

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2012.00624

利用混合线性模型分析绿豆主要农艺性状的遗传及相关性

刘长友¹ 范保杰¹ 曹志敏¹ 王彦¹ 张志肖¹ 苏秋竹¹ 王素华²
田静^{1,*}

¹ 河北农林科学院粮油作物研究所 / 河北省作物遗传育种实验室, 河北石家庄 050031, ² 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081

摘要: 以 19 个绿豆品种(系)为亲本, 采用非完全双列杂交试验设计及混合线性模型, 研究绿豆主要农艺性状的遗传规律及其性状间的相互关系。结果表明, 绿豆全生育日数、株高、主茎节数和百粒重均以加性效应为主, 狭义遗传率较高且达极显著水平; 单株荚数、单株产量和总产量的加性效应和显性效应均显著或极显著, 狭义遗传率相对较低; 单荚粒数主要受显性效应影响, 广义遗传率较高; 播种至开花天数与株高间存在显著或极显著遗传和表型正相关; 单株荚数、单荚粒数与百粒重显著或极显著负相关; 单株荚数与单株产量、总产量显著或极显著正相关; 百粒重与单株产量、总产量相关性不大; 针对全生育日数、株高、主茎节数和百粒重的选择可在早期世代进行, 而对产量的选择可以根据单株荚数和单株产量在晚期世代进行。

关键词: 绿豆; 农艺性状; 遗传分析; 相关分析; 混合线性模型

Inheritance and Correlation Analysis of Main Agronomic Traits in Mungbean (*Vigna radiata* L.) by Mixed Linear Models

LIU Chang-You¹, FAN Bao-Jie¹, CAO Zhi-Min¹, WANG Yan¹, ZHANG Zhi-Xiao¹, SU Qiu-Zhu¹, WANG Su-Hua², and TIAN Jing^{1,*}

¹ Institute of Food and Oil Crops, Hebei Academy of Agricultural and Forestry Sciences / Hebei Laboratory of Crop Genetic and Breeding, Shijiazhuang 050031, China; ² Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

Abstract: There are only few reports about the genetic research of agronomic traits of mungbean in China. The objectives of this experiment were to study the inheritance and correlation of main agronomic traits of mungbean (*Vigna radiata* L.). Through incomplete diallel cross of 19 mungbean varieties (lines), we analyzed the breeding data by mixed linear models. The results revealed that additive genetic effects were mainly responsible for growing period, plant height, node number of main stem, and 100-seed weight. The narrow-sense heritability of the four traits was high with significant level. Additive and dominant genetic effects were responsible for pod number per plant, yield per plant and total yield. The narrow-sense heritability of the three traits was low. Dominant genetic effects were responsible for seed number per pod, and the broad-sense heritability of it was high. Days to flowering was significantly and positively correlated with plant height at both phenotypic and genotypic levels. Number of pods per plant and seeds per pod were significantly and negatively correlated with 100-seed weight, but number of pods per plant was positively correlated with yield per plant and total yield. There was no correlation between 100-seed weight and yield. As a result, the selection should be at early generations for growing period, plant height, node number of main stem and 100-seed weight, but at late generations for yield according to number of pods per plant and yield per plant.

Keywords: Mungbean; Agronomic traits; Inheritance; Correlation analysis; Mixed linear models

绿豆(*Vigna radiata* L.)是中国的主要食用豆类作物之一, 除作为粮食和蔬菜以外, 还具有医疗保健作用^[1]。近年来, 随着人们生活水平的提高和膳食

结构的改变, 绿豆的市场需求呈显著上升趋势, 种植面积稳步扩大。但是目前我国绿豆高产育种工作遇到了瓶颈, 在第 4 轮绿豆国家区试中无一参试品

本研究由国家现代农业产业技术体系项目(CARS-09)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 田静, E-mail: nkytianjing@163.com, Tel: 0311-87670655

第一作者联系方式: E-mail: Liuchangyou2006@yahoo.com.cn

Received(收稿日期): 2011-07-22; Accepted(接受日期): 2012-01-19; Published online(网络出版日期): 2012-02-13.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20120213.1104.006.html>

种产量超对照 5% 以上, 导致 4 年没有国家鉴(审)定绿豆品种。其原因之一是我国绿豆杂交育种起步较晚且水平相对较低, 与其他作物相比, 相关农艺性状的遗传研究较少, 遗传育种中缺乏必要的理论指导。因此, 研究绿豆主要农艺性状的遗传规律及其性状间的相互关系, 减少亲本组配的盲目性, 提高选择效率, 对绿豆新品种选育具有重要意义。

国内关于绿豆遗传的研究报道较少, 并且多数是从资源评价角度和采用方差分析的方法, 未采用亲本与杂交后代分析^[2-6]。Parameswarappa 等^[7]、Makeen^[8]和 Rohman 等^[9]虽对不同数目的绿豆资源的数量性状进行了遗传分析, 但所得结果与杂交育种结合不够紧密。Ajma 等^[10]和 Khattak 等^[11]则分别利用 6~8 个绿豆亲本进行半双列或双列杂交, 分析了绿豆几个农艺性状的遗传与相关性, 为性状选择提供了一定借鉴。育种家手中每年有大量的杂交育种数据, 但这些数据多为不平衡数据, 一直缺少合适的分析方法。近年来朱军等^[12-13]发展了基于混合线性模型的一系列遗传模型和统计分析方法, 这些方法可以无偏地分析存在不规则缺失的非平衡数据, 并且结合 QGAstation 分析软件方便地分析数据, 从而用于分析含有较多亲本的育种数据, 使育种实践与理论紧密结合。这一方法已在烟草^[14]、棉花^[15]、水稻^[16]、大豆^[17]等作物上应用。本研究将利用混合线性模型, 研究绿豆主要农艺性状的遗传, 以促进遗传分析与育种的有机结合, 为绿豆杂交育种的亲本选择及个体选择提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以 19 份绿豆材料为亲本, 采用非完全双列杂交试验设计配制杂交组合。19 份绿豆材料为 P1 (9801 反-7-1)、P2 (保 9815-36)、P3 (保 9808-16)、P4 (冀绿 7 号)、P5 (安 05-4)、P6 (冀绿 8 号)、P7 (9831-1-3-2-2-2)、P8 (保 942-34)、P9 (0205-4-6-2)、P10 (200143-10)、P11 (郑 03-94)、P12 (0204-17-2-2)、P13 (中绿 5 号)、P14 (9819-1-1-1-4)、P15 (保绿 200017-17)、P16 (涿鹿绿豆)、P17 (郑绿 98)、P18 (C3863)、P19 (淮 9005-371)。亲本选择时综合考虑了籽粒大小、生育期、株高等因素。如亲本 P4 为大粒推广品种, 百粒重 7 g 左右, 生育期较短, 约 62 d, 株高较低, 为 50 cm 左右; 而亲本 C3863 为小粒农家种, 百粒重 4 g 左右, 全生育期较长, 约 85 d, 株高较高, 为 90 cm 左右。

将每一组合的 F_1 代部分杂交种子于 2009 年 12 月在海南加代, 得到 F_2 代种子。2010 年 6 月在河北省藁城市堤上试验站同时种植亲本、 F_1 和 F_2 。采用随机区组排列, 3 次重复, 每个处理 4 行区, 行长 4.5 m, 行距 50 cm, 株距 16.8 cm, 小区面积 9 m², 田间管理同大田。

生长期间调查播种至开花天数(days to flowering, DTF)、全生育日数(growing period, GP)。对成熟后亲本和 F_1 代在小区中部随机取 10 个单株调查株高(plant height, PH)、分枝数(number of branches, NOB)、主茎节数(node number of main stem, NOS)、单株荚数(pod number per plant, PNP), F_2 代则随机取 20 个单株调查上述项目。从每小区随机取 10 英平均调查单荚粒数(seed number per pod, SNP)、荚长(pod length, PL)和荚宽(pod width, PW), 重复 3 次取平均值。自然晾干后, 用电子天平(奥迪斯, 精确度: 0.01 g)称百粒重(100-seed weight, SW)、单株产量(yield per plant, YPP)和小区总产量(Yield)。参照程须珍等^[18]的方法调查和采集数据。

1.2 数据分析

利用 Microsoft Excel 表格整理原始数据, 并计算各性状的平均值、标准差和变异系数; 利用 DPS 9.05 数据分析软件分析 19 个亲本 3 次重复的随机区组试验资料, 计算各性状的广义遗传率; 利用 SPSS 19.0 数据分析软件, 固定其他性状的效应, 对各数量性状两两之间进行偏相关分析; 利用 QGA-station 2.0 数量性状分析软件, 选择 AD-AA 模型分析基因的加性、显性和上位性效应。设置包含区组效应, 利用 jackknife 方法(勾选区组)估算各项参数的标准误, jackknife 的抽样数目为 1。采用调整无偏预测法(AUP 法)预测各性状的遗传效应值。选择计算方差(Var)和遗传率(Het)。参照朱军等^[12-13]的亲本、 F_1 、 F_2 的遗传模型分解方法。

2 结果与分析

2.1 亲本和 F_1 代农艺性状的特征值

从表 1 可见, 亲本的播种至开花天数、全生育日数、单荚粒数 3 个性状的最小值、最大值和平均值与 F_1 代相等或相近, 而 F_1 代的荚宽、单株荚数、单株产量、总产量 4 个性状的最小值和平均值均高于亲本。除单荚粒数外, 亲本其他性状的变异系数均高于 F_1 代。综合来看, F_1 代的株高、主茎节数、荚长、荚宽、百粒重等性状的表现趋向于双亲之间,

表 1 亲本和 F₁ 代数数量性状的极值、平均值、标准差和变异系数
Table 1 Extremum, mean, standard deviation, and coefficient of variation of parents and F₁ generation

性状 Trait	最小值 Min.	最大值 Max.	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV (%)
播种至开花天数 DTF	35	54	42.35	5.53	13.06
	35	53	42.17	5.07	12.02
全生育日数 GP	69	88	77.26	5.00	6.47
	69	87	76.06	4.08	5.36
株高 PH	44.2	108.30	61.84	15.82	25.58
	42.5	92.10	60.73	12.92	21.27
分枝数 NOB	1.80	3.90	2.70	0.44	16.30
	1.60	3.70	2.94	0.45	15.31
主茎节数 NOS	8.80	17	10.93	1.81	16.56
	8.10	15.60	10.53	1.41	13.39
单株荚数 PNP	11.10	37.80	27.82	5.80	20.85
	16.50	45.80	29.93	6.66	22.25
荚长 PL	7.40	13.40	10.37	1.37	13.21
	9.00	11.40	10.11	0.67	6.63
荚宽 PW	0.48	0.68	0.58	0.05	8.62
	0.52	0.63	0.57	0.03	5.26
单荚粒数 SNP	9.80	14.20	11.97	0.99	8.27
	9.80	14.90	12.00	1.08	9.00
百粒重 100-SW	3.40	8.20	6.01	1.01	16.81
	4.10	7.00	6.07	0.63	10.38
单株产量 YPP	4.20	23.30	13.30	4.48	33.68
	7.20	22.60	15.04	3.75	24.93
总产量 Yield	34.60	154.80	98.77	28.48	28.83
	50.60	150.00	107.54	25.13	23.37

上行为亲本特征值, 下行为 F₁ 代特征值。

The characteristic values of parents and F₁ generation are listed in the upper and lower lines, respectively.

DTF: days to flowering; GP: growing period; PH: plant height; NOB: number of branches; NOS: node number of main stem; PNP: pod number per plant; SNP: seed number per pod; PL: pod length; PW: pod width, SW: seed weight; YPP: yield per plant.

而单株荚数、单株产量和总产量表现出一定的杂种优势。

2.2 广义遗传率

利用亲本 3 次重复的随机区组试验资料(方法 1)及亲本、F₁、F₂ 的所有数据资料(方法 2)均可获得各性状的广义遗传率。从表 2 中可以看出 2 种方法算出的各性状的广义遗传率均极显著, 但利用方法 1 算出的广义遗传率在播种至开花天数、单株荚数、单荚粒数、单株产量 4 个性状上小于方法 2 的结果, 其他 8 个性状的广义遗传率均大于方法 2。从杂交育种方面考虑, 方法 2 的结果综合了亲本、F₁ 和 F₂ 代的遗传信息, 更贴近育种实际。

2.3 熟期性状的遗传效应

本研究的绿豆熟期性状包括播种至开花天数和全生育日数。其中, 播种至开花天数的加性效应占表型变异的 29.8%, 达 5% 显著水平(表 3), 显性效应占表型变异的比率较大, 为 47.1%, 加加上位性效应不显著, 狭义遗传率不高。由于受显性效应的影响较大, 广义遗传率较高, 且达极显著水平。因为显

性效应不能在世代间传递, 说明对该性状的选择一般不宜在早期世代进行。全生育日数以加性效应为主(68.2%), 没有检测到显性效应, 加加上位性效应不显著, 狭义遗传率较高且达极显著水平, 表明对后代的熟期性状选择可根据全生育日数在早期世代进行。

2.4 植株性状的遗传效应

绿豆的植株性状包括株高、主茎节数和主茎分枝数。其中, 株高、主茎节数主要受加性效应影响, 达极显著水平, 狭义遗传率较高且达极显著水平(表 3), 说明对这 2 个性状可以在早期世代进行选择。分枝数的加加上位性效应达显著水平, 由于该性状受机遇的影响较大, 虽然狭义遗传率和广义遗传率均达极显著水平, 但遗传力较低, 针对分枝数的选择不宜在早代进行。

2.5 荚部性状和产量及其构成因子的遗传效应

本研究调查的荚部性状和产量及其构成因子包括单株荚数、单荚粒数、百粒重、单株粒重、产量、荚长和荚宽。从表 2 和表 3 可以看出在产量及其构成

表 2 绿豆各农艺性状的广义遗传率
Table 2 Broad-sense heritability of main agronomic traits of mungbean

	播种至开花天数 DTF	全生育日数 GP	株高 PH	分枝数 NOB	主茎节数 NOS	单株荚数 PNP
方法 1 Method 1	0.765**	0.836**	0.848**	0.552**	0.811**	0.611**
方法 2 Method 2	0.835**	0.722**	0.819**	0.449**	0.778**	0.747**
	荚长 PH	荚宽 PW	单荚粒数 SNP	百粒重 100-SW	单株产量 YPY	总产量 Yield
方法 1 Method 1	0.872**	0.805**	0.609**	0.924**	0.667**	0.810**
方法 2 Method 2	0.647**	0.629**	0.783**	0.888**	0.711**	0.770**

**表示 1% 的显著水平。缩写同表 1。
** Significant at 1% probability level. Abbreviations as in Table 1.

表 3 绿豆主要农艺性状方差比率的估计值及狭义遗传率
Table 3 Estimated proportion of variance components and narrow-sense heritability for agronomic traits in mungbean

参数 Parameter	加性 V_A/V_p	显性 V_D/V_p	加×加上位性 V_{AA}/V_p	机误 V_e/V_p	狭义遗传率 Narrow-sense heritability
播种至开花天数 DTF	0.298 *	0.471 ⁺	0.067	0.165 *	0.365 ⁺
全生育日数 GP	0.682 **	0	0.040	0.278 *	0.722**
株高 PH	0.819 **	0	0	0.181 *	0.819**
分枝数 NOB	0	0.183	0.266 *	0.551 **	0.266*
主茎节数 NOS	0.765 **	0.014	0	0.222 **	0.765**
单株荚数 PNP	0.309*	0.438**	0	0.253*	0.309*
荚长 PL	0.181 ⁺	0.180	0.286	0.353**	0.467*
荚宽 PW	0.367 **	0.132	0.130	0.371 **	0.497*
单荚粒数 SNP	0.153	0.630**	0	0.217*	0.153**
百粒重 100-SW	0.706**	0.130**	0.052	0.112	0.758**
单株产量 YPP	0.226**	0.486**	0	0.289**	0.226**
总产量 Yield	0.222*	0.502*	0.046	0.230**	0.268*

⁺, *, ** 分别表示 10%、5% 和 1% 的显著水平。V_A: 加性遗传方差; V_D: 显性遗传方差; V_{AA}: 加×加上位性遗传方差; V_e: 误差; V_p: 表现型方差。缩写同表 1。
⁺, *, **: Significant at 10%, 5%, and 1% probability levels, respectively. V_A: Additive genetic variance; V_D: dominant genetic variance; V_{AA}: additive by additive epistatic genetic variance; V_e: error; V_p: phenotypic variance. Abbreviations as in Table 1.

因子中，单株荚数受加性效应和显性效应的共同影响，分别达显著和极显著水平，未检测到加加上位性效应，狭义遗传率达显著水平，但相对较低，表明对单株荚数的选择不宜在早期世代进行。单荚粒数主要受显性效应影响，广义遗传率较高，针对该性状的选择最好在晚期世代进行。百粒重的加性和显性效应均极显著，并且主要受加性效应(70.6%)的影响，狭义遗传率较高，因此可以在早期世代选择。单株产量和总产量的加性效应和显性效应均极显著，显性效应是加性效应的 2 倍以上，加加上位性效应不显著，狭义遗传率虽达极显著水平，但相对较低，表明在后代选择中最好不要在早期世代根据单株产量选择个体，显性效应较大则说明绿豆产量有较大的杂种优势潜力。荚部性状中，荚长的加性效应达

10% 的显著水平，但加性方差占表型变异的比率较低(18.1%)，显性效应和加加上位性效应均未达显著水平，具有中等的狭义遗传率。荚宽的加性效应显著，显性效应和加加上位性效应均未达显著水平，受环境机误的影响较大。

2.6 亲本部分农艺性状的加性效应

表 4 中 P4 的全生育期日数负向加性效应最强，表明它能够极显著缩短后代的生育期，可作早熟育种的亲本，此外荚长和百粒重的正向加性效应较大，能够增加后代的荚长和百粒重，可作大粒育种的亲本。P18 则与其相反，能够极显著增加生育期，降低百粒重。P3 的株高负向加性效应最大，能显著降低杂交后代的株高，可将其用于矮化育种，P19 则具有最大的株高正向加性效应，可以显著增加杂交后代

表 4 亲本部分性状加性效应预测值
Table 4 Predicted additive effects of some traits in parents

亲本 Parent	全生育日数 GP	株高 PH	单株荚数 PNP	荚长 PH	单荚粒数 SNP	百粒重 100-SW	总产量 Yield
P1	-0.843	-5.759 [*]	-1.628 [*]	0.571	-0.109	0.414 [*]	1.030
P2	-0.858 ^{**}	-6.056 ⁺	0.154	-0.119 ⁺	0.055	-0.450 ^{**}	-2.898
P3	-1.883 [*]	-7.896 [*]	-0.038	-0.032	-0.199	0.070	-5.512
P4	-3.343 ^{**}	-3.411	-1.062 [*]	0.120 [*]	-0.015	0.498 [*]	0.204
P5	-1.479 ⁺	-2.433	-7.740 [*]	-0.499	-0.602	0.201 [*]	-25.850 [*]
P6	-1.808 ⁺	-3.196 [*]	-1.418 [*]	-0.071	-0.244	0.227 ⁺	-1.662
P7	0.101	-5.883 ⁺	-0.810	0.254 ⁺	-0.331	0.673 [*]	-1.302
P8	-1.887 [*]	-7.234 [*]	2.333	-0.016	-0.332	-0.003	5.933
P9	-1.729 [*]	-4.008	2.138	0.079	0.077	0.236 ⁺	12.009 [*]
P10	-0.121	-0.875	1.429	0.084 [*]	-0.330	0.339 ^{**}	7.705
P11	-0.167	-3.130 ⁺	2.147 [*]	-0.086	-0.173	0.263 [*]	6.833 ⁺
P12	-1.504	-5.065 [*]	-0.871	0.004	0.119	-0.020	1.965
P13	2.231 ^{**}	1.535 [*]	-3.673 ⁺	0.044	-0.113	0.232 [*]	-14.185 ⁺
P14	-0.232	-6.001 [*]	2.159 ⁺	-0.185	-0.026	-0.255 [*]	5.497
P15	-1.743 ⁺	-1.441	0.874	-0.065 ⁺	0.113	-0.220 [*]	2.508
P16	3.453 ^{**}	12.895 [*]	-0.209	0.432	0.696 [*]	-0.150	0.593
P17	2.954	15.692 [*]	3.093 ^{**}	0.334 ⁺	0.498	-0.147	11.280 [*]
P18	4.875 ^{**}	14.732 ^{**}	1.592	-0.415	0.310	-0.833 ^{**}	-1.049
P19	3.984 [*]	17.534 ^{**}	1.531	-0.433	0.607	-1.073 ^{**}	-3.100

⁺, ^{*}, ^{**}分别表示 10%, 5% 和 1% 的显著水平。缩写同表 1。

⁺, ^{*}, ^{**} Significant at 10%, 5%, and 1% probability levels, respectively. Abbreviations as in Table 1.

的株高。P17 的单株荚数正向加性效应最大, 且具有较大的正向产量加性效应, 能够增加杂交后代的产量, 可作高产育种的亲本。P9 也具有较大的正向产量加性效应, 这种效应主要是通过增加单株荚数和百粒重来实现, 与 P17 有一定的互补性, 两者组配获得高产个体的可能性较大。P5 的产量负向加性效应最大, 主要原因是用其做亲本后杂交后代的单株荚数显著降低。

2.7 主要农艺性状间简单相关及偏相关

由表 5 可以看出, 播种至开花天数、全生育日数 2 个熟期性状与株高、主茎节数 2 个植株性状间存在显著或极显著遗传和表型正相关, 且相关系数较大, 但偏相关分析表明只有播种至开花天数与株高间极显著正相关。同样, 播种至开花天数和全生育日数与单株荚数间也存在显著遗传和表型正相关, 而偏相关分析的结果则表明它们之间的相关性不显著。株高与主茎节数呈显著正相关, 且相关系数较大, 偏相关分析的结果也证明了这一点, 表明节数增加是株高增加的原因之一。这种现象在蔓生和半蔓生品种中非常明显。3 个植株性状与百粒重之间均具有遗传和表型负相关, 除分枝数的这种相关性

不显著外, 其他 2 个性状则达显著或极显著水平, 但偏相关分析结果表明只有主茎节数与百粒重间显著负相关。由于主茎节数具有较高的遗传率, 因此容易在杂交分离早期世代从主茎节数较少的个体中选择出大粒品种。分枝数与单株荚数、单荚粒数、单株产量、总产量之间呈显著或极显著正相关, 说明分枝数可能是影响产量的因素之一, 偏相关分析结果表明分枝数只与单株荚数极显著正相关, 它对产量的影响可能主要源于对单株荚数的影响。单株荚数与百粒重呈显著负相关, 偏相关分析同样证实了这一点。简单相关分析与偏相关分析还证实单株荚数与单株产量和总产量呈极显著或显著正相关, 表明单株荚数是决定产量的重要因素。百粒重和单荚粒数都是取样预测绿豆产量时需要的参数, 经简单相关分析和偏相关分析表明百粒重并不是产量的决定因素, 因为它与单株产量及总产量的简单相关和偏相关均不显著。虽然单荚粒数与单株产量、总产量间存在显著或极显著表型和遗传正相关, 但偏相关分析则证实这种相关性不显著。单株产量和总产量之间存在极显著表型和遗传正相关, 偏相关分析结果也极显著。由于单株产量的狭义遗传率较低,

表 5 绿豆主要农艺性状间相关系数和偏相关系数

Table 5 Correlation coefficient and partial correlation coefficient between pairs of agronomic traits in mungbean

性状 Trait	播种至开花 天数 DTF	全生育日数 GP	株高 PH	分枝数 NOB	主茎节数 NOS	单株荚数 PNP	荚长 PH	荚宽 PW	单荚粒数 SNP	百粒重 100-SW	单株产量 YPY	总产量 Yield
播种至开花天数 DTF	1	0.667	0.253	-0.105	-0.091	0.114	0.016	0.024	0.195	0.016	-0.187	-0.005
		$P=0.000$	$P=0.002$	$P=0.212$	$P=0.281$	$P=0.176$	$P=0.852$	$P=0.778$	$P=0.019$	$P=0.846$	$P=0.025$	$P=0.956$
全生育日数 GP	0.760 [*]	1	0.01	-0.082	0.363	0.035	0.105	0.068	-0.139	-0.071	0.141	-0.108
	0.824 [*]		$P=0.905$	$P=0.328$	$P=0.000$	$P=0.682$	$P=0.213$	$P=0.421$	$P=0.098$	$P=0.397$	$P=0.092$	$P=0.198$
株高 PH	0.728 ^{**}	0.701 [*]	1	0.031	0.519	-0.054	-0.138	0.044	0.167	0.049	0.014	0.023
	0.887 ^{**}	0.887 [*]		$P=0.709$	$P=0.000$	$P=0.521$	$P=0.101$	$P=0.602$	$P=0.047$	$P=0.559$	$P=0.866$	$P=0.788$
分枝数 NOB	0.035	0.089	-0.049	1	0.210	0.220	0.102	-0.066	-0.061	-0.023	0.051	0.021
	0.127	0.231	-0.111		$P=0.012$	$P=0.008$	$P=0.223$	$P=0.433$	$P=0.467$	$P=0.284$	$P=0.549$	$P=0.808$
主茎节数 NOS	0.490 ⁺	0.627 ^{**}	0.772 [*]	-0.013	1	0.042	0.039	0.044	-0.004	-0.213	0.111	0.075
	0.640 ⁺	0.806 ^{**}	0.902 [*]	-0.131		$P=0.622$	$P=0.644$	$P=0.600$	$P=0.966$	$P=0.011$	$P=0.185$	$P=0.371$
单株荚数 PNP	0.296 [*]	0.224 ⁺	0.09	0.495 [*]	-0.066	1	-0.098	-0.003	-0.067	-0.273	0.388	0.418
	0.380 [*]	0.306 [*]	0.126	0.683 ⁺	-0.108		$P=0.244$	$P=0.976$	$P=0.424$	$P=0.001$	$P=0.000$	$P=0.000$
荚长 PH	0.060	0.005	-0.058	0.402 [*]	-0.132	0.135	1	0.391	0.532	0.370	0.025	0.062
	0.056	-0.056	-0.033	0.61	-0.184	0.23		$P=0.000$	$P=0.000$	$P=0.000$	$P=0.765$	$P=0.463$
荚宽 PW	-0.448 [*]	-0.331 ⁺	-0.289	0.387	-0.305 ⁺	0.025	0.492 [*]	1	0.054	0.343	0.058	0.087
	-0.671 [*]	-0.553	-0.418	0.608	-0.446 ⁺	0.101	0.644 ⁺		$P=0.524$	$P=0.000$	$P=0.492$	$P=0.302$
单荚粒数 SNP	0.507 ^{**}	0.363 ⁺	0.329 [*]	0.450 ^{**}	0.195	0.470 ⁺	0.222 [*]	-0.212 ⁺	1	-0.512	0.136	0.072
	0.622 ^{**}	0.449	0.439 [*]	0.695 [*]	0.228	0.580 ⁺	0.143	-0.318 [*]		$P=0.000$	$P=0.106$	$P=0.390$
百粒重 100-SW	-0.507 ^{**}	-0.520 [*]	-0.516 ^{**}	-0.09	-0.575 [*]	-0.263 [*]	0.391 ^{**}	0.756 ^{**}	-0.506 [*]	1	0.153	0.045
	-0.622 ^{**}	-0.687 ⁺	-0.605 ^{**}	-0.162	-0.717 [*]	-0.311 [*]	0.484 [*]	0.931 ^{**}	-0.582 [*]		$P=0.068$	$P=0.509$
单株产量 YPY	0.025	-0.031	-0.112	0.325 ^{**}	-0.307 ⁺	0.772 ^{**}	0.261	0.240 ⁺	0.370 ^{**}	0.059	1	0.481
	0.062	-0.077	-0.147	0.404 [*]	-0.441 ⁺	0.849 ^{**}	0.308	0.294	0.421 [*]	0.052		$P=0.000$
总产量 Yield	0.072	0.071	-0.002	0.438 ⁺	-0.139	0.726 [*]	0.336	0.186	0.506 ^{**}	-0.044	0.823 ^{**}	1
	0.106	0.111	0.004	0.589 ⁺	-0.209	0.808 [*]	0.479	0.299	0.623 ^{**}	-0.086	0.956 ^{**}	

对角线下方为简单相关分析结果, 上行为表现型相关系数(r_P), 下行为基因型相关系数(r_G); ⁺, ^{*}, ^{**}分别表示 10%、5%和 1%的显著水平。对角线上方为偏相关分析结果, 上行为偏相关系数, 下行 P 值表示 t 测验显著水平。缩写同表 1。

Values under the diagonal line are the results of correlation analysis. Values in the upper and lower lines are the phenotypic correlation coefficient (r_P) and genotypic correlation coefficient (r_G) respectively. ⁺, ^{*}, ^{**} Significant at 10%, 5%, and 1% probability levels, respectively. Values above the diagonal line are the results of partial correlation analysis. Values in the upper line are the partial correlation coefficient. P -value in the lower lines show the significant level of t -test. Abbreviations as in Table 1.

因此可以在晚期世代选择单株产量高的个体参加品比试验。

3 讨论

3.1 利用混合线性模型分析绿豆育种数据的优势

实际绿豆杂交育种工作中亲本的组配往往并不按照双列杂交等有规则设计,育种者获得的一般是大量的非平衡数据,这些数据大多不能利用传统方法进行经典数量遗传的分析。混合线性模型的应用为分析这些数据提供了条件,方便了数据运算与育种实践的结合。采用 MINQUE(1)法及 AUP 法在估算方差和协方差分量的同时,可以无偏地预测各项遗传效应值^[12]。利用这些遗传效应值,结合育种者的经验,可以更好地指导亲本的组配。如利用 QGAstation 2.0 进行混合线性模型分析,可以方便地计算出每个亲本各性状的加性效应,而亲本的加性效应能够在世代间稳定遗传,在下一步亲本组配时可以参照这些预测值,对照育种目标选择亲本。在本研究中 P9 和 P17 在育种设计时并没有设置两者间的杂交组合,计算表明两者对产量均有较大的正向加性效应,且在增加产量的方式上有一定的互补性,因此在下一步高产育种选择亲本组合时应着重增加二者的杂交组合,或将二者作为亲本之一。本研究分析表明,绿豆的一些产量性状具有杂种优势,混合线性模型分析中给出的遗传效应的分解可以方便地解释产生杂种优势的原因。如单株荚数、单株产量等性状具有超亲优势,主要是由于其显性遗传效应较大。在育种过程中通过对亲本各重复数据的方差分析也可以得出性状的广义遗传率,这样得出的遗传率在性状的遗传效应主要为加性效应时与狭义遗传率相差不大,然而存在较大的显性效应时,则与狭义遗传率相差较大,如仍按照广义遗传率进行后代选择,则可能误导选择进程。通过混合线性模型分析则可同时给出广义遗传率和狭义遗传率,方便指导杂交育种选择进程。

3.2 应综合考虑简单相关分析与偏相关分析结果

在多元相关分析中简单相关系数有时可能不能真实反应变量之间的相关性。而偏相关分析可以剔除第三方变量的影响,更直接反应出两个变量间的内在联系。在本研究中也发现有些在简单相关分析中显著或极显著相关的性状经偏相关分析证实并不显著。如在简单相关分析中,在 5% 以上水平与产量间正相关的性状有单株荚数、单荚粒数和单株产量,而偏相关分析表明仅有单株荚数和单株产量与产量

极显著正相关,单荚粒数与产量的相关性不显著。

3.3 绿豆早熟性状可在早期世代选择

绿豆生育期一般相对较短,在中国常作为救灾、填闲或间作套种作物。但不同绿豆品种间的生育期也存在较大差异^[19]。因此早熟性是其一个重要育种目标。播种至开花天数和全生育日数是衡量绿豆熟性的重要指标,本研究表明,全生育日数主要受基因的加性效应影响,狭义遗传率较高,因此可以根据全生育日数在早代选择,这与 Rohman 等^[9]的观点一致。

3.4 单株荚数是决定产量的主要因素,百粒重并不是产量的决定因素

除 Siddique 等^[20]外,以往的大多数研究均表明单株荚数是决定产量的主要因素^[2-11]。在本研究中单株荚数与产量间无论简单相关分析还是偏相关分析均表现极显著正相关,同样证明单株荚数是决定产量的主要因素。因此在高产育种后代选择中可以将结荚能力强、座荚率高的株系作为备选目标。某些研究中认为百粒重也是产量的决定因素,因为它是产量计算时的指标之一^[8,21-22]。但本研究发现百粒重并不是产量的决定因素,产量构成中百粒重的减小可以由单株荚数和单荚粒数来弥补,因为百粒重与单株荚数和单荚粒数间存在显著的负相关。这一结论的得出有利于豆芽专用型绿豆高产品种的选择。据李振华等^[23]研究表明,豆芽产出量与百粒重呈极显著负相关。因此选择出籽粒大小中等且高产的豆芽型绿豆品种是可能的。

4 结论

绿豆的全生育日数、株高、主茎节数和百粒重以加性效应为主,狭义遗传率较高且达极显著水平,可在早代选择这些性状;单株荚数受加性效应和显性效应的共同影响,狭义遗传率相对较低;单荚粒数主要受显性效应影响,广义遗传率较高;单株产量和总产量的加性效应和显性效应均极显著,狭义遗传率相对较低;播种至开花天数与株高间存在显著或极显著遗传和表型正相关;单株荚数、单荚粒数与百粒重间显著或极显著负相关;单株荚数与单株产量和总产量间极显著或显著正相关;百粒重与单株产量和总产量间相关性不大;对产量的选择应在晚期世代进行。

致谢:感谢浙江大学朱军教授无偿提供 QGAstation 2.0 数据分析软件。

References

- [1] Zheng Z-J(郑卓杰). Food Legumes in China (中国食用豆类学). Beijing: China Agriculture Press, 1997. pp 3–6 (in Chinese)
- [2] Liu D-J(刘德金), Zhou Y-F(周以飞), Liu C-H(刘灿洪), Wu B(吴斌). Heritability, genetic correlation and path analysis quantitative characters in the local varieties of *Phaseolus radiatus* L. *Hereditas* (Beijing)(遗传), 1984, 6(6): 13–14 (in Chinese with English abstract)
- [3] Chen Z(陈璋), Bang K-P(邦克平). Estimation of the genetic distance and cluster analysis of the varieties of mungbean. *Hereditas* (Beijing)(遗传), 1990, 12(5): 4–6 (in Chinese with English abstract)
- [4] Zhang Y-W(张耀文), Lin R-F(林汝法). Genetic and correlation of main quantitative characters in mungbean. *Foreign Agric-Rain Fed Crops* (国外农学——杂粮作物), 1996, (1): 9–11 (in Chinese with English abstract)
- [5] Han F-X(韩粉霞), Li G-Y(李桂英). Correlation analysis between main agronomical traits of mungbean. *Acta Agric Boreali-Sin* (华北农学报), 1998, (4): 67–70 (in Chinese with English abstract)
- [6] Liu F(刘峰), Li J-B(李建波). Genetic parameters analysis of main agronomic traits in mungbean. *Crops* (作物杂志), 2010, (2): 81–82 (in Chinese)
- [7] Parameswarappa S G. Genetic variability, character association and path coefficient analysis in greengram. *Karnataka J Agric Sci*, 2005, 18: 1090–1092
- [8] Makeen K, Abraham G, Jan A, Singh A K. Genetic variability and studies on yield and its components in mungbean [*Vigna radiate* (L.) Wilczek]. *J Agron*, 2007, 6: 216–218
- [9] Rohman M M, Hussian A I, Arifin M S, Akhter Z, Hasanuzzaman M. Genetic variability, correlation and path analysis in mungbean. *Asian J Plant Sci*, 2003, 2: 1209–1211
- [10] Ajmal S U, Zubair M, Anwar M. Genetic implication of yield and its components in mungbean *Vigna radiate* (L.) Wilczek. *Pakistan J Bot*, 2007, 39: 1229–1236
- [11] Khattak G S S, Haq M A, Ashraf M, Khan A J, Zamir R. Inheritance of some important agronomic traits in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]. *Breed Sci*, 2001, 51: 157–161
- [12] Zhu J. Mixed model approaches for estimating genetic variance and covariances. *J Biomath*, 1992, 7: 1–11
- [13] Zhu J(朱军). New approaches of genetic analysis for quantitative traits and their applications in breeding. *J Zhejiang Univ* (Agric Life Sci)(浙江农业大学学报), 2000, 26(1): 1–6 (in Chinese with English abstract)
- [14] Xiao B-G(肖炳光), Zhu J(朱军), Lu X-P(卢秀萍), Bai Y-F(白永富), Li Y-P(李永平). Genetic and correlation analysis for agroeconomic traits in flue cured tobacco (*Nicotiana tabacum* L.). *Hereditas* (Beijing)(遗传), 2006, 28(3): 317–323 (in Chinese with English abstract)
- [15] Chen J-G(陈建国), Zhu J(朱军). Genetic effects and genotypic×environment interactions for appearance quality traits in *indica-japonica* crosses of rice (*Oryza sativa* L.). *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 1998, 31(4): 1–7 (in Chinese with English abstract)
- [16] Ning H-L(宁海龙), Li W-B(李文滨), Li W-X(李文霞), Wang J-A(王继安), Zhang D-Y(张大勇), Ma Z-Y(马忠宇), Li X-H(李晓辉), Jia H-C(贾洪昌). Genetic analysis of yield and morphology traits of soybean (*G. max* L. Merr.). *Soybean Sci* (大豆科学), 2004, (4): 285–288 (in Chinese with English abstract)
- [17] Song M-Z(宋美珍), Yu S-X(喻树迅), Fan S-L(范术丽), Yuan R-H(原日红), Huang Z-M(黄帧茂). Genetic analysis of main agronomic traits in short season upland cotton (*G. hirsutum* L.). *Cotton Sci* (棉花学报), 2005, 17(2): 94–98 (in Chinese with English abstract)
- [18] Cheng X-Z(程须珍), Wang S-H(王素华), Wang L-X(王丽侠). Descriptor and Data Standard for Mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] (绿豆种质资源描述规范和数据标准). Beijing: China Agriculture Press, 2006. pp 44–77 (in Chinese)
- [19] Liu C-Y(刘长友), Cheng X-Z(程须珍), Wang S-H(王素华), Wang L-X(王丽侠), Sun L(孙蕾), Mei L(梅丽), Xu N(徐宁). The genetic diversity of mungbean germplasm in China. *J Plant Gen Res* (植物遗传资源学报), 2006, 4(3): 459–463 (in Chinese with English abstract)
- [20] Siddique M, Malik M F A, Awan S I. Genetic divergence, association and performance evaluation of different genotypes of mungbean (*Vigna radiata*). *Intl J Agric Biol*, 2006, 8: 793–795
- [21] Khattak G S S, Haq M A, Ashraf M, Tahir G R. Genetic variability and correlation studies in mungbean [*Vigna radiate* (L.) Wilczek]. *Suranaree J Sci Tech*, 1999, 6: 65–69
- [22] Khattak G S S, Ashraf M, Elahi T, Abbas G. Selection for large seed size at the seedling stage in mungbean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek]. *Breed Sci*, 2003, 53: 141–143
- [23] Li Z-H(李振华), Kang Y-F(康玉凡), Cheng X-Z(程须珍), Pu S-J(濮绍京), Li Y-H(李永华), Liu H-K(刘红开). Initial evaluation of sprouts characteristics of mungbean varieties. *J China Agric Univ* (中国农业大学学报), 2010, 15(5): 31–36 (in Chinese with English abstract)