

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.01958

## 大豆蛋白质有关性状遗传的分离分析

刘顺湖<sup>1,3</sup> 周瑞宝<sup>2,\*</sup> 盖钧镒<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> 南京农业大学大豆研究所 / 国家大豆改良中心 / 作物遗传与种质创新国家重点实验室, 江苏南京 210095; <sup>2</sup> 河南工业大学大豆精深加工研究所, 河南郑州 450052; <sup>3</sup> 山东济宁学院, 山东曲阜 273155

**摘要:** 采用科丰 1 号×南农 1138-2 衍生的重组自交家系群体(RIKY)和(Essex×兴县灰布支)×兴县灰布支回交自交衍生物群体(BIEX)为材料, 应用 SDS-PAGE 电泳测定 11S、7S、11S/7S 比值及其 10 个亚基组的相对含量, 用凯氏(Kjeltec)自动定氮仪测定蛋白质含量、自动索氏(Soxtec)抽提仪测定油脂含量。结果表明: (1) 两群体蛋白质组分及其亚基组有关性状以及油脂与蛋油总量等均有不同程度超亲分离, 双亲间存在不同程度的位点互补。(2) 蛋白质含量遗传, 两群体均为 1 对主基因+多基因模型, 主基因和多基因遗传率分别为 31.3%~40.9%和 37.2%~53.7%。蛋油总量均为 3 对主基因+多基因模型, 主、多基因遗传率分别为 59.9%~66.6%和 23.2%~27.9%。油脂含量为 2~3 对主基因+多基因模型, 两类遗传率分别为 48.6%~71.7%和 4.2%~29.7%。(3) 11S 组分均为 3 对主基因+多基因模型, 两类遗传率分别为 14.3%~60.7%和 17.0%~50.7%。7S 组分均为 3 对主基因+多基因模型, 两类遗传率分别为 34.5%~44.1%和 21.5%~45.1%。11S/7S 比值遗传均为 2 对主基因+多基因模型, 两类遗传率分别为 56.6%~74.8%和 10.1%~20.1%。(4) 11S 的 4 个亚基组依次分别为 2~3 对主基因+多基因、2 对主基因+多基因、2 对主基因+多基因、2~3 对主基因+多基因模型。(5) 7S 的 6 个亚基组依次分别为 1~2 对主基因+多基因、2 对主基因+多基因、2~3 对主基因+多基因、3 对主基因+多基因、1~2 对主基因+多基因和 2 对主基因+多基因模型。所有 16 个性状都由主基因和多基因控制, 其中有 10 个性状两群体具相同的主基因数, 其他 6 个性状两群体间相差 1 对主基因, 两群体间遗传模型大同小异。这些相关性状的育种既要利用主基因还必须利用微效多基因, 要考虑兼用两者的育种方法。

**关键词:** 大豆; 蛋白质含量; 蛋油总量; 11S; 7S; 11S/7S; 亚基组; 主基因+多基因混合遗传模型分离分析

## Segregation Analysis for Inheritance of Protein Related Traits in Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]

LIU Shun-Hu<sup>1,3</sup>, ZHOU Rui-Bao<sup>2,\*</sup>, and GAI Jun-Yi<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University / National Center for Soybean Improvement / National Key Laboratory for Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing 210095, China; <sup>2</sup> Soybean Processing Research Institute, Henan University of Technology, Zhengzhou 450012, China; <sup>3</sup> Shandong Jining College, Qufu 273155, China

**Abstract:** The quality and processing property of soy protein depend on its constitution of components and subunit groups, as well as their related traits. The recombinant inbred line population (RIKY) derived from Kefeng 1×Nannong 1138-2 and backcross inbred derived line population (BIEX) derived from (Essex×ZDD2315)×ZDD2315 were tested for their 16 traits related to protein components and their subunit groups, including protein content, protein plus fat content, 11S, 7S, 11S/7S ratio, four 11S subunit groups and six 7S subunit groups, by using Kjeltec, Soxtec and SDS-PAGE analysis. The data obtained were analyzed for the inheritance of the 16 traits by using segregation analysis based on mixed major gene plus polygene inheritance model. The results showed that there existed transgressive segregations in all the traits, which indicated the mutual complement among loci between the parents. One major gene plus polygene mixed model was detected for protein content in both populations with major

本研究由国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2004CB7206, 2006CB101708, 2009CB118404), 国家自然科学基金资助项目(30671266), 国家高新技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA100104), 教育部高等学校创新引智计划项目(B08025), 农业部公益性行业专项(200803060)资助。

\* 通讯作者(Corresponding authors): 盖钧镒, E-mail: sri@njau.edu.cn, Tel: 025-84395405; 周瑞宝, E-mail: rbzhou0615@163.com

南京农业大学和河南工业大学同为第一完成单位

第一作者联系方式: E-mail: sri@njau.edu.cn

Received(收稿日期): 2009-05-07; Accepted(接受日期): 2009-08-25.

gene heritability (MGH) 31.3–40.9% and polygene heritability (PGH) 37.2–53.7%; three major genes plus polygene model for protein plus fat content with MGH 59.9–66.6% and PGH 23.2–27.9%; two to three major genes plus polygene model for oil content with MGH 48.6–71.7% and PGH 4.2–29.7%. Three major genes plus polygene inheritance model was detected for 11S protein content with MGH 14.3–60.7% and PGH 17.0–50.7%; three major genes plus polygene model for 7S protein content with MGH 34.5–44.1% and PGH 21.5–45.1%; two major genes plus polygene model for 11S/7S ratio with MGH 56.6–74.8% and PGH 10.1–20.1%. Two to three major gene plus polygene, two major genes plus polygene, two major genes plus polygene and two to three major genes plus polygene inheritance models were detected for 11S-1 through 11S-4, respectively; one to two major genes plus polygene, two major genes plus polygene, two to three major genes plus polygene, three major genes plus polygene, one to two major genes plus polygene and two major genes plus polygene inheritance models were detected for 7S-1 through 7S-6, respectively. All of 16 traits are controlled by both major genes and minor genes. Among them, ten traits are controlled by same numbers of major genes in both populations and for the other six traits there is one major gene difference between the two populations. Thus, between the two populations, for each trait, the inheritance model is mainly similar in number of major genes while somewhat different in gene effect for those with same major gene numbers. Therefore, plant breeders have to pyramid both major genes and polygenes in breeding for protein content and related quality traits.

**Keywords:** Soybean; Protein content; Protein plus fat content; 11S; 7S; 11S/7S; Subunit group; Segregation analysis based on mixed major gene and polygene inheritance model

大豆蛋白质组分及其亚基组成决定了蛋白质的品质和加工特性。迄今对于大豆蛋白质组分相关性状的遗传研究报道尚不多见, 原因之一在于难以大量分析和测定 11S、7S 及其亚基含量。近期发展了以 SDS-PAGE 技术测定 11S、7S 及其亚基相对含量的技术, 但划分标准不一。Liu 等<sup>[1]</sup>通过 SDS-PAGE 对 640 份大豆栽培种质提取的蛋白进行分析, 提出划分 11S 和 7S 及其亚基组的分子量标准, 范围涵盖了前人研究的亚基, 该法简便、稳定和实用。

大豆蛋白质组分及其亚基组等为数量性状。盖钧镒等<sup>[2]</sup>将主基因+多基因混合遗传模型看作数量性状的通用模型, 提出了一套适合植物数量性状遗传的分离分析法。詹秋文等<sup>[3-5]</sup>采用主基因+多基因混合遗传模型, 研究了大豆对食叶性害虫田间综合虫种抗性以及对斜纹夜蛾单一虫种植株抗性的遗传, 发现均表现为一对或两对主基因+多基因的遗传。罗庆云等<sup>[6]</sup>利用主基因+多基因混合遗传模型联合分离分析了栽培大豆耐盐性的遗传规律, 符合加性-显性-上位性多基因遗传模式。刘莹<sup>[7]</sup>、卢为国<sup>[8]</sup>和郑永战<sup>[9]</sup>在对大豆耐逆性、抗孢囊线虫病和油脂含量及其组分的遗传研究中发现均为 1 对或 2 对或 3 对主基因+多基因的遗传, 与检测主效 QTL 定位结果相对一致, 两者可以相互验证。

本研究利用大豆重组自交系群体和回交自交系群体, 采用主基因+多基因混合遗传模型分离分析法研究大豆蛋白质有关性状(包括蛋白质含量、蛋油总量、11S、7S、11S/7S、亚基组相对含量)的遗传, 进行 QTL 定位, 并作相互验证, 以期为大豆蛋白质育种提供依据。本文先报告各性状遗传的分离分析结果。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验设计

1.1.1 RIKY 群体 以南京农业大学国家大豆改良中心配制的科丰 1 号×南农 1138-2 衍生的 F<sub>2:7:9</sub> (F<sub>2</sub> 衍生的分离家系在 F<sub>7</sub> 选株, 建立纯合家系繁殖至第 9 代)重组自交家系(RIL)群体, 共 184 个家系加上 2 个亲本为材料。其中科丰 1 号和南农 1138-2 分别来自黄淮和长江中下游两个生态区, 种质来源有较大的差异。2004 年 6 月在南京农业大学国家大豆改良中心的江浦试验场进行试验(3 行小区, 小区面积为 2 m×0.5 m, 每个小区播种 1 个家系, 条播), 获得测试用种。

1.1.2 BIEK 群体 以南京农业大学国家大豆改良中心和河南省农业科学院大豆研究室合作配制的 (Essex×兴县灰布支)×兴县灰布支的回交自交衍生家系群体, 共 114 个 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 家系加上 2 个亲本和 F<sub>1</sub> 为材料。其中 Essex 和兴县灰布支(ZDD2315)分别来自美国南方和我国黄淮地区, 种质来源也有较大的差异。2003 年 6 月在河南省农业科学院试验基地进行试验(田间设计同 RIKY 群体), 获得测试用种。

### 1.2 大豆蛋白质组分和有关性状的测定

在河南工业大学大豆精深加工研究所测定。参考我国国家标准(GB.5511-85)和美国有关标准(AOAC), 每份材料取 20 g 干种子, 用样品磨(1095 Knifetec sample mill, Foss Tecator, Sweden)粉碎, 豆粉颗粒约 100 目(mesh sieve)。

1.2.1 样品含水量 用分析天平称量试样(豆粉)(≤5 g), 置于烘箱中烘干至恒重(105℃, ≥3 h), 计算含水量(以百分率%表示)。

1.2.2 油脂含量 用 2050 SOXTEC Auto Extraction Unit (Foss Tecator, Sweden)提取油脂,测定含量。抽提温度 75℃,浸泡 2.3 h,溶剂回流 2.3 h,蒸发溶剂 56 min,干燥 5 min。

1.2.3 蛋白质含量 用 Kjeltac 2300 自动定氮分析仪(Foss Tecator, Sweden)测定氮含量,蛋白质转换系数为 6.25,所测定的为全豆(包括种皮在内的种子各部分)蛋白质含量(又称为粗蛋白质含量)。

1.2.4 蛋白质组分 相对含量测定按照文献<sup>[9]</sup>的标准和方法制备大豆提取蛋白,通过 SDS-PAGE 分析测定每份材料蛋白质组分相对含量。11S 包括的亚基组分别为 11S-1、11S-2、11S-3 和 11S-4,分子量分别为 14.4~22、22~26、26~35 和 35~44 kD,4 个亚基组相对含量之和为 11S 相对含量;7S 包括的亚基组分别为 7S-1、7S-2、7S-3、7S-4、7S-5 和 7S-6,分子量分别为 44~49、49~55、55~67、67~73、73~82 和 82~91 kD,6 个亚基组相对含量之和为 7S 相对含量。11S 与 7S 相对含量之比即为 11S/7S 比值(11S/7S ratio)。

### 1.3 数据分析

参照文献<sup>[10-11]</sup>采用 SAS 统计软件进行方差分析。应用盖钧镒等<sup>[12,12-13]</sup>的数量性状主基因+多基因混合遗传模型重组自交家系(RIL)分离分析方法对 RIKY 群体进行遗传分析,对于 BIEX 群体因 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 系,根据已往研究,蛋白质有关性状显性效应不大,故用回交重组自交家系法(BIL)作近似分析。根据方差分析结果按公式  $h^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_e^2)$  计算遗传率,其中  $\sigma_g^2$  为遗传方差,  $\sigma_e^2$  为误差方差。在进行主基因+多基因混合遗传模型分析时,对 7S 亚基组数据由于存在 0 值,进行了转换(数据加 1)。

## 2 结果与分析

RIKY 和 BIEX 两个群体蛋白质、蛋油及有关亚基组含量的次数分布表明各性状均存在较大变异(表 1 和表 2),均有不同程度的超亲分离,双亲间存在不同程度的基因互补。

### 2.1 蛋白质含量的遗传

在 RIKY 和 BIEX 中群体最佳遗传模型均为 D-1,即 1 对主基因+多基因模型(表 3 和表 4)。主基因效应为加性作用,成分分布 2 个,有多基因存在。主基因遗传率分别为 31.3%和 40.9%,多基因的遗传率分别为 53.7%和 37.2%。主基因加性效应正向,增效基因来自高值亲本,多基因加性效应累计负向。两个

群体中虽然蛋白质含量遗传模型相同,但主基因和多基因遗传率存在差异,这可能是遗传背景不同所致。

### 2.2 油脂含量的遗传

在 RIKY 群体中遗传模型为 E-2-5,即 2 对主基因+多基因模型,主基因效应为隐性上位作用,2 对主基因连锁,交换值为 35.5%,成分分布 3 个,有多基因。主基因遗传率 48.6%,多基因的遗传率 29.7%。两个主基因效应均正向,多基因效应负向(表 3)。在 BIEX 群体中的遗传模型为 G-2,即 3 对主基因+多基因模型,主基因效应为加性作用,成分分布 8 个,有多基因。主基因遗传率 71.1%,多基因的遗传率 4.2%。3 个主基因效应均正向而大小不同,多基因效应也正向;3 对主基因间存在正向互作(表 4)。

### 2.3 蛋油总量的遗传

由表 3 和表 4 说明在 RIKY 和 BIEX 群体中遗传模型均为 G-2,即 3 对主基因+多基因模型。主基因效应为加性作用,成分分布 8 个,有多基因。主基因遗传率分别为 66.6%和 59.9%,多基因的遗传率分别为 23.2%和 27.9%。两群体 3 个主基因效应均正向,多基因效应则前者负向后者正向,3 对主基因间的互作有正有负。

### 2.4 11S 组分的遗传

在 RIKY 群体中遗传为模型 G-1,即 3 对主基因模型,主基因效应为加性作用,有多基因,成分分布 8 个。主基因遗传率 14.3%,多基因的遗传率 50.7%。3 个主基因效应和多基因效应均正向,3 对主基因间的互作有正有负(表 3)。在 BIEX 群体中遗传模型为 G-4,即 3 对主基因+多基因模型。主基因效应为加性作用,有多基因,成分分布 6 个。主基因遗传率 60.7%,多基因的遗传率 17.0% (表 4)。与 RIKY 比较,主、多基因的遗传率存在较大差异。3 个主基因效应和多基因效应均负向,3 对主基因间的互作有正有负。

### 2.5 7S 组分的遗传

在 RIKY 群体中遗传模型为 G-2,即 3 对主基因模型,有多基因,主基因效应为加性作用,成分分布 8 个。主基因遗传率 34.5%,多基因的遗传率 45.1%(表 3)。在 BIEX 群体中遗传模型也为 G-2,但主基因遗传率 44.1%,多基因遗传率 21.5%。两个群体遗传模型相同但遗传率有较大差异。两群体 3 对主基因效应均正向,多基因累计效应负向;3 对主基因间的互作有正有负(表 4)。

表 1 RIKY 群体大豆蛋白质、蛋油及有关组分含量的次数分布与统计分析  
Table 1 Frequency distribution and statistical analysis for content of protein, protein plus fat and related component traits in RIKY population

性状 Trait	Pr (%)	<i>f</i>	Fat (%)	<i>f</i>	PF (%)	<i>f</i>	11S (%)	<i>f</i>	7S (%)	<i>f</i>	11S/7S	<i>f</i>	11S~1 (%)	<i>f</i>	11S~2 (%)	<i>f</i>
P <sub>1</sub>	42.60		17.60		60.20		60.00		27.80		2.2		14.1		12.3	
P <sub>2</sub>	43.80		19.80		63.60		53.50		39.70		1.4		20.3		0.0	
组中点 Class mid-point	38.35	2	15.95	1	57.85	14	47.30	1	16.20	2	1.6	2	1.8	7	0.0	48
	39.65	10	16.45	18	59.15	20	50.70	2	19.20	7	2.0	46	5.0	1	5.8	50
	40.95	20	16.95	29	60.45	38	54.10	3	22.20	9	2.4	53	8.2	1	11.0	52
	42.25	35	17.45	43	61.75	39	57.50	15	25.20	30	2.8	47	11.4	2	15.0	22
	43.55	34	17.95	37	63.05	40	60.90	31	28.20	49	3.2	23	14.6	8	20.0	2
	44.85	32	18.45	26	64.35	22	64.30	50	31.20	49	3.6	4	17.8	29	25.0	3
	46.15	31	18.95	20	65.65	7	67.70	53	34.20	27	4.0	4	21.0	52	30.0	6
	47.45	16	19.45	8	66.95	2	71.10	21	37.20	9	4.4	5	24.2	48	35.0	1
	48.75	3	19.95	2	68.25	1	74.50	5	40.20	2			27.4	24		
	50.05	1			69.55	1	77.90	3					30.0	12		
$\bar{x}$	43.50		18.10		61.80		63.80		27.90		2.4		20.6		7.8	
$h^2$	86.80		78.60		84.50		85.80		85.30		88.0		85.1		88.0	
$F$	7.70**		3.90**		6.90**		6.00**		5.80**		7.3**		5.8**		7.1**	
性状 Trait	11S~3 (%)	<i>f</i>	11S~4 (%)	<i>f</i>	7S~1 (%)	<i>f</i>	7S~2 (%)	<i>f</i>	7S~3 (%)	<i>f</i>	7S~4 (%)	<i>f</i>	7S~5 (%)	<i>f</i>	7S~6 (%)	<i>f</i>
P <sub>1</sub>	10.6		24.0		4.00		5.2		8.20		0.0		4.9		5.5	
P <sub>2</sub>	7.0		26.2		5.50		13.0		6.60		7.9		0.0		6.7	
组中点 Class mid-point	3.9	1	6.5	5	0.00	89	0.0	43	0.00	26	0.0	97	0.0	42	0.0	118
	8.7	12	9.3	78	3.55	3	3.9	17	2.75	3	2.0	1	2.4	1	2.7	1
	13.5	20	12.1	45	4.85	8	5.3	29	4.45	29	4.0	1	3.8	1	4.4	1
	18.3	14	14.9	14	6.15	16	6.7	37	6.15	42	6.0	11	5.2	11	6.1	3
	23.1	10	17.7	1	7.45	25	8.1	30	7.85	15	8.0	16	6.6	20	7.8	19
	27.9	37	20.5	13	8.75	24	9.5	11	9.55	36	10	31	8.0	22	9.5	28
	32.7	67	23.3	10	10.05	17	10.9	5	11.25	23	12	18	9.4	36	11.0	10
	37.5	20	26.1	11	11.35	2	12.3	6	12.95	5	14	8	10.8	30	13.0	3
	42.3	3	28.9	4			13.7	6	14.65	4	16	1	12.2	16	15.0	1
			31.7	3					16.00	1			13.6	5		
$\bar{x}$	26.0		13.4		4.30		6.1		7.60		4.7		7.6		4.1	
$h^2$	94.1		91.6		95.70		87.4		86.20		87		85.9		95.0	
$F$	14.1**		11.2**		28.00**		7.4**		6.30**		6.7**		6.2**		21.5**	

P<sub>1</sub>: 科丰 1 号; P<sub>2</sub>: 南农 1138-2; *f*: 次数; 各性状总次数为 184; Pr: 蛋白质含量; Fat: 油脂含量; PF: 蛋油总量。

P<sub>1</sub>: Kefeng 1; P<sub>2</sub>: Nannong 1138-2; *f*: frequency, total frequency is 184 in each trait; Pr: protein content; Fat: fat content; PF: protein plus fat content.

### 2.6 11S/7S 比值的遗传

在 RIKY 群体中遗传模型为 E-1-6, 即 2 对主基因+多基因模型。主基因效应为累加作用, 成分分布 3 个, 主基因遗传率 74.8%, 多基因遗传率 20.1%。两对主基因加性效应相同均为正向, 多基因累计也为正向, 加加互作为正向(表 3)。在 BIEY 群体中遗传模型为 E-1-7, 即 2 对主基因+多基因模型。主基

因效应为互补作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 56.6%, 多基因的遗传率 10.1%。两对主基因的加性效应与加加互作无法区分, 合计正向, 多基因累计为正向(表 4)。

### 2.7 11S 亚基组遗传

2.7.1 11S-1 在 RIKY 群体中遗传模型为 E-1-6, 即 2 对主基因模型+多基因, 主基因效应为累加作

表 2 BIEX 群体大豆蛋白质、蛋油及有关亚基组含量的次数分布与统计分析  
Table 2 Frequency distribution and statistical analysis for content of protein, protein plus fat and related component traits in BIEX population

性状 Trait	Pr (%)	<i>f</i>	Fat (%)	<i>f</i>	PF (%)	<i>f</i>	11S (%)	<i>f</i>	7S (%)	<i>f</i>	11S/7 S	<i>f</i>	11S~1 (%)	<i>f</i>	11S~2 (%)	<i>f</i>
P <sub>1</sub>	42.0		20.8		62.8		74.5		25.3		2.9		8.1		12.0	
P <sub>2</sub>	47.0		15.7		62.6		62.7		37.3		1.7		9.5		8.5	
组中点 Class mid- point	40.8	1	14.9	6	58.9	1	50.9	3	22.6	3	1.4	3	6.0	1	4.9	4
	41.8	5	15.9	20	59.9	14	53.5	7	24.6	4	1.6	7	8.0	14	6.3	5
	42.8	14	16.9	34	60.9	14	56.1	15	26.6	11	1.8	15	10.0	12	7.7	23
	43.8	21	17.9	31	61.9	29	58.7	27	28.6	17	2.0	27	12.0	17	9.1	34
	44.8	37	18.9	21	62.9	23	61.3	19	30.6	16	2.2	19	14.0	10	11.0	18
	45.8	23	19.9	0	63.9	22	63.9	14	32.6	22	2.4	14	16.0	23	12.0	15
	46.8	10	20.9	0	64.9	8	66.5	15	34.6	21	2.6	15	18.0	17	13.0	3
	47.9	3	21.9	2	65.9	2	69.1	7	36.6	10	2.8	7	20.0	11	15.0	7
					66.9	1	71.7	3	38.6	6	3.0	5	22.0	6	16.0	4
							74.3	4	40.6	4	3.2	2	24.0	3	18.0	1
$\bar{x}$	45.0		17.6		62.4		2.2		32.0		2.2		14.7		9.0	
$h^2$	64.1		66.5		65.5		88.4		84.1		71.8		97.0		90.0	
$F$	1.8**		1.9**		1.9**		30.8**		5.3**		2.5**		28.6**		2.4**	
性状 Trait	11S~3 (%)	<i>f</i>	11S~4 (%)	<i>f</i>	7S~1 (%)	<i>f</i>	7S~2 (%)	<i>f</i>	7S~3 (%)	<i>f</i>	7S~4 (%)	<i>f</i>	7S~5 (%)	<i>f</i>	7S~6 (%)	<i>f</i>
P <sub>1</sub>	41.7		10.4		0.0		0.0		7.6		9.8		9.1		0.0	
P <sub>2</sub>	34.9		10.6		6.1		6.2		6.1		13.5		0.0		12.0	
组中点 Class mid- point	20.6	3	4.5	1	0.0	47	0.0	66	0.0	3	0.0	23	0.0	23	0.0	65
	22.2	2	6.5	4	2.5	7	4.0	5	2.4	2	3.0	2	1.0	1	1.5	1
	23.8	8	8.5	28	4.5	23	5.0	11	4.8	49	4.0	2	3.0	1	3.5	1
	25.4	12	10.5	28	6.5	22	6.0	15	7.2	36	5.0	5	5.0	2	5.5	4
	27.0	19	12.5	14	8.5	7	7.0	9	9.6	12	6.0	2	7.0	18	7.5	13
	28.6	14	14.5	7	10.5	7	8.0	6	12.0	4	7.0	1	9.0	24	9.5	21
	30.2	17	16.5	8	12.5	1	9.0	2	14.4	3	8.0	8	11.0	36	12.0	9
	31.8	8	18.5	9					16.8	5	9.0	15	13.0	6		
	33.4	7	20.5	5							10.0	27	15.0	2		
	35.0	12	22.5	5							11.0	16	17.0	0		
	36.6	5	24.5	5							12.0	13	19.0	1		
	38.2	7														
$\bar{x}$	29.9		11.9		3.9		3.2		6.4		8.6		8.1		4.1	
$h^2$	88.1		95.2		98.2		95.6		91.5		94.5		94.9		98.0	
$F$	17.7**		97.3**		41.8**		7.3**		9.9**		17.3**		38.3**		43.2**	

P<sub>1</sub>: Essex; P<sub>2</sub>: ZDD2315; 各性状的总次数为 114。P<sub>1</sub>: Essex; P<sub>2</sub>: ZDD2315; Total frequency is 114 for each trait.

用, 有多基因, 成分分布 3 个。主基因遗传率 77.9%, 多基因的遗传率 15.5 %。两对主基因加性效应相同均为正向, 多基因累计为负向; 加加互作为负向(表 3)。在 BIEX 群体中遗传模型为 G-2, 即 3 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为加性作用,

成分分布 8 个。主基因遗传率 45.4%, 多基因的遗传率 53.3%。3 对主基因效应均正向, 多基因累计效应负向; 3 对主基因间的互作有正有负(表 4)。  
2.7.2 11S-2 在 RIKY 群体中遗传模型为 E-1-3, 即 2 对主基因模型, 有多基因, 主基因效应为等加

性作用, 成分分布 3 个, 主基因遗传率 45.2%, 多基因的遗传率 41.2%。两对主基因加性效应相同均为正向, 多基因累计为负向; 无加加互作(表 3)。在 BIEK 群体中为 E-1-7 模型, 即 2 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为互补作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 67.6%, 多基因的遗传率 26.7%。两对主基因的加性效应与加加互作无法区分, 合计正向, 多基因累计为负向(表 4)。

2.7.3 11S-3 在 RIKY 群体中遗传模型为 E-2-9, 即 2 对主基因模型+多基因。主基因效应为抑制作用, 有多基因, 成分分布 2 个, 2 对主基因连锁, 交换值为 43%, 主基因遗传率 57.4%, 多基因的遗传率 36.9%。两对主基因的加性效应与加加互作无法区分, 合计正向, 多基因累计也为正向(表 3)。在 BIEK 群体中为 E-1-7 模型, 即 2 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为互补作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 62.7%, 多基因的遗传率 30.5%。两对主

基因的加性效应与加加互作无法区分, 合计正向, 多基因累计为负向(表 4)。

2.7.4 11S-4 在 RIKY 群体中遗传模型为 E-1-6, 即 2 对主基因模型, 有多基因, 主基因效应为累加性作用, 成分分布 3 个, 主基因遗传率 64.4%, 多基因的遗传率 29.7%。两对主基因加性效应相同均为负向, 多基因累计为负向; 加加互作为正向(表 3)。在 BIEK 群体中为 G-4 模型, 即 3 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为等加性作用, 成分分布 6 个, 主基因遗传率 50.1%, 多基因的遗传率 45.6%。3 对主基因效应均正向, 多基因累计效应负向; 3 对主基因间的互作有正有负(表 4)。

2.8 7S 亚基因组遗传

2.8.1 7S-1 在 RIKY 群体中遗传模型为 D-1, 即 1 对主基因+多基因模型, 有多基因, 主基因效应为加性作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 67.8%, 多基因的遗传率 30.0%。主基因效应负向, 多基因

表 3 大豆 RIKY 群体蛋白质含量等性状的遗传参数估计  
Table 3 Estimates of genetic parameters of protein content and related traits of RIKY population in soybean

性状 Trait	模型 Model	平均数 Mean	主基因对数 Major genes pairs	遗传率 $h^2(\%)$		加性效应 Additive effect		加加互作效应和交换值 Additive by additive interaction or recombination value
				主基 因 MG	多基 因 PG	主基因 MG(a, b, c)	多基因 PG	
Pr	D-1	44	1	31.29	53.71	1.10	-1.23	
Fat	E-2-5	18.2	2, linked	48.58	29.74	0.66(a), 0.63(b)	-2.21	35.50%(R)
PF	G-2	61.8	3	66.64	23.23	1.47(a), 0.31(b), 0.82(c)	-3.50	0.28(ab), -0.22(ac), 0.29(bc), 0.26(abc)
11S	G-2	63.8	3	14.33	50.66	0.71(a), 0.41(b), 0.24(c)	6.52	0.01(ab), -0.01(ac), 0.01(bc), -0.09(abc)
7S	G-2	27.9	3	34.52	45.07	2.34(a), 1.79(b), 0.76(c)	-11.90	-0.99(ab), -0.06(ac), 0.14(bc), 0.41(abc)
11S/7S	E-1-6	2.6	2	74.81	20.11	0.41	0.79	0.18(i)
11S-1	E-1-6	17.4	2	77.93	15.48	4.50	-6.18	-4.50(i)
11S-2	E-1-3	7.2	2	45.23	41.18	2.92	11.30	
11S-3	E-2-9	20.4	2, linked	57.41	36.85		3.60	8.67 (i*), 43%(R)
11S-4	E-1-6	8.8	2	64.38	29.73	-3.50	-2.20	3.60 (i)
7S-1	D-1	4.0	1	67.78	30.01	-3.50	1.50	
7S-2	E-1-6	2.4	2	51.82	36.93	1.81	-7.80	-0.48(i)
7S-3	G-2	7.1	3	39.30	43.85	3.01(a), 1.14(b), 0.51(c)	-1.90	-1.14(ab), -0.51(ac), 0.00(bc), 0.39(abc)
7S-4	G-2	3.9	3	38.91	45.50	3.29(a), 1.16(b), 1.16(c)	-6.90	0.96(ab), 0.96(ac), 0.00(bc), -0.96(abc)
7S-5	E-2-8	4.6	2, linked	59.49	29.19		3.90	3.99(i*), 49%(R)
7S-6	E-2-5	2.4	2, linked	60.50	35.98	-4.10(a), 2.10(b)	-3.50	25.90%(R)

MG: 主基因; PG: 多基因; R: 重组值(%); a, b, c: 主基因序号; ab, ac, bc, abc: 分别为主基因之间的互作; i: 上位效应值; i\*: 加加互作与加性效应混合值。

MG: major gene; PG: polygene; R: recombination value (%); ab, ac, bc, and abc: interaction between or among major genes; i: epistasis value; i\*: additive by additive interaction mixed with additive value.

表 4 大豆 BIEX 群体蛋白质含量等性状的遗传参数估计  
Table 4 Estimates of genetic parameters of protein content and related traits of BIEX population in soybean

性状 Trait	模型 Model	平均数 Mean	主基因 对数 Major genes pairs	遗传率 $h^2$ (%)		加性效应 Additive		加加交互效应和交换值 Additive by additive interaction or recombination value
				主基因 MG	多基因 PG	主基因 MG	多基因 PG	
Pr	D-1	44.4	1	40.9	37.2	1.00	-5.05	
Fat	G-2	17.9	3	71.1	4.2	1.40(a), 1.00(b), 0.65(c)	5.09	0.25(ab), 0.25(ac), 0.25(bc), 0.30(abc)
PF	G-2	62.3	3	59.9	27.9	1.36(a), 0.82(b), 0.30(c)	27.86	0.27(ab), -0.21(ac), 0.28(bc), -0.25(abc)
11S	G-4	64.0	3	60.7	17.0	-7.30(a), -2.30(b), -1.90(c)	-11.80	-0.30(ab), -0.70(ac), 1.70(bc), 0.90(abc)
7S	G-2	30.7	3	44.1	21.6	2.82(a), 1.40(b), 1.40(c)	-11.97	1.40(ab), 1.40(ac), -0.03(bc), -0.03(abc)
11S/7S	E-1-7	2.3	2	56.6	10.1		1.26	0.35(i <sup>+</sup> )
11S-1	G-2	13.8	3	45.4	53.4	3.83(a), 2.15(b), 2.15(c)	-1.43	0.83(ab), 0.83(ac), -0.85(bc), 0.48(abc)
11S-2	E-1-7	12.0	2	67.6	26.6		-3.80	2.71(i <sup>+</sup> )
11S-3	E-1-7	31.6	2	62.7	30.5		-9.90	3.92 (i <sup>+</sup> )
11S-4	G-4	13.4	3	50.1	45.6	5.30(a), 2.50(b), 2.00(c)	-13.00	1.20(ab), 0.60(ac), 0.60(bc), -0.70(abc)
7S-1	E-1-5	2.5	2	76.2	22.2	3.31(a), 1.66(b)	-5.06	
7S-2	E-1-7	2.6	2	90.0	8.9		-5.19	2.59(i <sup>+</sup> )
7S-3	E-1-7	9.8	2	81.9	16.1		-1.50	4.28(i <sup>+</sup> )
7S-4	G-4	6.4	3	79.8	13.8	-4.80(a), -1.20(b), -0.70(c)	-3.80	1.20(ab), 0.70(ac), -0.20(bc), 0.20(abc)
7S-5	D-1	5.7	1	86.6	11.9	5.55	8.08	
7S-6	E-1-7	4.7	2	92.6	5.0		-13.06	-4.73(i <sup>+</sup> )

MG: 主基因; PG: 多基因; R: 重组值(%); a, b, c: 主基因序号; ab, ac, bc, abc: 分别为主基因之间的交互; i: 上位效应值; i<sup>+</sup>: 加加交互与加性效应混合值。

MG: major gene; PG: polygene; R: recombination value (%); ab, ac, bc, and abc: interaction between or among major genes; i: epistasis value; i<sup>+</sup>: additive by additive interaction mixed with additive value.

累计正向(表 3)。在 BIEX 群体中为 E-1-5 模型, 即 2 对主基因+多基因模型, 有多基因, 主基因效应为隐性上位作用, 成分分布 3 个, 主基因遗传率 76.1%, 多基因的遗传率 22.2%。两对主基因效应正向, 多基因累计负向(表 4)。

2.8.2 7S-2 在 RIKY 群体中遗传模型为 E-1-6, 即 2 对主基因+多基因模型, 有多基因, 主基因效应为累加作用, 成分分布 3 个, 主基因遗传率 51.8%, 多基因的遗传率 36.9%。两对主基因加性效应相同均为正向, 多基因累计为负向; 加加互作为负向(表 3)。在 BIEX 群体中为 E-1-7 模型, 即 2 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为互补作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 89.9%, 多基因的遗传率 8.9%。两对主基因的加性效应与加加互作无法区分, 合计正向, 多基因累计为负向(表 4)。

2.8.3 7S-3 在 RIKY 群体中遗传模型为 G-2, 即 3 对主基因+多基因模型, 有多基因, 主基因效应为加性作用, 成分分布 8 个, 主基因遗传率 39.3%, 多基因的遗传率 43.9%。3 对主基因效应均正向, 多基因累计效应负向; 3 对主基因间的互作有正有负

(表 3)。在 BIEX 群体中为 E-1-7 模型, 即 2 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为互补作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 81.9%, 多基因的遗传率 16.1%。两对主基因的加性效应与加加互作无法区分, 合计正向, 多基因累计为负向(表 4)。

2.8.4 7S-4 在 RIKY 群体中遗传模型为 G-2, 即 3 对主基因+多基因模型, 有多基因, 主基因效应为加性作用, 成分分布 8 个, 主基因遗传率 38.9%, 多基因的遗传率 45.5%。3 对主基因效应均正向, 多基因累计效应负向; 3 对主基因间的互作有正有负(表 3)。在 BIEX 群体中为 G-4 模型, 即 3 对主基因+多基因模型, 有多基因, 主基因效应为等加性作用, 成分分布 6 个, 主基因遗传率 79.6%, 多基因的遗传率 13.8%。3 对主基因效应均负向, 多基因累计效应负向; 3 对主基因间的互作有正有负(表 4)。

2.8.5 7S-5 在 RIKY 群体中遗传模型为 E-2-8, 即 2 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为重叠作用, 成分分布 2 个, 2 对主基因连锁, 交换值为 49%, 主基因遗传率 59.5%, 多基因的遗传率 29.2%。两对主基因的加性效应与加加互作无法区分,

合计正向, 多基因累计为正向(表 3)。在 BIE X 为 D-1 模型, 即 1 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为正向加性作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 86.6%, 多基因的遗传率 11.9%(表 4)。

2.8.6 7S-6 在 RIKY 群体中遗传模型为 E-2-5, 即 2 对主基因+多基因模型, 有多基因, 主基因效应为隐性上位作用, 成分分布 3 个, 2 对主基因连锁, 交换值为 25.91%, 主基因遗传率 60.5%, 多基因的遗传率 35.90%。2 对主基因效应 1 正 1 负, 多基因累计为负向(表 3)。在 BIE X 群体中为 E-1-7 模型, 即 2 对主基因模型+多基因, 有多基因, 主基因效应为互补作用, 成分分布 2 个, 主基因遗传率 92.7%, 多基因的遗传率 5.0%。两对主基因的加性效应与加加交互无法区分, 合计负向, 多基因累计为负向(表 4)。

### 3 讨论

本文中重组自交家系群体 RIKY 与回交自交衍生系群体 BIE X 的 16 个性状的遗传都由主基因和多基因共同控制, 其中有 10 个性状两群体具相同的主基因数(分别为 1~3 个), 其他 6 个性状两群体间相差 1 对主基因, 两群体的遗传模型按主基因数区分的大类大致相同, 但类内基因效应模型有所不同。说明群体间在遗传上有共性, 也有一定相异性。从亲本来源看, RIKY 家系的亲本科丰 1 号和南农 1138-2 都属于我国选育的栽培品种, 分别来自黄淮和长江中下游两个生态区; BIE X 家系的亲本 Essex 是美国南方的栽培品种, 兴县灰布支是黄淮地区的地方品种; 两组材料均来自栽培种质, 均为熟期组 II 和 V 之间的杂交分离家系。这可能构成了两组材料蛋白质性状主基因数相似的背景基础, 当然两者由于地理和历史等原因遗传基础是不同的, 基因数量相同不一定属于同一位点, 同一等位变异。

数量性状遗传模型的分离分析方法是一种统计推论的方法, 它继承了孟德尔通过分离群体研究质量性状遗传的要义, 把分离分析应用到数量性状上<sup>[2,11]</sup>。但由分离分析所推论的基因只是概念上的基因, 难以做个别比较, 近时发展的分子标记 QTL 定位方法使育种工作者可以通过 QTL 定位来进一步比较材料间遗传基础的异同, 并通过相连锁的标记对基因进行育种操作。当然大量的实验结果发现 QTL 定位的准确性也需要验证。分离分析与 QTL 定位可共用同一组数据, 因而可方便地为 QTL 定位提供相互验证的手段。本研究同时还进行了 QTL 定位的工

作, 限于篇幅, 该部分结果以及分离分析与 QTL 定位结果的比较将在另文中报告。

从 16 个性状主基因和多基因贡献所占的份额看, 虽有主次差异, 但大部分性状相差不悬殊, 因而蛋白质及有关品质性状的育种既要利用主基因还必须利用微效多基因, 要考虑兼用两者的育种方法。16 个性状中大部分(多于 13 个)性状具有 2 对或 2 对以上主基因, 主基因间都有交互作用, 聚合基因时, 还应注意基因的最佳配合。因而遗传分析的结果对育种方法提出了进一步的命题。

### 4 结论

两个群体 16 个有关性状均有不同程度的超亲分离, 双亲间存在不同程度的位点互补。蛋白质含量遗传两群体均为 1 对主+多基因模型, 油脂含量遗传为 2~3 对主+多基因模型, 蛋油总量遗传均为 3 对主+多基因模型, 11S 组分的遗传均为 3 对主+多基因模型, 7S 组分的遗传均为 3 对主+多基因模型, 11S/7S 比值遗传均为 2 对主+多基因模型, 两群体的遗传模型大同小异。在蛋白质及有关品质性状的育种中既要利用主基因还必须利用微效多基因, 要考虑兼用两者的育种方法。

### References

- [1] Liu S H, Zhou R B, Tian S J, Gai J Y. A Study on subunit groups of soybean protein extracts under SDS-PAGE. *J Am Fat Chem Soc*, 2007, 84: 793-801
- [2] Gai J-Y(盖钧镒), Zhang Y-M(章元明), Wang J-K(王建康). Genetic System of Quantitative Traits in Plants (植物数量性状遗传体系). Beijing: Science Press, 2003 (in Chinese)
- [3] Zhan Q-W(詹秋文), Gai J-Y(盖钧镒), Zhang Y-M(章元明), Yu D-Y(喻德跃). Inheritance of resistance of soybeans to leaf-eating insects. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2002, 35(8): 1016-1020 (in Chinese with English abstract)
- [4] Zhan Q-W(詹秋文), Gai J-Y(盖钧镒), Zhang Y-M(章元明), Sun Z-D(孙祖东). Development and expression process of inheritance of resistance to cotton worm (*Prodenia litura*) in soybeans. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2001, 28(10): 956-963 (in Chinese with English abstract)
- [5] Wu Y-C(吴业春). Evaluation of Soybean Resistance to Leaf-feeding Insects and Inheritance of Antibiosis to Cotton Worm (*Prodenia litura*). MS Dissertation of Nanjing Agricultural University, 2003 (in Chinese with English abstract).
- [6] Luo Q-Y(罗庆云), Yu B-J(於丙军), Liu Y-L(刘友良), Zhang Y-M(章元明), Xue Y-L(薛艳玲), Zhang Y(张艳). The mixed inheritance analysis of salt tolerance in cultivars of *Glycine max*. *Soybean Sci* (大豆科学), 2004, 23(4): 239-244 (in Chinese with English abstract)
- [7] Liu Y(刘莹). Identification of Tolerance to Rhizospheric Stresses and Inheritance and QTL Locating of Related Root Traits in



- Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. PhD Dissertation of Nanjing Agricultural University, 2005 (in Chinese with English abstract)
- [8] Luo W-G(卢为国). Soybean Cyst Nematode (*Heterodera glycines ichinohe*) Races and Inheritance and Gene Mapping of Resistance of Soybean to the Disease in Huang-Huai Valley. PhD Dissertation of Nanjing Agricultural University, 2005 (in Chinese with English abstract)
- [9] Zheng Y-Z(郑永战). Variability, Inheritance, and QTL Mapping of Fatty Traits in Chinese Germplasm of Soybean. PhD Dissertation of Nanjing Agricultural University, 2006 (in Chinese with English abstract)
- [10] Gai J-Y(盖钧镒). Methods of Experimental Statistics (试验统计方法). Beijing: China Agriculture Press, 2000
- [11] Gai J-Y(盖钧镒). Indicators related to genetic structure changes of plant germplasm population. *J Plant Genet Resour* (植物遗传资源学报), 2005, 6(1): 1-8 (in Chinese with English abstract)
- [12] Zhang Y-M(章元明), Gai J-Y(盖钧镒). Identification of mixed major genes and polygenes inheritance model of quantitative traits by using DH or RIL population. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2000, 27(7): 634-640 (in Chinese with English abstract)
- [13] He X-H(何小红), Gai J-Y(盖钧镒). Segregation analysis of quantitative traits in backcross inbred line population. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2006, 32(2): 210-216 (in Chinese with English abstract)

## 科学出版社生物分社新书推介

### 《中国生物入侵研究》(中、英文版)

万方浩 郭建英 张峰 等著

中文版 978-7-03-025800-7    ¥ 150.00    2009年10月 出版

英文版 978-7-03-025799-4    ¥ 180.00    2009年10月 出版



本书共分为九章, 第一章主要分析了中国外来有害生物入侵现状、发生与发展趋势; 第二章重点介绍了中国最具危害性与威胁性的 20 个农林入侵物种的分布与危害以及核心研究问题; 第三章在因子分析及典范对应分析的基础上, 深入剖析了外来有害生物成功入侵的因素; 第四章应用不同的分析模式, 评估了生物入侵对经济、生态与社会的影响; 第五章重点构架与解析了中国生物入侵基础与应用研究的体系与模式, 提出在基础理论研究方面需要重点关注的科学问题, 简要介绍了现阶段基础与应用研究的主题项目及代表前沿性研究的核心成果与突出亮点; 第六章以典型农

林入侵物种(病虫害)为对象, 系统地归纳与总结了其入侵机制、扩张与暴发的生态学过程、与本地种的竞争与互作的关系以及对生态系统产生的影响等; 第七章从预防预警、检测监测、应急处理、持续防控的技术与方法的角度, 系统性总结了生物入侵防控技术的研究与发展; 第八章从管理到研究等不同层面, 提出了一些应对生物入侵的建议; 第九章有针对性地提出了基础理论与防控技术的创新需求。本书适合于从事生物入侵、生物多样性、生态安全、动植物检疫、植物保护与环境保护等领域的科研人员、大专院校师生以及行政管理人员等使用。

欢迎各界人士邮购科学出版社各类图书(免邮费)

邮购地址: 北京东黄城根北街 16 号 科学出版社 科学出版中心 生命科学分社 邮编: 100717

联系人: 李韶文(010-64000849) 周文宇(010-64031535)

更多精彩图书请登陆网站 <http://www.lifescience.com.cn>, 欢迎致电索要书目