

# 巨穗小麦种质主要特异性状的遗传和相关性研究<sup>\*</sup>

谢晓玲<sup>1</sup> 邓自发<sup>1</sup> 解俊峰<sup>2</sup>

(1. 南通师范学院生命科学与技术系 江苏南通 226007; 2. 中国科学院西北高原生物研究所 青海西宁 810001)

**摘要:**本文分析了来源相同的 14 种巨穗小麦种质的主要特异性状间的相关性,回归分析了性状对间的数量关系,并结合基因定位的结果探讨了性状间的相关性与基因连锁程度的关系,结果表明:小穗数与穗粒数的正相关程度最高( $r = 0.9625$ );千粒重与多数性状间呈负相关;株高与多数性状间的正相关程度较高( $r > 0.8$ );控制相关性状的基因多位于同一染色体或染色体的同一臂上,且正相关程度越高的性状对,其控制基因连锁程度越高;3A 染色体上控制千粒重的基因的作用效应,以及该基因与 3A 染色体上控制其它性状的基因间的连锁关系是造成千粒重与其他性状呈负相关的主要遗传因素。

**关键词:** 巨穗小麦 遗传 相关分析 基因连锁

巨穗小麦种质是解俊峰研究员等以高原 2D 单体系列为基础,利用染色体工程引入外源基因,并应用小麦顶生小穗的变异,采用 F<sub>2</sub> 优株重复复合杂交法综合、固定、累加了多种属亲本的优秀基因而创造出的一批有较高研究和利用价值的小麦超高产育种的优良基础材料,是一类具有茎秆粗壮、叶片宽厚直立、大穗、大粒、高结实率等特点的种质资源<sup>[3]</sup>。研究其主要特异性状的遗传规律,并对各性状间的遗传相关关系进行探讨,对于巨穗超高产品种的组装培育无疑是很有意义的。

## 1 材料与方法

供试材料为中国科学院西北高原生物研究所解俊峰研究员等培育出的一批巨穗小麦种质材料:122、128、130、145、164、172、174、175、222、226、233、241、253 及 267。

田间随机区组设计,3 次重复,4 行区,行长 3m,行距 0.3m,株距 0.1m。田间管理一致。成熟时取 10 株样本考种,考察的主要性状包括株高、穗长、小穗数、穗粒数和千粒重。株高测量每株选最高分蘖,从茎基部量至穗顶端(不包括芒)。穗长、小穗数、穗粒数考种时每株取 5~8 穗考察,资料统计分析以其平均值作为重复观察值,用于结果分析。千粒重以实收籽粒数及其重量经换算获得。

数据的统计分析与检验按参考文献<sup>[1,2]</sup>进行。

## 2 结果与分析

### 2.1 主要特异性状的遗传变异分析

对 14 个种质各性状的小区平均数进行方差分析,F 测验(表 1)表明,种质间各特异性状的差异均达极显著水平。经遗传分析各性状都有一定的遗传变异,株高和小穗数遗传变异度较小,分别仅有 9.3% 和 9.6%,而穗粒数和千粒重的遗传变异系数较大,分别达到 23.4% 和 20.6%。遗传力分析中,小穗数、穗粒数和千粒重三个性状的广义遗传力中等,广义遗传力为 66.8%~73.5%,而株高和穗长的遗传力较高,分别达到 84.3% 和 82.6%,说明这两性状的遗传稳定性较高,受环境因素的影响较小。

### 2.2 主要特异性状间的遗传相关分析

对巨穗种质的 5 个主要特异性状进行相关分析,结果见表 2。对两两间的相关系数进行显著性检验,除穗长和千粒重为中度相关外,其他两性状间都呈显著或极显著相关,其中千粒重与小穗数间及千粒重与穗粒数间呈极显著负相关,与株高间呈显著负相关关系,其它 6 组性状对间呈极显著正相关,尤以小穗数与穗粒数间的相关系数高达 0.9625。株高与各性状间的相关性较强,由此可以看出巨穗种质植株的高低可能对其产量性状的影响较大,植株高大占据较大的空间,增大有效光合面积,为扩大小麦产量的贮存库打下基础。

### 2.3 巨穗小麦种质主要特异性状间的回归分析

对回归方程(表 3)所进行的显著性检验表明,除千粒重与穗长的回归方程不显著外,其它 9 个方程回归都显著或极显著,较好地拟合了性状间的数量关系。根据实测值与预测值的比较,误差范围在 1.2%~13.3%,经 t 值检验,差异不显著,预测效果较好。

表 1 性状的 F 值及遗传参数

性状	F 值	平均数	变幅	遗传变异系数	遗传力
株高	13.2 **	104.5	80.5~125.3	9.3	84.3
穗长	12.3 **	21.1	17.4~28.0	13.2	82.6
小穗数	9.5 **	26.8	22.6~31.0	9.6	73.5
穗粒数	10.2 **	116.2	68.8~149.8	23.4	66.8
千粒重	10.7 **	59.4	45.1~84.4	20.6	72.2

注: \*\*P<0.01

表 2 主要特异性状间的相关系数

性状	小穗数	穗粒数	千粒重	株高
穗长	0.6902 **	0.7424 **	0.5112	0.8510 **
小穗数		0.9625 **	-0.7304 **	0.8256 **
穗粒数			-0.8058 **	0.8393 **
千粒重				-0.5863 *

注: \*P<0.05; \*\*P<0.01

\* 国家自然科学基金资助项目(项目编号 39470446)。

根据相关关系,可以有目的和针对性地将一些优良性状进行整合,而回归分析的结果又可较好地预测未来优良新品种的一系列数量性状的目标值。

表 3 主要特异性状间的回归方程

性状	穗粒数	千粒重	小穗数	穗长
株高	$Y = 70.4917 + 0.2908X^{**}$	$Y = 131.2456 - 0.4516X^*$	$Y = 23.2833 + 3.0243X^{**}$	$Y = 43.0680 + 2.8879X^{**}$
穗粒数		$Y = 223.0606 - 1.7909X^{**}$	$Y = -158.5998 + 10.3127X^{**}$	$Y = -36.4413 + 7.2715X^{**}$
千粒重			$Y = 35.9495 - 0.1535X^{**}$	$Y = 106.8267 - 2.2525X$
小穗数				$Y = 13.3641 + 0.6394X^{**}$

注: \* $P < 0.05$ ; \*\* $P < 0.01$ 。

### 3 讨论

小麦育种的研究虽已育成一些有价值的材料或生产上有较好表现的品种,但仍难摆脱小株小穗的模式,所以必须采用系统的综合技术,从各方面预测未来小麦的发展趋势、株型模式,有目的地开辟小麦育种新途径,创造新材料,才能培育出迥异于当前栽培品种的超高产小麦新型品种。

为了适应生产条件和管理水平的不断提高,新培育小麦品种的茎秆趋于矮化,叶片趋于小型直立化,株型趋于集约化。这类品种曾对小麦产量的提高起了很大的促进作用。但是由于株型矮化,植株占据的空间、单株有效光合面积和贮存库的容量也随之锐减,即形成了大群体小空间,有效光合面积和最终产量都受限。另外由于茎秆的降低,植株抵抗病虫害的能力也显著下降,也限制了产量的大幅提高。为此各国育种专家开始设计未来理想型小麦的株型模式,最终的共识是要在增加有效光合面积、提高光合效率和扩大小麦贮存库三个方面取得突破<sup>[5,6]</sup>。为了得到较大的贮存库,未来的超高产小麦的植株就需粗壮高大、叶片宽厚直立或半直立,从而可以占有较大的空间增大有效光合面积;穗型结构应具有大穗、侧生小穗数多、多粒和大粒相结合的特点。从各性状的相关性分析结果可以看出,参与实验的巨穗种质材料各产量性状间及与株高间的相关性都较高,进一步验证了大源大库的理论,这些种质材料在一定程度上符合未来超高产小麦的要求,若经进一步整合和筛选,定会产生一批新的超高产小麦品种(系)。

在对部分巨穗小麦种质材料的主要特异性状进行基因定位研究后发现,控制相关性状的基因多位于同一染色体或染色体的同一臂上,且正相关程度越高的性状对,其控制基因连锁程度越高(表 4),如控制小穗数和穗粒数的基因中有两个都位于 3AS 和 1BL 上,且二者都是强效基因<sup>[4]</sup>,二者间的相关系数为 0.9625,小穗数与穗长间仅有一个基因位于同一染色体上,且分布于不同的臂上,它们的相关系数比其与穗粒数间的小得多。千粒重除与穗长呈正相关外与其它性状都呈负相关,穗长的控制基因中有两个与控制千粒重的基因位于同一染色体的同一臂上,其他性状的控制基因中仅有一个与控制千粒重的基因位于同一染色体上(3A),但分别位于 3A 染色体的长短臂上。为了尽可能地减小千粒重与其他产量性状间的负相关程度,可能就要涉及到位于 3A 染色体上控制千粒重的基因与控制其它产量性状的基因的连锁关系,以及该基因的作用效应调节的研究,只有这样才能将诸多优良性状整合在同一小麦品种中,育成全新的超高产小麦品种(系)。

#### 参考文献

- 1 杜荣骞. 生物统计学. 北京: 高等教育出版社, 2000
- 2 童一中编著. 作物育种常用的统计分析法. 上海: 上海科学技术出版社, 1981
- 3 解俊峰, 冯海生, 龚全文. 高原 2D 单体及巨穗小麦新种质创造. 兰州大学学报(自然科学版), 1994, 30(增刊): 136~143
- 4 谢晓玲, 邓自发, 解俊峰. 小麦新种质主要特异性状的遗传性. 广西科学院学报, 2002, 18(2): 77~79
- 5 魏燮中. 小麦株型结构分析与产量育种咨询系统. 南京: 东南大学出版社, 1994
- 6 Yen C, Zheng YL, Yang JL. An Ideotype for High Yield Breeding in Theory and Practice. In: Proc 9th intern Wheat Genet. Symp., China, 1993, 1113 - 1117.

## Studies on the Inheritance and Correlation of the Main Special Properties about Giant Spike Wheat Germplasm

Xie Xiaoling<sup>1</sup>, Deng Zifa<sup>1</sup>, Xie Junfeng<sup>2</sup>

(1. Department of Life Sciences and Technology of Nantong Normal College, Nantong, 226007)

(2. Northwest Plateau Institute of Biology, The Chinese Academy of Sciences, Xining, 810001)

(下转 16 页)

播种深度为 4 ~ 5cm。

参考文献

- 1 杨示英. 木豆引种观察. 广西农业科学, 1999, (6)
- 2 杨示英. 木豆栽培. 广西农业科学, 2000, (4)
- 3 庞雯. 木豆高产栽培技术. 广东农业科学, 2001, (1)
- 4 毕辛华, 戴心维. 种子学. 中国农业出版社, 1993

## Preliminary Study on the Seed Germination of Heavy Feeder Pigeon Pea Crop

Yan Zihong<sup>1</sup>, Chen Yongjun<sup>2</sup>, He Huaxinag<sup>3</sup>

(1. Animal college of Guizhou University, Guiyang 550025)

(2. Yun Guang Town Authorities, Nan Ming 550005)

(3. Agricultural College of Guizhou University, Guiyang, 550025)

**Abstract:** The germination characteristic of Pigeon pea seeds was researched in 2003. The result was that the pigeon pea seeds almost didn't absorb the water after seed soaking 12 hours and the best seed soaking time was 9 ~ 12 hours, about 1.3 times of water of Pigeon pea seed quantity must be absorbed in order to complete the process of germination; the temperature range of germination was 12 ~ 46 and the best temperature was about 25 ~ 35; the seed leaves of Pigeon pea didn't grow from the soil and the suitable depth of seed sowing was 4 ~ 5cm.

**Key words** Pigeon pea Seed quantity of absorbing water Temperature Seed sowing.

(上接 11 页)

## Effects with Varies Treatments on the Seed Germination of *Arabidopsis Pumila*

Zhang Xia, Wang Shaoming, Fan Xianwei, Li Xueyu

(Bio-engineering college, Shihezi University, Shihezi 832003)

**Abstract:** Using the treatments of which soaking in the H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> solution with varies concentration and period, varies temperature, varies condition of illumination, varies medium to the seed of *Arabidopsis pumila*. The results showed that the germination was distinctly facilitated by H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>, the seed dormancy would terminated and its afterripening would finished by the treatments with varies temperature, illumination could improve the germination probability of the seed through shorten or terminated the its dormancy.

**Key words** *Arabidopsis pumila* Seed germination Seed afterripening Seed dormancy

(上接 13 页)

**Abstract:** This paper is on the correlation analysis of the main special properties and the regression analysis of the character pairs on 14 giant spike wheat germplasm, and according to the results of gene location, the relationship between correlation and the degree of gene linkage was discussed. The results show that the positive correlation between spikelet number and kernal number is strongest in all character pairs ( $r = 0.9625$ ). The correlation between 1000-kernal weight and the other character is negative. In all character pairs, the degree of positive correlation between plant height and the most other character is stronger ( $r > 0.8$ ). Most of the genes controlling correlated character are on the same chromosome or the same arm of the chromosome, and the stronger the degree of positive correlation is, the closer the linkage relationship of controlling gene is. The main genetic factors, which cause the negative correlation between 1000-kernal weight and the other characters, are the function of genes controlling 1000-kernal weight and the linkage relationship between this gene and the genes controlling other properties on 3A chromosome.

**Key words** Giant spike wheat Inheritance correlation analysis Gene linkage