



陆地棉光合性状的遗传模型分析

Analysis on the Genetic Models of Photosynthetic Characters in Upland Cotton

龚平, 王海珍, 曹新川, 胡守林, 韩路, 潘多艳
(塔里木大学植物科技学院, 新疆阿拉尔 843300)

遗传模型分析在作物光合性状的遗传研究中应用较多。但棉花光合性状的遗传模型分析少见报道。本文采用双列杂交方法对 28 个陆地棉杂交组合的光合性状进行了遗传模型分析, 以期为陆地棉的高产、优质、高光效育种提供理论依据。

1 材料和方法

2002 年用 8 个遗传基本稳定的陆地棉品种(系)中棉所 35(P1)、A2(P2)、新陆中 7 号(P3)、新陆中 14(P4)、冀 668(P5)、石选 87(P6)、贝尔(P7)、NDP804(P8)作亲本, 按 Griffing 2(1956) 双列杂交方法配成 28 个完全双列杂交组合。

田间试验于 2003 年在塔里木大学农业试验站进行。田间试验按随机区组设计, 2 次重复, 2 行区, 行长 3 m, 宽窄行种植, 单株点播, 株行配置 (30+55+30) cm × 10.5 cm, 4 月 20 日人工播种, 其它管理同大田。

于花铃期每小区随机选取中间 5 株主茎倒 4 叶作为测试样叶, 用 LI-6400P 便携式光合作用测定仪(Li-cor USA)在当地时间 9:30-13:30 测定叶片光合生理指标。叶片光合速率(Pn)、蒸腾速率(Tr)、气孔导度(Gs)等在田间条件下进行非

离体测定。文章中光合性状均用以上字母表示。

遗传模型方法按 Hayman 提出的方法进行(Wr:协方差, Vr:方差)统计分析。

2 结果与分析

2.1 各性状的遗传模型分析

方差分析显示, 陆地棉各组合间的 Gs (1.8289*), Pn(1.8800*), Tr(3.3421**) 差异均达显著或极显著水平, 其余性状不显著。为了研究这些数量性状是否以加性-显性模式遗传及上位性是否存在, 本文采用 Hayman 提出的 Wr/Vr 回归分析对各性状的遗传模型进行测验。

2.1.1 回归分析。从表 1 可知, 所研究的 3 个性状的 Wr/Vr 回归系数 b 与 0 的差异表现以 Pn 达极显著水平、Tr 达显著水平、Gs 则不显著。Wr/Vr 回归系数 b 与 1 的差异显著性测验中 Gs 达极显著水平, 其余二者均不显著。说明 Gs 遗传不符合加性-显性模型, Pn 和 Tr 遗传符合加性-显性模型。

2.1.2 Wr-Vr 和 Wr+Vr 方差分析。表 2 可见, 在公共亲本间 Wr-Vr 的 F 值均不显著, 说明

表 1 各性状的直线回归分析

Table 1 Line regression analysis on photosynthetic characters

性状	Gs	Pn	Tr
Vr	0.0028	5.5184	3.2701
Wr	0.0002	0.3682	1.029
a	-0.0005	4.7908	-1.8793
b	0.2600	0.9984	0.8895
t _{b0}	1.7947	5.0809**	3.4152*
t _{b1}	5.1090**	1.1706	0.4244

注: t_{b0} 为检验 b 与 0 差异显著性 t 值, t_{b1} 为检验 b 与 1 差异显著性 t 值; * 和 ** 分别表示 0.05 和 0.01 显著水平。

收稿日期: 2005-01-15

作者简介: 王海珍(1971-), 女, 硕士, 讲师

基金项目: 塔里木大学校重点项目“南疆棉花优良品种选育和推广”(2003)

这三个性状均不存在上位性效应。Pn 与 Tr 在公共亲本间 W_r+V_r 的 F 值达显著或极显著水平,说明 Pn、Tr 遗传存在显著的显性效应。 W_r/V_r 回归分析和 W_r-V_r, W_r+V_r 的方差分析所得结

论基本一致。Pn、Tr 遗传符合加性-显性模型,而 Gs 的 W_r/V_r 回归分析与 W_r-V_r 的同质性测验结果不一致,推测 Gs 的遗传可能符合加性模型,兼有加性×加性模型。

表 2 各性状 W_r-V_r 和 W_r+V_r 方差分析

Table 2 Variance analysis of W_r-V_r and W_r+V_r on photosynthetic characters

变异来源	df	参数	Gs	Pn	Tr
共亲间	7	W_r-V_r	0.8331	0.8280	0.9702
		W_r+V_r	1.7880	22.2980**	4.1909*

注: * 和 ** 分别表示 0.05 和 0.01 显著水平。

2.2 W_r/V_r 回归图形分析

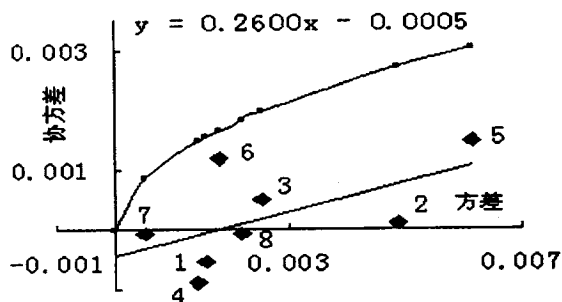


图 1 气孔导度 W_r/V_r 回归分析

Fig. 1 Regression analysis of W_r/V_r on stoma conductance

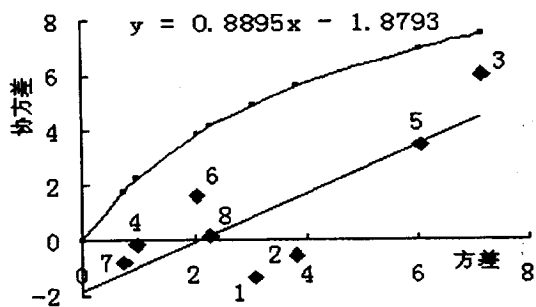


图 2 蒸腾速率的 W_r/V_r 回归分析

Fig. 2 Regression analysis of W_r/V_r on transpiration rate

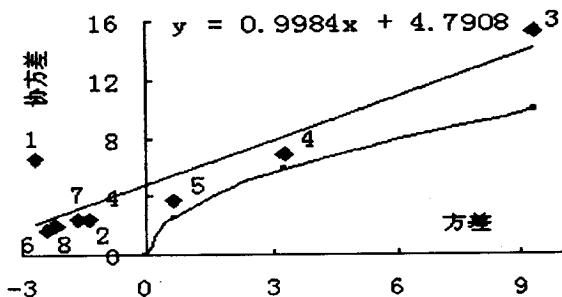


图 3 光合速率的 W_r/V_r 回归分析

Fig. 3 Regression analysis of W_r/V_r on photosynthesis rate

从图 1~3 可看出, P7、P1、P4 携带控制 Gs 最多的显性基因, P2 和 P5 具有较多的隐性基因。P7 和 P4 携带较多控制 Tr 的较多显性基因, P5 和 P3 携带较多控制 Tr 的隐性基因。P3 携带控

制 Pn 的隐性基因较多, P4、P1 具有大致等量的控制 Pn 的显性基因和隐性基因; 其余亲本则携带控制 Pn 的显性基因较多。回归截距 a 可以度量平均显性度。Gs、Pn 和 Tr 的 a 均小于 0, 说明这些性状以超显性进行遗传。

2.3 显性方向的确定

相关分析表明, Pn 和 Tr 这 2 个性状的 W_r+V_r 与 Y_r (亲本值) 呈正相关 ($r = 0.8327^*$ 、 0.7580^*) 且达显著水平, 说明这 2 个性状的遗传表现为高值是受隐性基因控制、低值是受显性基因控制。气孔导度的 W_r+V_r 与 Y_r 呈不显著正相关, 其遗传表现为高值是隐性、低值是显性的微弱趋势。

3 结论与讨论

3.1 研究结果表明, 供试各亲本的 3 个主要光合性状的遗传模型表现不同, 气孔导度的遗传可能符合加性模型, 光合速率、蒸腾速率的遗传符合加性-显性模型。

3.2 W_r/V_r 回归图分析说明, 本文所研究的不同亲本所携带的控制各主要光合性状的显性基因差别较大。其中 P7 显性基因最多, P3 隐性基因最多。所以在杂交棉花育种选配组合时, 可优先考虑这些携带较多增效隐性基因的亲本材料。

3.3 从 W_r+V_r 和 Y_r 间相关系数可知显性方向。控制光合速率的显性减效基因最多的为 P8 和 P6, 最少的为 P3; 控制蒸腾速率的显性减效基因最多的为 P7, 最少的为 P3 和 P5。因此, 育种目标确定后, 在选配组合时要考虑控制光合速率的隐性增效基因最多的亲本 (P3) 和蒸腾速率显性减效基因最多的亲本 (P7), 育种工作可起到事半功倍的效果。