

372-379

6490(6)

遗传学报, 22 (5): 372—379, 1995

Acta Genetica Sinica

# 稻米营养品质种子效应和 母体效应的遗传分析

石春海 朱 军

(浙江农业大学农学系 杭州 310029)

S 511.103.2

A

**摘要** 采用谷类作物种子数量性状的遗传模型,以珍汕 97A 等 6 个籼型不育系与测早 2-2 等,3 个早籼恢复系进行不完全双列杂交,对籼型杂交稻米营养品质性状进行了遗传分析。结果表明:稻米蛋白质含量和蛋白质指数主要受制于母体遗传效应,但亦受到种子基因效应的影响;赖氨酸含量和赖氨酸指数则主要与种子基因效应有关,其中赖氨酸含量还受到母体加性效应的影响。除赖氨酸指数外,其它营养品质性状的种子直接遗传率和母体遗传率均已达到极显著水平。遗传效应预测值表明,选用浙南 1 号 A 和 26715 较易获得稻米营养品质较为理想的籼型杂交稻组合。

**关键词** 水稻, 营养品质, 种子和母体遗传效应, 遗传方差, 基因效应, 种子效应, 母体效应, 遗传分析

稻米的营养价值与蛋白质含量及其质量有关,而蛋白质的质量则主要决定于限制性氨基酸含量的高低。育成蛋白质和赖氨酸含量较高的新品种,对于改善以大米为主食的广大人民群众的营养状况具有重要的意义。在水稻种子中,蛋白质和氨基酸等营养物质主要储存在胚乳部分。水稻种子的胚乳是不同于母体植株的遗传世代。种子的胚乳是三倍体,而提供其营养物质的母体植株属于二倍体,这一复杂的遗传体系给胚乳数量性状的遗传分析带来很大的困难。莫惠栋<sup>[1]</sup>以及 Bogyo 等<sup>[10]</sup>提出了三倍体胚乳性状的遗传模型和统计方法。当不存在母体植株基因遗传效应对胚乳性状的作用时,采用这些模型可以无偏分析种子基因的加性效应和显性效应。如果胚乳性状的表现同时受到胚乳三倍体基因和母体植株二倍体基因两套遗传体系的控制时,则需采用能够区分种子和母体遗传效应的遗传模型才能进行无偏分析。

Poomi 等分析了水稻稻米直链淀粉含量的遗传后认为该性状可能与母体或细胞质效应有关<sup>[11]</sup>。莫惠栋认为稻米的一些性状表达亦可能受制于母体植株基因型<sup>[2,3]</sup>。Ullrich 等的正反交研究表明大麦种子蛋白质和赖氨酸遗传中同时存在着胚乳的剂量效应和母体效应<sup>[12]</sup>。Yu 等在大麦遗传研究中亦发现粒长等性状上存在着显著的母体效应<sup>[14]</sup>。石春海和朱军的研究结果发现,杂交籼稻碾米品质和稻米外观品质中一些性状具有明显的母体效应<sup>[8,9]</sup>。但目前国内外已有的研究,尚未能把稻米营养品质性状的遗传变异进一步分解为种子核基因效应与母体植株基因效应的遗传变异分量。

本文采用新近提出的谷类作物种子数量性状的遗传模型<sup>[4,7,15]</sup>,以一些籼型杂交稻亲

本及组合为材料,分析稻米营养品质性状中种子和母体植株二套核遗传体系的基因效应,并预测亲本或组合的遗传效应值,进一步明确籼型杂交稻稻米营养品质的遗传规律,为水稻品质育种提供更为可靠的理论依据。

## 1 材料和方法

1.1 选用珍汕 97A ( $P_1$ )、二九青 A ( $P_2$ )、二九南 1 号 A ( $P_3$ )、V<sub>20</sub>A ( $P_4$ )、浙南 1 号 A ( $P_5$ ) 和浙南 3 号 A ( $P_6$ ) 等 6 个籼型不育系 (CMS) 以及 T49 ( $P_7$ )、测早 2-2 ( $P_8$ ) 和 26715 ( $P_9$ ) 等 3 个早籼恢复系 (R) 配成 (6×3) 不完全双列杂交。1991 年早季种植于浙江农业大学教学实验农场,4 月 1 日播种,5 月 2 日移栽,单本插,行株距为 20×20cm,各小区种 36 株,重复 2 次。成熟时各小区去除边行,取中间 10 株亲本或  $F_1$  植株上的  $F_2$  种子,于 1993 年在中国水稻所谷化系测定精米蛋白质含量 (PC, %)、100 粒精米中的蛋白质重量即蛋白质指数 (PI, mg)、赖氨酸含量 (LC, %) 和 100 粒精米中的赖氨酸重量即赖氨酸指数 (LI, mg) 等营养品质性状,每一重复各组合测定 2 个样本。

1.2 采用禾谷类作物种子数量性状遗传模型及分析方法<sup>[4,7,15]</sup>,对世代平均数进行下列估算和分析。

1.2.1 用 MINQUE (0/1) 法估算各性状的种子加性方差 ( $V_A$ )、种子显性方差 ( $V_D$ )、母体加性方差 ( $V_{Am}$ )、母体显性方差 ( $V_{Dm}$ )、种子加性效应与母体加性效应的协方差 ( $C_{A,Am}$ )、种子显性效应与母体显性效应的协方差 ( $C_{D,Dm}$ ) 和剩余方差 ( $V_e$ ) 等 7 项方差和协方差分量,在估算过程中设负的方差估计值为零。由于所用不育系均为野败型胞质,故不再分析其细胞质基因效应。

1.2.2 用调整无偏预测法 (Adjusted Unbiased Prediction, 简称 AUP 法)<sup>[5]</sup> 预测各项遗传效应值和总遗传效应值 (种子遗传效应值+母体植株遗传效应值),根据其大小和方向,评判亲本的育种价值和组合杂种优势<sup>[6]</sup>。采用 Jackknife 数值抽样技术对各组合的世代平均数进行抽样,计算各方差分量、遗传效应值和总遗传效应值的标准误<sup>[6]</sup>。

全部实验数据,由 C 语言编写的统计软件在 IBM 兼用微机上运算分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 稻米营养品质性状的表现

稻米营养品质性状表现的测定结果表明,6 个籼型不育系和 3 个恢复系精米平均蛋白质含量分别为 16.67% (12.99—18.31%) 和 14.13% (11.95—16.39%)、蛋白质指数为 310.8mg (282.6—333.1mg) 和 251.7mg (229.1—277.6mg)、赖氨酸含量为 0.606% (0.491—0.687%) 和 0.529% (0.427—0.651%) 及赖氨酸指数为 11.3mg (10.0—12.5mg) 和 9.4mg (8.2—10.0mg);  $F_2$  种子的平均蛋白质含量、蛋白质指数、赖氨酸含量和赖氨酸指数分别达到 16.27%、315.3mg、0.589% 和 11.4mg。就总体而言,不育系、恢复系和各组合  $F_2$  种子在各营养性状上的差异均较大,但不育系的表型值略高于恢复系,  $F_2$  则接近或超过不育系。因此,综合 4 个稻米营养品质性状表现,可以发现不育系以浙南 1 号 A 和浙南 3 号 A、恢复系以 26715 为好。

### 2.2 遗传方差和协方差分量的估算

蛋白质含量和蛋白质指数同时受制于母体植株遗传效应和种子遗传效应的影响,但以母体遗传效应为主。其母体遗传方差大于种子方差,分别占总遗传方差估计值的

53.95%和 64.70%(表 1)。这两个品质性状的种子加性方差( $V_A$ )、母体加性方差( $V_{Am}$ )、母体显性方差( $V_{Dm}$ )以及蛋白质指数的种子显性方差( $V_D$ )均已达极显著水平。这表明,除了种子基因可以直接控制蛋白质含量和蛋白质指数外,母体植株基因对蛋白质含量和蛋白质指数的影响更为重要。由于蛋白质含量的加性方差大于显性方差,故通过选择可以提高蛋白质含量;蛋白质指数性状的加性方差明显小于显性方差,早代选择效果较小,以高代选择为宜。但在选配籼型杂交稻组合时,均可有效地利用其杂种优势,提高稻米蛋白质含量和蛋白质指数。加性遗传协方差( $C_{A,Am}$ )估计值为极显著的正值,表明种子和母体加性效应对蛋白质含量和蛋白质指数的影响方向相同。

表 1 籼型杂交稻米营养品质的遗传方差和协方差分量估计值

Table 1 Estimation of genetic variances and covariances of nutrient quality in *indica* hybrid rice

参数 Parameter	蛋白质含量 PC	蛋白质 指数( $\times 10^{-2}$ ) PI	赖氨酸 含量( $\times 10^3$ ) LC	赖氨酸指数 LI
种子加性方差 $V_A$	1.275**	0.098**	1.100**	0
种子显性方差 $V_D$	0	3.118**	3.416**	1.394**
母体加性方差 $V_{Am}$	0.252**	0.019**	0.217**	0
母体显性方差 $V_{Dm}$	1.242**	5.875**	0	0
加性协方差 $C_{A,Am}$	1.134**	0.087**	0.977**	0
显性协方差 $C_{D,Dm}$	0	0	0	0
剩余方差 $V_e$	0.228**	3.040**	0.773**	0.506**

\* \* 1%极显著水平; at 1% significance level; 自由度为 50,  $df=50$

表 1 分析结果表明,种子遗传效应是影响精米中赖氨酸含量和赖氨酸指数的主要遗传效应,分别占总遗传方差的 95.42%和 100.00%,并达到极显著水平。本实验未测到赖氨酸含量母体显性方差( $V_{Dm}$ )以及赖氨酸指数的种子加性方差( $V_A$ )和母体遗传方差。因此,影响  $F_2$  食用稻米的赖氨酸含量和赖氨酸指数高低的遗传因素主要是种子遗传效应。由于总遗传方差中种子显性方差分量( $V_D$ )为主,因此可以有效地利用其杂种优势,提高  $F_2$  种子中赖氨酸含量和赖氨酸重量。在加性效应上,赖氨酸含量的种子加性方差( $V_A$ )和母体加性方差( $V_{Am}$ )以及加性协方差( $C_{A,Am}$ )分量均已达极显著水平。这表明选择能够提高赖氨酸含量,但加性方差小于显性方差的结果又表明以高代选择为好。赖氨酸含量性状的早代选择效果要好于赖氨酸指数。

籼型杂交稻米营养品质性状除了受各种遗传效应的控制外,还明显受到环境机遇的影响。各剩余方差( $V_e$ )均达到极显著水平,但其值比遗传方差要小。这表明上述营养品质性状主要受遗传效应的控制。

### 2.3 遗传率的估算

遗传率可以进一步分解为种子遗传率( $h_b^2$ )和母体植株遗传率( $h_m^2$ )。实验结果表明:除了赖氨酸指数外,蛋白质含量、蛋白质指数、赖氨酸含量等性状的种子直接遗传率( $h_b^2$ )分别达到 0.361、0.040、0.276,而母体植株遗传率( $h_m^2$ )分别为 0.207、0.0230、0.159,均已达

极显著水平。由于种子加性方差( $V_A$ )大于母体加性方差( $V_{Am}$ ),故上述性状的遗传以种子基因的加性作用为主。在蛋白质指数性状中,由于显性方差占总遗传方差的99.07%,加性方差所占比例极小,故表现为 $h_o^2$ 和 $h_m^2$ 估计值均很小,而在赖氨酸指数性状中亦尚未测到其它效应,表明这两个性状的杂种优势利用有较大潜力,而在常规育种中作早代选择效果不明显,以高代选择为宜。由于蛋白质含量和赖氨酸含量的总遗传率分别达到0.570和0.440,且以母体遗传为主,故对两个性状进行低世代选择和以母体鉴定结果为依据可以获得较好的效果。

#### 2.4 遗传效应的预测

对表1中遗传方差分量显著的遗传效应作进一步分析,可以预测杂交组合的杂种优势,了解杂交亲本的育种价值。

蛋白质含量和蛋白质指数的种子加性效应( $A_i$ )与母体植株加性效应( $Am_i$ )预测值(表2)表明,在9个杂交亲本中,珍汕97A、浙南1号A、浙南3号A和26715等亲本可以显著增加杂交水稻稻米的蛋白质含量,而二九青A、 $V_{20}A$ 、T49和测早2-2等亲本则会明显降低稻米中蛋白质含量。由于母体植株纯合显性效应的总和 $\sum \hat{Dm}_{ii} = -5.315^*$ ,故蛋白质含量表现极显著的负向母体杂种优势。其中二九南1号A、 $V_{20}A$ 、浙南3号A、测早2-2和26715等5个亲本存在着正向的母体显性效应,而二九青A则存在着正向的母体显性效应。在杂合母体显性效应( $Dm_{ij}$ )中,珍汕97A/26715、二九南1号A/测早2-2、二九南1号A/26715、 $V_{20}A$ /测早2-2和浙南3号A/T49等5个组合存在着正向的母体显性效应,而珍汕97A/T49、二九青A/T49、二九青A/26715和 $V_{20}A$ /26715等组合则存在着负向的母体显性效应。在蛋白质指数性状中,由于 $\sum \hat{Dm}_{ii} = 84.042^*$ 和 $\sum \hat{Dm}_{ij} = -273.856^*$ ,故在总体上分别存在着极显著的负向种子杂种优势和正向母体杂种优势。杂合显性效应预测值( $Dm_{ij}$ )表明,珍汕97A/T49、珍汕97A/26715、二九青A/26715、二九南1号A/T49、二九南1号A/测早2-2、二九南1号A/26715、 $V_{20}A$ /测早2-2、浙南1号A/T49和浙南3号A/T49等9个组合的母体杂种优势可以明显增加蛋白质指数,仅二九青A/T49组合会明显降低蛋白质指数。

赖氨酸含量的加性效应预测结果(包括种子加性效应 $A_i$ 和母体加性效应 $Am_i$ )表明,浙南1号A和浙南3号A二个不育系是可以明显增加稻米中赖氨酸含量的亲本,恢复系T49则会降低赖氨酸含量,种子加性效应预测值亦表明,不育系 $V_{20}A$ 可以明显降低赖氨酸含量(表2)。在显性效应中,虽然种子显性效应的总和 $\sum \hat{D}_{ii} < 0$ ,但未达显著水平,故在总体上可以认为赖氨酸含量性状不表现种子杂种优势。但二九南1号A/测早2-2组合的预测值达 $0.04^*$ ,说明种子显性效应仍可以使该组合显著增加赖氨酸含量,改善营养品质,而二九青A/T49、二九青A/26715和 $V_{20}A$ /26715等组合则会明显降低赖氨酸含量。在赖氨酸指数性状上,由于 $\sum \hat{D}_{ii} = -5.548^*$ ,表明赖氨酸指数性状中亦存在极显著的正向种子杂种优势,其中二九南1号A/测早2-2组合预测值表现为准显著正值( $1.011^+$ ),而二九青A/T49组合预测值则表现为准显著水平的负值( $-0.676^+$ ),说明种子显性效应可以分别增加或降低这些组合的赖氨酸指数。

表2 籼型杂交稻稻米营养品质性状的遗传效应预测值

Table 2 Predicted genetic effects of nutrient quality characters in indica hybrid rice

参数 Parameter	P <sub>1</sub> (i=1)	P <sub>2</sub> (i=2)	P <sub>3</sub> (i=3)	P <sub>4</sub> (i=4)	P <sub>5</sub> (i=5)	P <sub>6</sub> (i=6)	P <sub>7</sub> (i=7)	P <sub>8</sub> (i=8)	P <sub>9</sub> (i=9)
PC									
<i>A<sub>i</sub></i>	0.28*	-0.26*	0.19	-0.60**	0.55**	0.43**	-0.64**	-0.45**	0.50*
<i>Am<sub>i</sub></i>	0.18*	-0.18*	0.13	-0.40**	0.37**	0.29**	-0.43**	-0.30**	0.34*
<i>Dm<sub>ii</sub></i>	-0.22	1.41*	-1.86*	-0.65**	-0.53	-0.52*	0.06	-1.58**	-1.43*
PI									
<i>A<sub>i</sub></i>	-0.21	6.66	-7.71	1.51	-4.61	-6.71	4.35	12.42	-5.70
<i>D<sub>ii</sub></i>	2.39	6.10	-7.05	15.73	2.97	-2.18	14.45	27.01	24.64
<i>Am<sub>i</sub></i>	-0.14	4.45	-5.16	1.01	-3.08	-4.49	2.91	8.31	-3.81
<i>Dm<sub>ii</sub></i>	-29.63*	-0.88	-33.39*	-34.46*	-15.51*	-15.71	-26.06*	-44.06*	-74.17*
LC									
<i>A<sub>i</sub></i>	0.00	-0.01	0.00	-0.02*	0.02*	0.01*	-0.01*	-0.01	0.01
<i>D<sub>ii</sub></i>	-0.02*	0.05*	-0.05*	-0.02	0.01	0.00	-0.01	-0.07	0.02
<i>Am<sub>i</sub></i>	0.00	-0.00	0.00	-0.01	0.01*	0.01*	-0.01*	-0.01	0.01
LI									
<i>D<sub>ii</sub></i>	-1.20	-0.10	-1.06	-0.47	-0.07	-0.22	-0.63	-1.04	-0.78

注: *A<sub>i</sub>*, *Am<sub>i</sub>*, *D<sub>ii</sub>* 和 *Dm<sub>ii</sub>* 分别为种子加性效应、母体植株加性效应、种子纯合显性效应和母体植株纯合显性效应。

+, \* 和 \*\* 分别为 10% 准显著水平、5% 显著水平和 1% 极显著水平; 自由度为 50

Note: *A<sub>i</sub>*, *Am<sub>i</sub>*, *D<sub>ii</sub>* and *Dm<sub>ii</sub>* were direct additive effect, maternal additive effect, direct dominate effect and maternal dominate effect, respectively.

+, \* and \*\* at the 10%, 5% and 1% significance level, respectively. *df* = 50

总遗传效应值分析结果(表3)表明, 珍汕 97A、浙南 1 号 A、浙南 3 号 A、26715 和 V<sub>20</sub>A、T49、测早 2-2 是显著增加或降低蛋白质含量的亲本; 二九青 A 和 T49 可以显著增加蛋白质指数; 而浙南 1 号 A、26715 和 V<sub>20</sub>A、T49、测早 2-2 则是能够明显提高或降低赖氨酸含量的亲本。杂交组合的总遗传效应值表明, 以浙南 1 号 A / 26715、浙南 3 号 A / 26715 和珍汕 97A / 26715 等组合为好, 可以显著提高稻米蛋白质和赖氨酸含量, 而 V<sub>20</sub>A / 测早 2-2 等组合则会显著增加稻米中的蛋白质指数和赖氨酸含量。通过比较表型值和表 3 中的遗传效应预测值, 还可发现, 浙南 1 号 A 和 26715 等亲本的营养品质较好, 其基因型预测值也较大, 两者相符。在杂交组合中, 虽然二九青 A / 26715 与浙南 1 号 A / 26715 的蛋白质含量表现型值相差不大, 分别为 19.23% 和 19.02%, 但后者基因型预测值(3.44\*) 已达显著水平, 且基因型预测值大于前者(-1.07), 说明选用后一组合更能稳定地增加稻米蛋白质含量。在其它一些组合的一些性状中也存在着类似表现。因此, 以基因效应值评价亲本和杂交组合, 更能排除环境和其它因素对遗传结果分析的干扰。

表3 籼型杂交稻亲本和F<sub>2</sub> 稻米营养品质性状的总遗传效应值Table 3 Genetic effects of nutrient quality characters of parents and F<sub>2</sub> in *indica* hybrid rice

不育系 CMS	性状 Characters		恢复系 R		
			T49	测早 2-2 Cezao 2-2	26715
珍汕 97A Zhenshad 97A	PC		-2.43**	-2.90**	1.00*
	PI		36.15**	90.83	-24.98
	LC		-0.10 <sup>+</sup>	-0.24*	0.09 <sup>+</sup>
	LI		-1.80	-2.87	2.43
		不育系 CMS		组合 Crosses	
	PC	0.90**	-1.08*	-0.40	2.98*
	PI	-23.38	40.82 <sup>+</sup>	48.88	59.79
	LC	-0.06	-0.05*	-0.08**	0.04 <sup>+</sup>
	LI	-3.50	-0.95	-1.87	-0.85
二九青 A Erjiuqing A	PC	0.18	-3.54*	-1.09 <sup>+</sup>	-1.07
	PI	46.31*	19.59	71.69*	47.36
	LC	0.11	-0.07 <sup>+</sup>	-0.05 <sup>+</sup>	-0.00
	LI	-0.14	1.29 <sup>+</sup>	-1.10	-0.50
二九南 1 号 A Erjiunan 1 A	PC	-0.80	-0.39	0.65	3.99**
	PI	-87.99	21.79	55.74	12.48
	LC	-0.13	-0.07**	-0.09*	0.05
	LI	-3.29	-0.92	-1.02	-1.46*
V <sub>20</sub> A	PC	-2.80**	-2.46*	-0.43	-0.76 <sup>+</sup>
	PI	19.26	39.72	102.76*	38.67
	LC	-0.14**	-0.10**	0.10**	-0.06*
	LI	-1.42	-1.22	-0.45	-1.24
浙南 1 号 A Zhenan 1A	PC	1.80**	0.19	0.45	3.44*
	PI	-26.59	23.99	50.69 <sup>+</sup>	13.40
	LC	0.10**	0.00	-0.05	0.11**
	LI	-0.32	-0.58	-1.09	-0.85
浙南 3 号 A Zhenan 3A	PC	1.35**	0.18	0.18	2.88*
	PI	-51.37	22.08	35.73	7.07
	LC	0.07	0.00	-0.05 <sup>+</sup>	0.09**
	LI	-0.86	-0.48	-1.25	-0.94

注: 总遗传效应值为种子遗传效应值和母体植株遗传效应值之和

Note: Total genetic effect = seed direct genetic effect + maternal genetic effect

## 3 讨论

提高杂交水稻的产量始终是育种工作的重要任务,但随着人民生活水平的提高,稻米品质已日益受到人们的重视。虽然水稻成熟期的环境条件对米质影响较大,但稻米品质在品种间仍存在着广泛遗传变异,通过育种途径有可能提高稻米的营养品质。

杂交水稻  $F_1$  植株上生长的  $F_2$  种子是由母体植株供给其发育所需的营养物质。除  $F_2$  种子的核基因可以控制稻米营养品质性状外,  $F_1$  母体植株的核基因也会在不同程度上影响稻米营养品质性状的表现。本实验将稻米营养品质性状总遗传效应( $G$ )分解为种子遗传效应( $G_o$ )和母体植株遗传效应( $G_m$ )。种子遗传效应( $G_o$ )又被进一步分解为种子加性( $A$ )和种子显性( $D$ )遗传分量,母体植株遗传效应( $G_m$ )进一步分解为母体加性( $A_m$ )和母体显性( $D_m$ )遗传分量。根据各个遗传分量的大小,能够阐明稻米营养品质性状的遗传机制。本实验的分析结果表明,在控制籼型杂交稻米营养品质的总遗传效应中,稻米蛋白质含量和蛋白质指数主要受制于母体遗传方差,但亦受到种子基因效应的影响;赖氨酸含量和赖氨酸指数则主要与种子基因效应有关,其中赖氨酸含量还受到母体加性效应的影响,在这些性状上选好双亲尤为重要。在营养品质性状的遗传率上,种子遗传率大于母体遗传率,总遗传率约为 0.063—0.568。

通过对亲本和杂交组合的遗传分析,能够推断实验材料所代表的遗传群体中胚乳数量性状的遗传规律。但在遗传分析时,育种工作者往往还希望对杂交亲本的育种价值和组合的杂种优势也能有所了解。因此,有必要预测各项遗传效应值,明确杂交亲本和组合的优劣。在本实验中,浙南 1 号 A、浙南 3 号 A 和 26715 等亲本可以明显改善稻米营养品质;而  $V_{20}A$  和 测早 2-2 等亲本则会明显降低稻米营养品质;就杂交组合而言,则以浙南 1 号 A / 26715、浙南 3 号 A / 26715 和 珍汕 97A / 26715 等杂交组合为好。

分析稻米品质数量性状,需要有可供统计分析的并具有生物学意义的遗传模型。Foolad 和 Jone 提出的一个新模型<sup>[13]</sup>,可以估算种子数量性状的种子遗传效应和母体植株遗传效应,但需要测定单粒种子,且需 18 个世代平均数,杂交和品质分析的工作量都很大。本实验所采用的遗传模型及其相应的统计分析方法<sup>[4,7,15]</sup>,不需测定单粒和单株上的种子,只需利用一组杂交组合的少数几个世代的平均数,就能估算种子数量性状的种子遗传效应和母体植株遗传效应。本实验利用一些籼型杂交稻组合的世代平均数,同时分析了稻米营养品质性状中种子和母体植株二套核遗传体系的基因效应,估算出多种遗传效应的方差分量,并预测得到亲本或组合的遗传效应值;进一步明确了籼型杂交稻米营养品质同时受母体植株和种子基因控制的遗传特征。与已有的三倍体遗传模型分析方法相比,本研究方法具有简单、方便、实用的优点。因此,本研究结果对于提高水稻稻米营养品质和组合选配以及性状的遗传分析具有一定的指导意义。

### 参 考 文 献

- 1 莫惠栋, 1989. 遗传学报, 16(2): 111—117
- 2 莫惠栋, 1990. 江苏农学院学报, 11(2): 11—15
- 3 莫惠栋, 1993. 中国农业科学, 26(4): 8—14
- 4 朱 军, 1992. 生物数学学报, 7(1): 1—11
- 5 朱 军, 1993. 生物数学学报, 8(1): 32—44
- 6 朱 军等, 1993. 遗传学报, 20(3): 262—271

- 7 朱 军, 许复华, 1994. 作物学报, 20(3): 264—270
- 8 石春海, 朱 军, 1992. 生物数学学报, 7(4): 37—45
- 9 石春海, 朱 军, 1993. 北京农业大学学报, 19(增刊): 69—74
- 10 Bogyo T P *et al.*, 1988. *Heredity*, 60: 61—67
- 11 Pooni H S *et al.*, 1992. *Heredity*, 69: 166—174
- 12 Ullrich S E and R F Eslick, 1978. *Barley Genet. Newsletter*, 8: 108—109
- 13 Foolad M R and R A Jones, 1992. *Theor. Appl. Genet.*, 83: 360—366
- 14 Yu S P *et al.*, 1992. *J. Biomath.*, 7(4): 11—21
- 15 Zhu J and B S Weir, 1994. *Theor. Appl. Genet.*, 89(2—3): 160—166

## Analysis of Seed and Maternal Genetic Effects for Nutrient Quality Characters in Hybrids of *indica* Rice

Shi Chunhai    Zhu Jun

(Department of Agronomy, Zhejiang Agricultural University, Hangzhou 310029)

### Abstract

Six male sterile lines (Zhenshan 97 A etc.) and three restorer lines (Cezao 2—2 etc.) were used in incomplete diallel crosses. Genetic analysis was conducted for nutrient quality characters in *indica* hybrid rice by using a new genetic model for quantitatively characters of seeds in cereal crops. The results indicated that protein content and protein index in milled rice were mainly controlled by maternal genetic effects, but also affected by seed genetic effects. Lysine content and lysine index were mainly controlled by seed genetic effects and lysine content was also affected by maternal additive effect. Seed direct heritability and maternal heritability were significant except for lysine index. Predicted genetic effects indicated that Zhenan 1 A and 26715 were better than other parents for making a cross with good nutrient quality.

**Key words** Rice, Nutrient quality, Seed and maternal genetic effects, Genetic variances, Gene effects