grain protein and amino acids

性状 Character	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
Pro	0.730 (2)	-0.305 (9)	-0.154 (7)	0.281 (5)	-0.551 (10)	-0.001 (6)	-1.846 (12)	0.308 (4)	-0.629 (11)	2.036 (1)	0.411 (3)	-0.282 (8)
Asp	-0.042 (10)	0.023 (4)	0.010 (5)	-0.022 (8)	0.001 (6)	0.030 (3)	-0.069 (12)	-0.002 (7)	-0.034 (9)	0.045 (2)	0.102 (1)	-0.042 (10)
Thr	0.001 (4)	-0.014 (10)	-0.005 (8)	0.001 (4)	-0.003 (7)	0.021 (2)	-0.020 (11)	-0.002 (6)	-0.008 (9)	0.053 (1)	0.005 (3)	-0.028 (12)
Ser	-0.011 (9)	-0.032 (11)	0.011 (4)	0.009 (5)	-0.009 (8)	0.033 (2)	-0.069 (12)	-0.003 (6)	-0.007 (7)	0.093 (1)	0.018 (3)	-0.031 (10)
Glu	0.077 (2)	-0.034 (8)	-0.021 (7)	0.027 (4)	-0.047 (9)	-0.002 (5)	-0.532 (12)	-0.183 (11)	0.067 (3)	0.816 (1)	-0.004 (6)	-0.164 (10)
Gly	0.009 (3)	-0.012 (9)	-0.008 (8)	0.019 (2)	-0.017 (10)	0.009 (3)	-0.042 (12)	0.009 (3)	0.007 (6)	0.042 (1)	0.004 (7)	-0.020 (11)
Ala	-0.017 (10)	-0.025 (11)	0.038 (2)	-0.012 (9)	0.016 (4)	0.000 (5)	-0.052 (12)	-0.011 (8)	-0.001 (6)	0.045 (1)	-0.006 (7)	0.025 (3)
Val	0.030 (2)	0.001 (5)	-0.026 (11)	-0.005 (7)	0.008 (3)	-0.008 (8)	-0.021 (10)	-0.015 (9)	0.001 (5)	0.060 (1)	0.003 (4)	-0.028 (12)
Met	0.000 (5)	-0.010 (10)	0.002 (4)	0.004 (3)	-0.011 (11)	0.015 (2)	-0.001 (6)	-0.004 (8)	-0.011 (11)	0.025 (1)	-0.002 (7)	-0.006 (9)
Iso	0.019 (2)	0.005 (4)	-0.025 (12)	-0.008 (9)	0.008 (3)	0.002 (5)	-0.010 (10)	-0.005 (7)	-0.007 (8)	0.048 (1)	-0.003 (6)	-0.024 (11)
Leu	0.005 (3)	-0.009 (8)	-0.031 (10)	0.002 (5)	0.001 (7)	0.033 (2)	-0.034 (11)	0.005 (3)	-0.028 (9)	0.093 (1)	0.002 (5)	-0.038 (12)
Phe	-0.013 (8)	0.001 (5)	-0.017 (9)	-0.006 (6)	-0.023 (10)	0.058 (2)	-0.007 (7)	0.021 (3)	-0.035 (11)	0.060 (1)	0.008 (4)	-0.047 (12)
Lys	-0.004 (7)	-0.009 (8)	-0.014 (10)	-0.010 (9)	0.001 (5)	0.037 (1)	0.015 (3)	0.002 (4)	-0.014 (10)	0.031 (2)	-0.003 (6)	-0.030 (12)

注: ()为数值大小顺序,表6同。Note Order of magnitude the same in Table 6.

表6 蛋白质和氨基酸含

Table 6 Effects of s.c.a. for grain

组合 Cross	Pro	Asp	Thr	Ser	Glu	Gly
1×7	-0.298 (21)	-0.004 (18)	-0.022 (29)	-0.061 (30)	-0.363 (27)	-0.023 (29)
1×8	0.888(8)	-0.011 (19)	0.004 (19)	-0.030 (22)	0.328 (10)	0.010 (14)
1×9	-0.552 (27)	0.168 (4)	0.031 (5)	0.087 (6)	-0.276 (26)	0.017 (12)
1×10	1.720 (2)	0.089 (8)	0.056 (1)	0.162 (1)	0.957 (2)	0.073 (3)
1×11	-1.292 (35)	-0.172 (35)	-0.029 (31)	-0.090 (33)	-0.668(33)	-0.057 (34)
1×12	-0.465 (24)	-0.070 (25)	-0.041 (34)	-0.069 (31)	0.022 (18)	-0.021 (28)
2×7	-0.523 (25)	-0.079 (26)	-0.014 (14)	0.007 (18)	-0.399 (29)	0.008 (15)
2×8	1.270 (6)	0.273 (1)	0.029 (7)	0.118 (3)	0.535 (6)	0.030 (6)
2×9	-0.023 (19)	0.027 (10)	0.015 (12)	0.024 (14)	-0.150 (23)	-0.001 (17)
2×10	0.099 (16)	-0.124 (33)	-0.018 (27)	-0.057 (28)	-0.171 (24)	-0.018 (23)
2×11	-0.193 (20)	0.022 (11)	0.000 (21)	-0.034 (23)	-0.215 (25)	-0.014 (22)
2×12	-0.630 (29)	-0.119 (32)	-0.040 (33)	-0.057 (28)	0.400 (8)	-0.005 (18)
3×7	0.216 (13)	-0.085 (28)	-0.008 (24)	-0.051 (26)	-0.396 (28)	-0.020 (26)
3×8	1.792 (1)	-0.027 (22)	0.022 (9)	0.036 (12)	-0.129 (21)	-0.007 (19)
3×9	-0.794 (30)	-0.100 (30)	-0.074 (35)	-0.125 (35)	0.145 (12)	-0.028 (30)
3×10	-0.529 (26)	0.063 (9)	0.030 (6)	0.048 (9)	0.452 (7)	0.016 (13)
3×11	-0.884 (31)	0.143 (5)	0.023 (8)	0.091 (5)	0.847 (3)	0.077 (2)
3×12	0.199 (14)	0.005 (17)	0.007 (18)	0.002 (19)	-0.919(36)	-0.038 (32)
4×7	-0.429 (23)	-0.012 (20)	-0.004 (23)	0.016 (15)	0.137 (13)	-0.013 (21)
4×8	0.034 (18)	-0.013 (21)	0.020 (10)	0.009 (17)	0.055 (16)	0.089 (1)
4×9	-0.976 (33)	-0.127 (34)	-0.014 (26)	-0.036 (24)	-0.052 (20)	-0.020 (26)
4×10	-0.564 (28)	-0.051 (24)	-0.018 (27)	-0.037 (25)	-0.648 (32)	-0.046 (33)
4×11	0.221 (12)	-0.040 (23)	-0.022 (29)	-0.075 (32)	-0.615 (31)	-0.066 (35)
4×12	1.714 (3)	0.242 (2)	0.038 (3)	0.124 (2)	1.123 (1)	0.056 (4)
5×7	0.980 (7)	0.011 (16)	0.012 (15)	0.048 (9)	0.631 (4)	0.030 (6)
5×8	-0.370 (22)	0.019 (13)	0.015 (12)	0.033 (13)	-0.039 (19)	-0.036 (31)
5×9	0.836 (9)	0.019 (13)	-0.002 (22)	-0.026 (21)	0.023 (17)	0.007 (16)
5×10	-1.189 (34)	-0.103 (31)	-0.039 (32)	-0.096 (34)	-0.715 (34)	-0.018 (23)
5×11	0.673 (10)	0.134 (6)	0.011 (16)	0.097 (4)	0.591 (5)	0.036 (5)
5×12	-0.930 (32)	-0.081 (27)	0.003 (20)	-0.055 (27)	-0.490 (30)	-0.019 (25)
6×7	0.053 (17)	0.170 (3)	0.008 (17)	0.040 (11)	0.389 (9)	0.018 (11)
6×8	-3.614 (36)	-0.242 (36)	-0.091 (36)	-0.164 (36)	-0.749 (35)	-0.086 (36)
6×9	1.509 (4)	0.013 (15)	0.043 (2)	0.077 (7)	0.310 (11)	0.024 (9)
6×10	0.464 (11)	0.126 (7)	-0.011 (25)	-0.019 (20)	0.126 (14)	-0.007 (19)
6×11	1.476 (5)	-0.088 (29)	0.017 (11)	0.011 (16)	0.060 (15)	0.023 (10)
6×12	0.112 (15)	0.022 (11)	0.034 (4)	0.056 (8)	-0.136 (22)	0.028 (8)

量的特殊配合力效应

protein and amino acids

Ala	Val	Met	Iso	Leu	Phe	Lys
0.007 (16)	-0.034 (31)	-0.011 (27)	-0.030 (34)	-0.057 (32)	-0.045 (31)	-0.037 (31)
0.017 (13)	0.038 (4)	-0.001 (20)	0.042 (2)	0.023 (10)	0.012 (16)	0.020 (9)
-0.007 (19)	-0.028 (28)	0.010 (11)	-0.030 (34)	0.016 (13)	0.020 (12)	0.003 (14)
0.060 (5)	0.072 (1)	0.025 (3)	0.036 (3)	0.126 (1)	0.025 (10)	0.015 (11)
-0.018 (20)	-0.043 (34)	-0.010 (26)	-0.022 (29)	-0.117 (35)	-0.037 (28)	-0.010 (22)
-0.059 (32)	-0.005 (22)	-0.013 (29)	0.003 (18)	0.008 (17)	0.027 (8)	0.010 (13)
0.021 (11)	0.002 (17)	0.008 (12)	-0.001 (21)	-0.004 (20)	-0.018 (26)	-0.018 (25)
0.033 (8)	-0.016 (27)	0.012 (10)	-0.010 (24)	0.098 (3)	0.076 (1)	0.029 (8)
-0.022 (22)	0.001 (18)	0.014 (9)	-0.012 (27)	-0.013 (22)	0.004 (19)	0.002 (15)
0.032 (9)	0.008 (12)	-0.012 (28)	0.023 (4)	-0.011 (21)	-0.009 (24)	0.012 (12)
-0.024 (24)	0.004 (14)	0.004 (16)	0.010 (12)	-0.015 (23)	-0.006 (23)	-0.009 (21)
-0.039 (26)	0.000 (20)	-0.025 (34)	-0.010 (24)	-0.055 (31)	-0.047 (32)	-0.015 (24)
-0.062 (34)	-0.005 (22)	-0.002 (22)	0.001 (20)	-0.038 (27)	-0.039 (29)	-0.026 (29)
-0.051 (29)	0.015 (11)	0.016 (7)	0.012 (11)	0.011 (16)	0.037 (7)	0.016 (10)
-0.113 (36)	-0.007 (26)	-0.036 (35)	0.005 (16)	-0.031 (24)	-0.014 (25)	-0.037 (31)
-0.040 (27)	-0.005 (22)	0.028 (1)	-0.014 (28)	-0.002 (18)	0.022 (11)	0.062 (3)
0.046 (6)	0.041 (3)	-0.023 (33)	0.007 (14)	0.091 (4)	-0.001 (21)	-0.065 (35)
0.221 (1)	-0.038 (33)	0.017 (4)	-0.011 (26)	-0.035 (25)	-0.004 (22)	0.050 (4)
0.012 (14)	0.003 (15)	0.003 (18)	0.014 (9)	0.058 (6)	0.056 (4)	0.000 (16)
0.080 (3)	0.062 (2)	0.005 (14)	0.048 (1)	0.049 (9)	0.073 (3)	0.032 (7)
-0.048 (28)	-0.006 (25)	-0.001 (20)	-0.002 (22)	-0.036 (26)	-0.032 (27)	0.049 (5)
-0.005 (18)	-0.050 (35)	-0.018 (32)	-0.029 (32)	-0.053 (30)	0.013 (15)	-0.007 (20)
-0.060 (33)	-0.036 (32)	-0.004 (23)	-0.026 (31)	-0.086 (34)	-0.069 (34)	-0.032 (30)
0.022 (10)	0.026 (7)	0.016 (7)	-0.006 (23)	0.070 (5)	-0.040 (30)	-0.041 (33)
0.004 (17)	0.006 (13)	0.007 (13)	0.002 (19)	0.018 (12)	0.020 (12)	-0.023 (27)
-0.020 (21)	-0.029 (29)	0.004 (16)	-0.029 (32)	-0.039 (28)	-0.073 (35)	-0.018 (25)
0.119 (2)	0.022 (8)	-0.014 (30)	0.020 (6)	0.012 (14)	0.010 (18)	-0.013 (23)
-0.023 (23)	-0.030 (30)	-0.014 (30)	-0.022 (29)	-0.077 (33)	-0.050 (33)	-0.025 (28)
0.012 (14)	0.033 (5)	0.017 (4)	0.022 (5)	0.125 (2)	0.076 (1)	0.079 (2)
-0.092 (35)	-0.002 (21)	0.001 (19)	0.007 (14)	-0.039 (28)	0.017 (14)	-0.001 (17)
0.019 (12)	0.028 (6)	-0.005 (24)	0.014 (9)	0.022 (11)	0.027 (8)	0.105 (1)
-0.058 (31)	-0.070 (36)	-0.036 (35)	-0.064 (36)	-0.141 (36)	-0.124 (36)	-0.079 (36)
0.071 (4)	0.018 (10)	0.028 (1)	0.019 (7)	0.052 (7)	0.012 (16)	-0.004 (18)
-0.025 (25)	0.003 (15)	-0.009 (25)	0.005 (16)	0.012 (14)	0.000 (20)	-0.056 (34)
0.045 (7)	0.001 (18)	0.017 (4)	0.008 (13)	0.002 (18)	0.038 (6)	0.038 (6)
-0.052 (30)	0.019 (9)	0.005 (14)	0.017 (8)	0.052 (7)	0.047 (5)	-0.004 (18)

丙氨酸、赖氨酸和甘氨酸外，其余性状均达显著或极显著水准；父本除赖氨酸不显著，天冬氨酸和丙氨酸达显著水准外，其余性状均达极显著水准；母本与父本互作方差除异亮氨酸和赖氨酸不显著，甘氨酸、丙氨酸和苯丙氨酸达显著水准外，其余性状达极显著水准。

1. 一般配合力

一般配合力(g.c.a.)效应作为加性基因效应的度量。选择营养品质性状 g.c.a. 效应高者作为杂交亲本，对于小麦品质育种具有重要意义。但是，蛋白质和 12 种氨基酸的 g.c.a. 效应在不同基因型间，同一基因型不同性状间均表现不同，且变化很大(表 5)。

蛋白质的 g.c.a. 效应在亲本间变动于 -1.846—2.036 之间，12 个亲本中 g.c.a. 效应表现为正值的有 5 个，其从大到小顺序为亲本 10、1、11、8 和 4。12 种氨基酸的 g.c.a. 效应以谷氨酸的变化最大，变动于 -0.532—0.816 之间，蛋氨酸变幅最小，变动在 -0.011—0.025 之间。亲本 10 的 12 种氨基酸的 g.c.a. 效应为正值，其中有 10 种氨基酸的 g.c.a. 效应为最高值，其余的天冬氨酸和赖氨酸为次高值；亲本 10 的蛋白质的 g.c.a. 效应也为 12 个亲本的最高值。所以，亲本 10 是一个优良的亲本材料。其次，亲本 6、11、5、4 和 1 分别有 6 种或 6 种以上氨基酸的 g.c.a. 效应为正值，且亲本 11 的天冬氨酸的 g.c.a. 效应为最高值。值得提出的是亲本 6，虽然它的蛋白质 g.c.a. 效应为负值(-0.001)，但在人体必需氨基酸中，除缬氨酸外，其余的 g.c.a. 效应都为正值(色氨酸未测，下同)，且赖氨酸的 g.c.a. 效应居参试亲本的首位。

2. 特殊配合力

特殊配合力(s.c.a.)效应是指某一特定组合的表现，是基因非加性效应的度量，为优良组合选择的依据。蛋白质和 12 种氨基酸含量的 s.c.a. 效应在同一性状不同组合、同一组合不同性状间均表现了大的差异(表 6)。

蛋白质的 s.c.a. 效应在组合间变化于 -3.614(6×8)—1.792(3×8)之间，有 18 个组合表现正值，其中组合 3×8、1×10、4×12、6×9 和 6×11 较高；12 种氨基酸中，谷氨酸的 s.c.a. 效应变化最大，变动在 -0.919(3×12)—1.123(4×12)之间，蛋氨酸变化最小，变动在 -0.036(3×9)—0.028(3×10)之间。各氨基酸的 s.c.a. 效应最高的组合是：天冬氨酸为 2×8，苏氨酸、丝氨酸、缬氨酸和亮氨酸为 1×10，丙氨酸为 3×12，蛋氨酸为 3×10，甘氨酸和异亮氨酸为 4×8，谷氨酸为 4×12，苯丙氨酸为 5×11，赖氨酸为 6×7。

从 s.c.a. 效应表现看：

(1) 有双亲或双亲之一的 g.c.a. 效应高，其组合的 s.c.a. 效应也高的趋向。如亲本 10 有 10 种氨基酸的 g.c.a. 效应为最高，苏氨酸、丝氨酸、缬氨酸和亮氨酸的 s.c.a. 效应最高值出现在它所参与的 1×10 组合，亲本 1 的丝氨酸 g.c.a. 效应较低，而苏氨酸、缬氨酸和亮氨酸的 g.c.a. 效应均较高；蛋氨酸的 s.c.a. 效应最高值出现在 3×10 组合，亲本 3 的蛋氨酸 g.c.a. 效应较高。这就是说，亲本 10 的 g.c.a. 效应最高的 10 种氨基酸中，有 5 种氨基酸的 s.c.a. 效应的最高值出现在它所参与的组合中。当然，这种现象并非是绝对的。如丙氨酸和甘氨酸的 s.c.a. 效应的最高值是由两个 g.c.a. 效应较低的亲本杂交产生的；谷氨酸和苯丙氨酸分别是由一个 g.c.a. 效应较低和一个 g.c.a. 效应为负值的亲本杂交产生的；异亮氨酸则是由两个 g.c.a. 效应均为负值的亲本杂交产生的。因此，要配制一个优良组合，不仅要注意双亲的 g.c.a. 效应，也应注意 s.c.a. 效应。

(2) 没有一个组合在所有性状上都表现出高的 s.c.a. 效应, 只是有的组合有较多的性状表现出高的 s.c.a. 效应。如组合 1 × 10, 有 4 种氨基酸表现出最高的 s.c.a. 效应, 同时该组合的蛋白质、蛋氨酸、甘氨酸、异亮氨酸和谷氨酸的 s.c.a. 效应也表现较高。

(3) 蛋白质是由氨基酸组成的, 但在蛋白质的 s.c.a. 效应高的组合中, 各种氨基酸的 s.c.a. 效应并不一定高。这可能是由于控制蛋白质和各种氨基酸的基因种类和剂量不同而造成的。

3. 配合力与杂种性状表现的关系

任何性状的表现都受基因型和环境的共同作用。基因型效应又分解为基因加性效应和非加性效应, 而 g.c.a. 和 s.c.a. 又是对这两种效应的度量。所以, 两亲的 g.c.a. 和杂交组合的 s.c.a. 效应总和 ($\hat{g}_i, \hat{g}_j, \hat{s}_{ij}$), 即总配合力效应 (t.c.a.) 与杂种性状表现存在着相关关系(周开达等, 1982)。36 个杂交组合的 13 个性状的 t.c.a. 效应与各组合性状测定平均值相关、回归分析结果(表 7): 相关系数变动于 0.5944 至 0.9999 之间, 全部相关系数达极显著水准, 表明本试验的 13 个性状的 t.c.a. 效应与杂种性状表现存在着极显著的正相关关系。因此, 可以把 t.c.a. 效应作为预测杂种性状表现和杂种优势的一个重要指标(周开达等, 1982)。由于相关系数已达极显著水准, 回归直线有意义(宋元村等,

表 7 总配合力效应与杂种性状表现的关系

Table 7 Relationship between total combining ability (X) and character performance of hybrids(Y)

性 状 Character	回 归 方 程 Regression equation	相 关 系 数 Correlation coefficient
Pro	$Y = 12.3127 + 1.0089x$	0.9983**
Asp	$Y = 0.6861 + 0.8520x$	0.8505**
Thr	$Y = 0.3488 + 0.3310x$	0.5944**
Ser	$Y = 0.6134 + 0.9907x$	0.9772**
Glu	$Y = 4.6425 + 0.9957x$	0.9961**
Gly	$Y = 0.5296 + 1.0066x$	0.9967**
Ala	$Y = 0.4938 + 0.9823x$	0.9976**
Val	$Y = 0.5187 + 1.0002x$	0.9999**
Met	$Y = 0.0991 + 0.9870x$	0.9968**
Iso	$Y = 0.3650 + 0.9938x$	0.9955**
Leu	$Y = 0.6598 + 0.9710x$	0.9561**
Phe	$Y = 0.4100 + 1.0053x$	0.9999**
Lys	$Y = 0.3542 + 0.9875x$	0.9741**

** 概率 1% 上显著

Significant at the 1% level of probability

1982)。t.c.a. 增加, 杂种性状表型值增加(表 7), 而 t.c.a. 是 \hat{g}_i, \hat{g}_j 和 \hat{s}_{ij} 的总和。所以, t.c.a. 效应中任何一种效应增大都能使杂种性状表型值增加。但是组合的 s.c.a. 效应要在组合选配后才能观察到, 所以在育种工作中选择 g.c.a. 效应高的亲本是很重要的。

四、结 语

12个春小麦杂交亲本的 6×6 不完全双列杂交试验结果表明:

(1) 春小麦杂种籽粒蛋白质含量和氨基酸含量与双亲密切相关。杂种一般介于双亲之间,但也有超高亲和低亲现象。谷氨酸、异亮氨酸、缬氨酸和蛋白质的平均优势为较弱的正值,其余氨基酸为负值,但组合间杂种表现差异很大。有5.6—52.8%的杂交组合杂种负向超低亲,有13.9—63.9%的杂交组合杂种正向超中亲,有8.3—36.1%的杂交组合杂种正向超高亲。所以,要注意亲本选择和组合配置。如果选配合理,这些性状是可以改良的。

(2) 根据配合力分析,亲本10是提高蛋白质和多种氨基酸含量的较理想杂交亲本材料。亲本6、11、5、4和1对改良某些氨基酸有利用价值;杂交组合 1×10 和 3×10 较理想,不仅双亲或双亲之一的多种性状的g.c.a.效应高,而且组合的s.c.a.效应也高,有潜在利用价值。

(3) t.c.a.效应与杂种性状表现存在着极显著的正相关关系,可以把t.c.a.效应作为预测杂种性状表现和杂种优势的一个重要指标。t.c.a.效应中任何一种效应增大都能使杂种性状表型值增加,但在育种工作中要特别注意选择g.c.a.效应高的材料作杂交亲本。

参 考 文 献

- 丁寿康、钱曼懋、孙开定、金天秀、宋春华,1985,我国小麦品种的蛋白质与赖氨酸含量的遗传与育种问题的探讨,中国农业科学,(3): 34—39。
- 朱陆元、徐阿炳、裴洪平、愈志隆,1984,小麦品种间籽粒蛋白质,赖氨酸和色氨酸含量的杂种优势及配合力分析,作物学报,10(4): 237—244。
- 刘来福、毛盛贤、黄远樟,1984,作物数量遗传,农业出版社,250—262,370—379。
- 庄巧生、王恒立、曾启明、李英婵、李登春,1963,冬小麦亲本选配的研究 I. 杂种第一代优势和配合力的分析,作物学报,2(2): 117—129。
- 李宗智,1981,小麦制面包性状的遗传,河北农业大学学报,4(2): 175—183。
- ,1982,小麦蛋白质含量和品质的遗传,河北农业大学学报,5(1—2): 143—154。
- ,1985,小麦品种品质性状与农艺性状的配合力分析,作物学报,11(2): 121—130。
- 宋元村、黄玉喜,1982,数理统计学,湖南人民出版社,272—274。
- 周开达、黎汉云、李仁端、罗光鉴,1982,杂交水稻主要性状配合力,遗传力的初步研究,作物学报,(3): 145—152。
- 张怀刚、江德亨、纪兰菊,1990,春小麦籽粒蛋白质和氨基酸含量的研究,高原生物学集刊,8(9): 183—193。
- Dhaliwai, H. S., 1977, Genetic control of seed protein in wheat, *Theory and Applied Genetics*, 50: 235—239。
- Halloran, G. M., 1975, Genetic analysis of grain protein percentage in wheat, *Theory and Applied Genetics*, 46: 79—86。
- Johnson, V. A., P. J., Matern, J. M. Schmidt, and Stroike, J. E., 1973, Genetic advances in wheat protein quality and composition, *Proceedings of the 4th International Wheat Genetics Symposium*, 547—556。
- Konzak, Calvin F. 1977, Genetic control of the content, amino acid composition and processing properties of protein in wheat, *Advances in Genetics*, 19: 407—482。
- Mihaljiev, I. and Kovacev-Djolai Mirjana, 1978, Inheritance of grain protein content in a diallel wheat cross, *Proceedings of the 5th International Wheat Genetics Symposium*, Vol. 2: 755—761。
- Phillips, R. D., 1983, A scheme for the rapid preparation of protein hydrolyzates for amino acid analysis, *Journal of Food Science*, Vol. 48: 284—287。

ANALYSIS OF HETEROSIS AND COMBINING ABILITY FOR CONTENTS OF GRAIN PROTEIN AND AMINO ACIDS IN SPRING WHEAT

Jiang Deheng, Zhang Huaigang and Ji Lanju

(Northwest Plateau Institute of Biology, the Chinese Academy of Sciences, Xining)

Wang Jing, Wang Zhiguo and Chen Feng

(Lanzhou Institute of Modern Physics, the Chinese Academy of Sciences)

Twelve spring wheat cultivars or strains (*Triticum aestivum* L.) of high yield and/or good quality were employed to analyze heterosis, general combining ability, specific and total combining ability, and relationship between total combining ability and character performance of hybrids for contents of grain protein and amino acids in the 6×6 design of incomplete diallel set of crosses. The experiment was conducted in Xining, Qinghai Province in 1986. The results were as follows:

1. Spring wheat hybrids were generally intermediate to their parents in character performance, but it was found that some hybrids surpassed their maximum parents and some were lower than their minimum parents. The means of heterosis over middle parents for glutamic acid, isoleucine, valine and protein were slightly positive; while heterosis for the rest amino acids were negative. But there was great difference among the crosses in hybrid performance. 5.6—52.8% crosses were lower than their minimum parents. 13.9—63.9% crosses surpassed their mid-parents. 8.3—36.1% crosses surpassed their maximum parents. Therefore, attention should be paid to selecting crossing parents and making reasonable crosses. If so, it was possible to improve these characters.

2. Analysis of combining ability showed that Parent 10 was a good genetic resource for improving contents of grain protein and most of the amino acids. Parents 6, 11, 5, 4 and 1 were valuable to increasing some amino acids. Crosses 1×10 and 3×10 were rather good and may be usable in selecting good quality cultivars or strains because many characters of one or two of their parents had high general combining ability and the two crosses also had high specific one.

3. There was a significantly positive correlation between total combining ability and character performance of hybrids, so total combining ability could be used as one major indicator for forecasting character performance of hybrids and heterosis. Any one of effects in total combining ability increased, phenotypic value of hybrids would increase. In wheat breeding, great attention should be paid to selecting materials of high general combining ability as crossing parents.

Key words: Spring wheat; Nutritive quality; Genetic analysis