

早籼稻优质品种数量性状的遗传 距离与聚类分析*

伍时照 黄超武

(作物遗传育种研究室)

陈刚 梁肇均

(广东省农业科学院)

提 要

32个细长粒形丝苗型的华南地区早籼稻优质品种数量性状的遗传距离进行聚类分析,分为5个类群。类群间差异比类群内大,水稻品质育种杂交亲本选配应在类群间进行。但在改良品种1—2个性状时,亲本之一符合育种目标,另一亲本也可不一定选用遗传距离大的品种。

关键词 遗传距离; 聚类分析; 主成分分析; 数量性状; 籼稻

随着计算技术的发展,多元分析法逐渐应用于育种工作。七十年代初,Bhatt G.M.在小麦用主成分分析法评价亲本综合性状,用多元分析法测定亲本间的遗传距离,对亲本进行聚类,为杂交育种合理选配亲本提供了一个有效的方法。国内学者对多元分析法在育种上应用,初步确认,数量性状的遗传距离可以作为衡量两亲遗传差异的一个遗传参数^{[1][2]}。作者曾对晚籼稻优质品种数量性状遗传差异在选择亲本上的应用做了研究^[3]。本试验目的用多元分析法对于具有细长粒形的丝苗型早籼稻优质品种的研究,测定品种间的遗传距离,评价综合性状好的品种,为杂交育种的亲本选配提供依据。

材 料 和 方 法

(一) 供试品种

选用华南地区当前栽培的32个具有细长粒形的丝苗型早籼稻优质品种(表1),在华南农业大学水稻育种试验地进行。于1985年3月7日播种,4月22日插秧,单株植,规格12×15厘米,随机区组,3次重复。每小区60株,每行10株。选小区中间一行进行调查考种共12个性状(表2)。

*本篇是水稻品种种性研究第Ⅷ报。本文承蒙安徽农学院刘垂珩教授审阅并提出宝贵意见。材料承华南农业大学罗富和副教授协助计算,谨此致谢。

农牧渔业部(六五)和国家自然科学基金(七五)资助项目

1987年9月18日收稿

表1 供试品种名称及编号

编号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
品种名称	辐新四	惠优占	农大早占	民科占	五山早占	南特占	马坝早占	珍占	五山早占4	木新选	76幅	双竹占	玻占早4	72早	超3占	马小坝占
编号	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32
品种名称	院728	院727	贾包占	双二占	泰引1号	国际油占1	华农占2	华农占3	民竹占5	IR50	零五占	团黄占	庚湘7	庚湘1	凌峰	光辉

(二) 统计方法及数据运算

为评价华南地区具细长粒形的丝苗型早籼优质品种综合性状并按遗传距离进行聚类,在一般方差分析的基础上,对供试品种进行主成分分析和聚类分析。应用刘来福和刘垂珩的方法^{[1][2]}进行。运算是在北京师范大学适用于DJS—130计算机的遗传距离程序基础上进行相应修改,在IBM—PC计算机运算得出数据。

结果和分析

(一) 方差分析

以单株为单位进行方差分析。测验的结果,只穗长性状差异不显著,说明该性状受环境影响,故舍弃,其余11个性状均达极显著水准(表2)。

(二) 主成分分析

入选的11个性状以其样本平均数来估算基因型值,算出基因值相关矩阵R(表3)。

表3 基因型值相关矩阵R

出穗日数	植高	有效穗数	每穗总粒数	每穗实粒数	结实率	百粒重	单株穗重	10粒谷长	10粒谷宽	长/宽
	0.486	0.048	0.469	0.418	-0.339	-0.122	0.226	0.005	-0.130	0.050
0.486		-0.329	0.690	0.684	-0.204	0.371	0.541	0.416	0.450	0.034
0.048	-0.329		-0.574	-0.552	0.153	-0.190	0.208	-0.143	-0.003	0.018
0.469	0.690	-0.574		0.984	-0.173	0.144	0.420	0.110	0.210	-0.188
0.418	0.684	-0.552	0.984		-0.007	0.144	0.448	0.067	0.229	-0.273
0.339	-0.204	0.153	-0.173	-0.007		-0.139	0.031	-0.311	-0.092	-0.465
-0.122	0.371	-0.190	0.144	0.144	-0.139		0.519	0.812	0.651	0.382
0.226	0.541	0.208	0.420	0.448	0.031	0.519		0.477	0.675	-0.049
0.005	0.416	-0.143	0.110	0.067	-0.371	0.812	0.477		0.621	0.691
-0.130	0.450	-0.003	0.210	0.229	-0.092	0.651	0.675	0.621		-0.048
0.050	0.034	0.018	-0.188	-0.273	-0.465	0.382	-0.049	0.691	-0.048	

应用Jacobi法计算出基因型相关矩阵R的特征根 λ 和相应的特征向量 l 及特征根累积百分率。选取前4个较大的特征根 λ_1 、 λ_2 、 λ_3 、 λ_4 及相应的特征向量 l_1 、 l_2 、 l_3 、 l_4 ，其累积百分率为87.17% (表4)。并算出32个个品种的4个主成分值 $\tilde{g}_1$ 、 $\tilde{g}_2$ 、 $\tilde{g}_3$ 、 $\tilde{g}_4$ (表5)。

表4看出，第一主成分的特征向量 l_1 以株高性状的正值最大，称株高因子。次为每穗总粒数、每穗实粒数、单株穗重、10粒谷长、10粒谷宽和百粒重。表明第一主成分值大的材料，植株较高，每穗总粒、实粒数多，单株穗重大，谷粒较长且宽，百粒重大，为高秆、大穗大粒型品种。

第二主成分的特征向量 l_2 体现了具细长粒形丝苗型优质品种外观品质的特性，以10粒谷长和谷粒长宽比分量的正值最大，称粒形因子。

第三主成分的特征向量 l_3 以结实率分量最大，称结实因子。其结实率高，谷粒较宽，长宽比较小，单株穗重大，抽穗较早。

第四主成分的特征向量 l_4 以有效穗数分量的正值最大，称穗数因子。其他出穗日数、单株穗重对第四主成分也有较大的贡献，为迟熟丰产型品种。

根据主成分评价品种综合性状，株高应以适中为宜，第一主成分值以接近平均值为好，结实率，有效穗数，每穗总粒、实粒数，单株穗重都不低，粒长、粒宽、百粒重也不至于过大，可兼顾优质品种外观品质的粒形、株高和产量三方面因素。第二主成分值大，谷粒的外观品质性状较好 (广东所称的优质品种粒形要细长，长/宽比 >3)，但每穗总粒数少且空粒多，为了兼顾优质与高产，应取平均值左右。第

方差分析

表2

自由度	出穗日数	株高	有效穗数	穗长	每穗总粒数	每穗实粒数	穗数	结实率	百粒重	单株穗重	10粒谷长	10粒谷宽	长/宽
区组	2	43.00	338.00	98.37	135.16	119.00	179.00	73.75	3.77	502.44	2.12	0.04	0.40
品种	31	559.50	1594.80	43.73	178.20	15556.50	11748.80	232.63	4.31	307.70	10.94	0.60	0.97
区组×品种	62	19.80	130.30	8.64	97.90	960.20	991.58	52.80	1.05	78.22	0.63	0.22	0.17
误差	864	6.12	24.19	3.83	93.88	329.40	325.45	38.19	0.64	30.19	0.06	0.06	0.03
F 值		91.39**	65.90**	11.41**	1.90	47.22**	36.10**	6.09**	6.74**	10.19**	196.12**	10.68**	35.78**

三主成分结实率与长宽比刚好是一对矛盾,宜取平均值左右。第四主成分值以较大为好,表现有效穗数多及单株穗重大,即从丰产性考虑,但熟期较晚。早季稻生育期过长,就会影响晚季稻生产,因此,第四主成分值低于平均值为好。

根据以上分析,算出了第一、二、三、四主成分值的平均值,分别为 $\bar{g}_1 = 11.274$, $\bar{g}_2 = 3.306$, $\bar{g}_3 = 7.642$, $\bar{g}_4 = 11.235$ (表 5)。为了选出综合性状好具有细长粒形外观品质性状的优质而又丰产品种,按优质品种的要求,即谷粒长宽比大,百粒重、谷粒长、宽度,株高适中,早熟且有一定的丰产性,规定符合下列标准的品种才入选, $\bar{g}_1 = \bar{g}_T \pm 1.2 = 11.274 \pm 1.2$, $\bar{g}_2 = \bar{g}_2 \pm 0.6 = 3.306 \pm 0.6$, $\bar{g}_3 = \bar{g}_3 \pm 1.2 = 7.642 \pm 1.2$, $\bar{g}_4 \leq \bar{g}_4 = 11.235$ 。这样共选出 8 个品种。7 (马坝早占), 8 (珍占), 9 (五山早占 4), 14 (72早) 15 (超 3 占), 16 (马坝小占), 23 (华农占 2), 27 (零五占)。如果把标准放宽,即前三个主成分满足要求,第四主成分值大于平均值的都入选,有 2 (惠优占), 10 (木新选) 两个品种。共入选 10 个品种,这 10 个品种中不少是当前生产上较好的品种,而且以他们作亲本后代又育成较好品种的,如惠优占、马坝小占、零五占、五山早占等,这说明根据主成分分析来评价品种的优劣是基本可行的。但应该指出,个别生产上认为外观品质性状好的优质品种未能在主成分分析中入选,这是因为主成分分析只涉及部分性状,而生产上的性状标准较多,包括一些目前尚未予以数量度量的性状,如食味、腹白、米粒色泽、油分等,因而在主成分分析中未能体现。

表 4 入选的特征根和特征向量

	λ_1	λ_2	λ_3	λ_4	来 源
特征根	4.075283	2.552094	1.683907	1.277573	
累积%	37.05	60.25	75.56	87.17	
特 征 向 量	0.189	-0.239	-0.322	0.574	出穗日数
	0.421	-0.125	-0.033	0.110	株 高
	-0.197	0.210	0.247	0.680	有效穗数
	0.379	-0.369	-0.079	-0.077	每穗总粒数
	0.367	-0.391	0.026	-0.098	每穗实粒数
	-0.153	-0.145	0.551	-0.137	结 实 率
	0.322	0.367	0.124	-0.205	百 粒 重
	0.353	0.082	0.374	0.337	单株穗重
	0.329	0.440	-0.095	-0.074	10 粒 谷 长
	0.322	0.237	0.382	-0.021	10 粒 谷 宽
	0.077	0.425	-0.463	0.016	长/宽
	1_1	1_2	1_3	1_4	
主成分	株高因子 (第 1 主成分)	粒形因子 (第 2 主成分)	结实因子 (第 3 主成分)	穗数因子 (第 4 主成分)	

(三) 遗传距离与聚类分析

根据遗传距离公式计算出32个品种中每两品种之间的遗传距离 D^2 ,共496个 D^2 值。根据 D^2 值大小,用系统聚类法的类平均法对品种进行聚类,把32个品种聚成5类(图1)。品种类群组成见表6。计算出类群内和类群间的遗传距离(表7),作出类群的遗传距离图(图2)。

聚类结果表明,同一类群内品种间的遗传距离小,即遗传差异小,不同类群间品种的遗传距离大,遗传差异大。

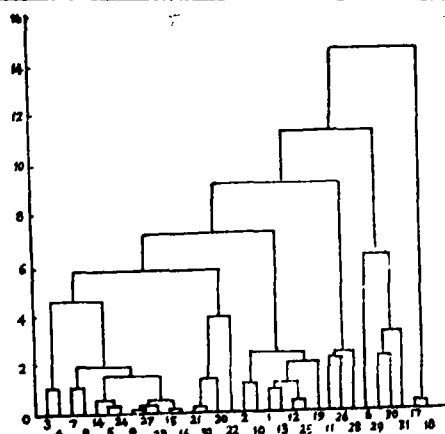


图1 早籼稻优质品种系统聚类图

表5

供试品种的4个主成分值

	$\tilde{g}_1$	$\tilde{g}_2$	$\tilde{g}_3$	$\tilde{g}_4$		$\tilde{g}_1$	$\tilde{g}_2$	$\tilde{g}_3$	$\tilde{g}_4$
1	11.899	2.366	7.890	11.932	18	12.178	2.126	4.982	10.097
2	10.745	2.779	7.133	13.524	19	10.763	2.581	8.513	12.687
3	11.894	2.211	8.401	10.647	20	11.289	4.001	6.945	9.986
4	11.770	1.665	8.671	9.857	21	11.328	4.255	6.482	11.001
5	10.017	3.317	8.401	9.822	22	10.670	5.089	7.798	9.984
6	13.509	3.094	9.729	11.754	23	10.571	2.769	8.560	11.104
7	11.022	3.629	7.794	10.765	24	10.057	3.161	7.926	9.878
8	11.511	3.563	8.672	10.854	25	10.744	2.462	7.558	11.768
9	10.616	3.111	8.217	10.995	26	10.651	5.184	8.133	12.414
10	11.390	2.807	6.970	12.684	27	10.483	2.805	8.122	10.908
11	11.148	5.319	6.796	12.678	28	9.967	4.472	6.963	12.350
12	11.196	2.303	7.430	12.239	29	12.604	4.015	8.257	10.915
13	11.634	1.832	7.633	12.595	30	13.515	5.160	8.364	10.792
14	10.259	3.243	7.748	10.340	31	13.585	3.729	7.200	11.429
15	10.213	3.107	8.062	10.990	32	11.588	3.955	6.312	10.910
16	10.138	3.356	7.844	11.123	平均	11.274	3.306	7.642	11.235
17	11.824	2.316	5.027	10.507					

将各 D^2 平均得出参试品种的总平均遗传距离 $D_T^2 = 8.00$ ，类群间的遗传距离除了第Ⅱ类群与Ⅳ类群间的 D^2 为 7.17，小于 D_T^2 外，其他各类群间的 D^2 都大于 D_T^2 。这五个类群中，只有第Ⅱ、第Ⅳ两个类群在遗传上是较相近的，其余各类间遗传差异都较大。从主成分分析的结果来看，所有入选的综合性状较好的品种都集中在第Ⅱ、Ⅳ类群中，如 2（惠优占）、10（木新选）在第Ⅱ类群中；7（马坝早占）、8（珍占）、9（五山早占 4）、14（72早）、15（超 3 占）、16（马坝小占）、23（华农占 2）、27（零五占）在第Ⅳ类群中。这就说明，要使育种工作有一个较大的进展，选配亲本则要用遗传距离远的材料；但当两个亲本之一基本符合育种目标，为了改良一二个性状，另一亲本不一定要用遗传距离差异大的品种。因此，如把本试验所选出的综合性状较好的品种相互杂交，可获得好的效果；但如果用本试验所选出的综合性状好的品种作为亲本之一，与其他类群的品种杂交，在选择具体的亲本组合时结合考虑主成分互补，则可望得到更好的效果。

引用文献

- (1) 刘来福. 遗传学报, 1979, 6(3), 349—355
- (2) 刘垂圩, 刘来福. 遗传, 1985, 7(4), 12—14
- (3) 伍时照, 黄超武. 作物学报, 1988; 14(3): 204—209

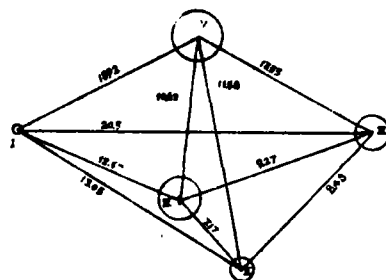


图 2 早籼稻优质品种五个类群遗传距离

表 6 供试品种类群的组成

类群	品种数	品 种 编 号
I	2	17 18
II	7	1 2 10 12 13 19 25
III	3	11 26 28
IV	16	3 4 5 7 8 9 14 15 16 20 21 22 23 24 27 32
V	4	6 29 30 31

表 7 品种类群间和类群内遗传距离

类群	I	II	III	IV	V
I	0.33				
II	13.05	1.87			
III	20.0	8.48	2.24		
IV	12.7	7.17	9.27	3.67	
V	18.92	11.58	13.55	10.62	4.49

THE GENETIC DIVERGENCE AND SYSTEMATIC CLUSTER ANALYSIS
OF QUANTITATIVE CHARACTERS OF SLENDER HIGH QUALITY
VARIETIES IN EARLY RICE

Wu Shizhao Huang Chaowu (Wong Chiumoo)

(Crop Research Laboratory of Genetics and Breeding)

Chen Gang

Liang zhao jun

(Guangdong Academy of Agricultural Sciences)

ABSTRACT

According to genetic divergence and systematic cluster analysis of quantitative characters in 32 slender high grain quality varieties of rice (*Oryza sativa* L. subsp. *hsien Ting*) in South China region, the varieties were classified into 5 types. The genetic divergence of different types was greater than the similar type. It is showed that selection parents for hybridization in rice breeding for slender high grain quality may be conducted between different types, but one of parents has fit the object of breeding, when it will be only improved 1 to 2 characters, other parent may be also not selected the variety of greater genetic divergence.

Key words: Genetic divergence, Systematic cluster analysis, Principal component analysis (PCA), Quantitative character, Rice (*O. sativa* L. subsp. *hsien Ting*)