

麦芽品质性状的遗传模型及其分析方法*

同新甫** 徐绍英 桑 军

(浙江农业大学农学系,杭州 310029)

徐新宇

(中国农科院作物品种资源研究所,北京 100081)

摘 要 本文提出分析大麦麦芽品质性状世代平均数的遗传模型。根据麦芽性状的特点,该模型将控制麦芽性状的总遗传效应(G)分解为萌动胚(下同称胚)基因效应(Ge)和胚乳基因效应(Ge),而 Ge 又可分解为胚加性效应(Ae)和胚显性效应(De)遗传分量,Ge 则可分解为胚乳加性效应(Ae)和胚乳显性效应(De)遗传分量。采用 MINQUE(O)法估算各项遗传分量,胚基因与胚乳基因之间的遗传协方差分量,无论地预测各项遗传效应值,作为品种鉴别。本文对 7 个二倍大麦品种及其半双列杂交 F₂ 的麦芽库耳巴哈指数和 α-氨基氮含量资料进行了分析,并与两个随机模型的拟合进行了比较。

关键词 麦芽品质性状 遗传模型 萌动胚基因效应 胚乳基因效应

禾谷类作物种子发芽是胚和胚乳相互作用促进酶的形成和物质转化的生理生化过程。啤酒大麦发芽时麦芽内部各种酶活性强弱和物质代谢程度反映其酿造品质,而大田播种后种子内部生理生化变化反映种子的幼芽生长势强弱,因此,研究麦芽品质性状或作物种子幼芽(或幼苗)性状的遗传规律,对于指导作物品质育种具有重要意义。

啤酒大麦在制麦芽过程中,萌动的胚利用其本身所含的物质分解成新的生长物质,同时分泌出赤霉素,诱发胚乳糊粉层产生多种水解酶来分解胚乳储藏物质和细胞壁,使其成为可溶物质^[1]。此时的萌动胚(长度约为麦粒长的 1/2~4/5)和胚乳一起称为麦芽。因此,麦芽性状的表现可能同时受到二倍体倍加胚(下文简称胚)和三倍体胚乳核基因两亲遗传体系的控制。大麦麦芽性状如酶活力、糊化力等多属数量性状,其遗传研究曾有不少报道^[2,4,12~14]。但多数是按二倍体值(或胚)性状的 Hayman 遗传模型分析的,未考虑麦芽性状是胚和胚乳核基因的共同作用。近几年来,莫雷尔^[5,15]、Boggs 等^[1]和 Foaahd 等^[11]分别提出了三倍体胚乳遗传模型,桑军等已提出了包括加性、显性和母体效应的二倍体种子或幼苗性状的遗传模型以及包括环境互作的种子三倍体胚乳遗传模型^[6,8,17],并发展了适用这些模型的统计方法^[5,16]。由于麦芽性状与胚和胚乳核基因的作用有关,有必要发展一种包括胚基因效应和胚乳基因效应两亲遗传体系的麦芽遗传模型。

本文在已有的三倍体种子模型和二倍体植株模型^[6,8,17]基础上,发展包括胚基因加性、显性效应和胚乳基因加性、显性效应的麦芽数量性状的遗传模型,提出相应的估算遗传方差分量和遗传协方差分量以及预测遗传效应值的统计方法,并以 7 个大麦品种的单双列杂交资料的

* 国家教委(跨世纪优秀人才专项基金)资助项目
** 现调任国家教委专家委员会教学工作
收稿日期:1997-04-29

www.cnki.net

二个麦芽性状为例予以论述,同时分别与二倍体胚模型和三倍体胚模型作了比较.

1 遗传模型和统计分析方法

当麦芽性状同时受到胚基因和胚乳基因的控制时,其总的遗传效应(G)应该包括胚基因遗传效应(G_e)和胚乳遗传效应(G_{el}).胚基因效应(G_e)又可分解为胚加性效应(A_e)和胚显性效应(D_e)遗传分量,胚乳遗传效应(G_{el})则可分解为胚乳加性效应(A_{el})和胚乳显性效应(D_{el})遗传分量.

如果以下遗传假定成立:(1)不存在父母本效应,(2)不存在上位性效应,(3)不存在高阶显性效应(三个等位基因之间的互作),(4)不存在基因型与环境互作效应,则一组禾谷类作物纯系材料作遗传交配,第 i 个母本与第 j 个父本的第 k 种交配类型在第 r 个区组内的世代平均数表型性状表型值(y_{ijk})可用以下线性模型表示:

$$y_{ijk} = \mu + G_{ik} + B_r + \epsilon_{ijk},$$

其中: μ 是群体平均数,固定效应; B_r 是区组效应,随机效应; ϵ_{ijk} 是剩余误差;如果试验未设完全随机区组,而只设了重复,则在模型中应取消区组效应. G_{ik} 是世代平均数的遗传效应. G_{ik} 的遗传组成决定于不同亲本(i, j)及交配类型(k).几种常用的交配类型($k = 0, 1, 2, 3, 4$)的遗传效应以下模型确定:

$$\text{亲本 } P_1 \text{ 的遗传效应分量}(k=0) \quad G_{10} = 2A_{01} + D_{01} + 3A_{e1} + 3D_{e1},$$

$$\text{杂种一代 } F_{11}(P_1 \times P_1) \text{ 的遗传效应分量}(k=1) \quad G_{11} = A_{01} + A_{e1} + D_{01} + 2A_{e1} + A_{e1} + D_{e1} + 2D_{e1},$$

$$\text{杂种二代 } F_{21}(F_{11} \times P_1) \text{ 的遗传效应分量}(k=2) \quad G_{21} = A_{01} + A_{e1} + 0.25D_{01} + 0.25D_{e1} + 0.5D_{01} + 1.5A_{e1} + 1.5A_{e1} + D_{e1} + D_{e1} + D_{e1},$$

$$\text{回交一代 } BC_1(F_{11} \times P_1) \text{ 的遗传效应分量}(k=3) \quad G_{31} = 0.5A_{01} + 1.5A_{e1} + 0.5D_{01} + 0.5D_{e1} + A_{e1} + 2A_{e1} + 0.5D_{e1} + 1.5D_{e1} + D_{e1},$$

$$\text{回交一代 } BC_2(F_{11} \times P_1) \text{ 的遗传效应分量}(k=4) \quad G_{41} = 1.5A_{01} + 0.5A_{e1} + 0.5D_{01} + 0.5D_{e1} + 2A_{e1} + A_{e1} + 1.5D_{e1} + 0.5D_{e1} + D_{e1}.$$

如果杂交亲本是从推断群体抽取的随机样本,以上各项遗传效应均为随机效应.其中,胚加性效应 A_{01} 或 $A_{0j} \sim (0, \sigma_{A_0}^2)$;胚显性效应 D_{01} , D_{0j} 或 $D_{0j} \sim (0, \sigma_{D_0}^2)$;胚乳加性效应 A_{e1} 或 $A_{ej} \sim (0, \sigma_{A_e}^2)$;胚乳显性效应 D_{e1} , D_{ej} 或 $D_{ej} \sim (0, \sigma_{D_e}^2)$.由于胚基因来自父母本各占一半,胚乳基因三分之二来自母本,三分之一来自父本,故胚基因遗传效应与胚乳基因遗传效应不是相互独立的,存在加性遗传协方差 $\text{Cov}(A_{01}, A_{e1}) = \text{Cov}(A_{01}, A_{e1}) = \sigma_{A_0 A_e}$,和显性遗传协方差 $\text{Cov}(D_{01}, D_{e1}) = \sigma_{D_0 D_e}$.

这样,麦芽品质数量性状表现型方差(V_p)应包括

$$V_p = V_{G_e} + V_{G_{el}} + 2C_{G_e G_{el}} + V_e \\ = (V_{A_0} + V_{D_0}) + (V_{A_e} + V_{D_e}) + 2(C_{A_0 A_e} + C_{D_0 D_e}) + V_e,$$

其中: V_{G_e} 为胚遗传方差, $V_{G_{el}}$ 为胚乳遗传方差, $C_{G_e G_{el}}$ 为胚与胚乳遗传协方差, V_{A_0} 为胚加性效应方差, V_{D_0} 为胚显性效应方差, V_{A_e} 为胚乳加性效应方差, V_{D_e} 为胚乳显性效应方差, $C_{A_0 A_e}$ 为胚

与胚乳加性效应协方差, C_{m, D_m} 为胚和胚乳性显性效应协方差, V_e 为残余误差方差。

不同遗传世代的表现型方差计算公式如下:

$$V_p(F_1) = (2\sigma_{a_m}^2 + \sigma_{b_m}^2) + (5\sigma_{a_m}^2 + 5\sigma_{b_m}^2) + 2(3\sigma_{a_m, a_m} + 2\sigma_{m, D_m}) + \sigma_e^2$$

$$V_p(F_2) = (2\sigma_{a_m}^2 + \frac{3}{8}\sigma_{b_m}^2) + 4\frac{1}{2}\sigma_{a_m}^2 + 3\sigma_{b_m}^2 + 2(3\sigma_{a_m, a_m} + \sigma_{m, D_m}) + \sigma_e^2$$

$$V_p(BC_1) = V_p(BC_2) \\ = (2\frac{3}{2}\sigma_{a_m}^2 + \frac{1}{2}\sigma_{b_m}^2) + (5\sigma_{a_m}^2 + 3\frac{1}{2}\sigma_{b_m}^2) + 2(3\frac{1}{2}\sigma_{a_m, a_m} + 1\frac{1}{2}\sigma_{m, D_m}) + \sigma_e^2$$

以上虽然列出了 5 个遗传世代,但在实际分析时不必包括全套遗传材料,若采取双列杂交

设计,可用下列组配方式:(I)P, F₁; F₂; (II)P, BC₁(或 BC₂); F₂; (III)F₁, BC₁(或 BC₂); F₂。

狭义遗传率(h^2)可分解为胚效应遗传率(h_{em}^2)和胚乳效应遗传率(h_{el}^2),估计公式为

$$h^2 = h_{em}^2 + h_{el}^2 = (V_{em} + C_{m, a_m})/V_p + (V_{el} + C_{m, a_m})/V_p$$

采用 MINQUE(0/1)法^[16]可以无偏地估算混合线性模型中各项方差分量,采用调整的无偏预测(Adjusted Unbiased Prediction,简称 AUP)^[17]公式,可以预测各项基因效应,参数估计值或预测值的标准误,可采用 Jackknife 重复抽样技术,用 t 测验作统计显著性检验^[16,18]。

2 分析实例

2.1 材料

以 7 个二棱大麦品种及其半双列杂交 F₁ 植株所结的 F₂ 种子,制成麦芽,测定麦芽的库尔巴哈指数(KI)和 α -氨基氮含量(AA-N),7 个品种分别为(1)甘木二条,(2)苏啤 1 号,(3)新湖 1 号,(4)鄂北大 3 号,(5)冀农大麦,(6)S-096,(7)R6 #1508,田间试验于 1992 年在浙江农业大学试验农场实施,随机区组排列,重复 5 次,制麦芽以及 KI 和 AA-N 分析标准参照国际公认的 EBC 分析方法^[1],采用本文提出的麦芽遗传模型(简称全模型)估算各项遗传方差,计算遗传率和预测遗传效应值,同时与采用只包括加性和显性效应的二倍体胚遗传模型(简称缩减模型 I)^[17]和包括加性和显性效应的三倍体胚乳模型(简称缩减模型 II)^[18]的分析结果作比较。

KI 是麦芽品质性状的一个重要参数,用以衡量籽粒蛋白质在麦芽中的溶解度,AA-N 反映麦芽中蛋白质分解程度^[1,10],7 个亲本的 KI 和 AA-N 平均值列于表 1。

表 1 7 个亲本的 KI 和 AA-N 均值平均值

性状 Trait	亲 本 Variety						
	P ₁	P ₂	P ₃	P ₄	P ₅	P ₆	P ₇
KI (%)	45.93	45.67	44.83	45.7	39.43	47.67	48.50
AA-N (mg/100g)	197.67	187.00	168.67	172.67	159.00	194.67	226.67

2.2 麦芽 KI 和 AA-N 的遗传方差分析

麦芽 KI 和 AA-N 的各项遗传方差分量估计值及其标准误列于表 2,利用全模型分析时,这两个性状的加性方差(V_{a_m})和胚显性方差(V_{d_m})以及胚乳加性方差($V_{a_{el}}$)均达到显著水平,但胚乳的显性效应未检测出来(表 2 全模型),AA-N 的胚和胚乳基因加性协方差(C_{m, a_m})亦达到显著水平,说明这两个性状的表现同时受胚核基因和胚乳核基因控制,且胚乳基因加性

作用大于胚基因加性作用,同时胚乳与胚核基因之间存在加性遗传相关,麦芽蛋白主要由胚乳提供,而其蛋白降解度(KI)和蛋白分解程度(AA-N)则受籽粒发芽时带动胚分层的赤霉素发酶分泌产生的水解酶的影响.所以,全模型得到的麦芽 KI 和 AA-N 同时受胚核基因和胚乳核基因控制以及胚和胚乳基因效应在遗传正相关的结果与实际生物体自然生长发育规律相符.因此,在麦芽性状的遗传变异中胚和胚乳基因的加性效应的贡献均不可忽视.

表 2 不同模型估算的麦芽 KI 和 AA-N 的遗传方差和协方差分量及其标准误

参数	全模型		缩减模型 I		缩减模型 II	
	KI	AA-N	KI	AA-N	KI	AA-N
参数	估计值 ± 标准误	估计值 ± 标准误	估计值 ± 标准误	估计值 ± 标准误	估计值 ± 标准误	估计值 ± 标准误
Estimate ± SE	Estimate ± SE	Estimate ± SE	Estimate ± SE	Estimate ± SE	Estimate ± SE	Estimate ± SE
V_{μ}	4.43 [*] ± 1.85	159.82 [*] ± 36.71	13.08 [*] ± 2.56	417.96 [*] ± 75.68		
V_{σ}	15.02 [*] ± 0.02	979.69 [*] ± 156.90	25.10 [*] ± 8.51	1007.49 [*] ± 489.14		
V_{α}	9.95 [*] ± 4.17	358.07 [*] ± 82.07			31.40 [*] ± 5.98	1150.63 [*] ± 181.54
V_{β}	0.00 ± 0.00	0.00 ± 0.00			19.21 [*] ± 6.35	820.80 [*] ± 357.67
$C_{\mu,\alpha}$	6.85 ± 6.28	306.19 [*] ± 150.29				
$C_{\mu,\beta}$	0.00 ± 0.00	0.00 ± 0.00				
V_{ϵ}	0.20 [*] ± 0.05	23.92 [*] ± 9.68	0.55 [*] ± 0.16	37.52 [*] ± 10.50	0.34 [*] ± 0.09	30.56 [*] ± 9.15
V_{δ}	43.30 [*] ± 24.08	1756.48 [*] ± 487.43	38.72 [*] ± 8.55	1542.96 [*] ± 476.7	50.95 [*] ± 9.21	2011.99 [*] ± 351.93
k_{α}	0.26 [*] ± 0.03	0.27 [*] ± 0.03	0.34 [*] ± 0.07	0.27 [*] ± 0.08		
k_{β}	0.39 [*] ± 0.03	0.38 ± 0.00			0.62 [*] ± 0.07	0.27 [*] ± 0.08

注:本模型包括二倍体胚基因和二倍体胚乳基因效应,缩减模型 I 只包括二倍体胚基因效应,缩减模型 II 只包括三倍体胚乳基因效应,*、*、* 分别表示达到 0.05,0.01 显著水平.

Note: Full Model includes diploid germinating embryo gene effects and triploid endosperm gene effects, Reduced Model I includes only diploid malt gene effects, and Reduced Model II includes only triploid endosperm gene effect. *, * , * represent significance at 0.05, 0.01 level, respectively.

若采用二倍体胚模型(表 2 缩减模型 I)分析,与全模型相比,所估计的胚基因加性效应(V_{μ})和显性效应(V_{σ})以及狭义遗传率(k_{α})均被过高估计.若采用三倍体胚乳模型(表 2 缩减模型 II)分析,则胚乳基因加性效应(V_{α})和显性效应(V_{β})以及狭义遗传率(k_{β})亦均被过高估计.这与苏红梅等的结果相一致^[1].并且两种模型的剩余误差方差(V_{ϵ})亦大于全模型. KI 和 AA-N 的 V_{δ} 占总表现型方差(V_{δ})的比例用缩减模型 I 分别为 1.42% 和 2.43%,用缩减模型 II 分别为 0.67% 和 1.153%,而用全模型则分别为 0.46% 和 1.35%.这说明用二倍体模型或用三倍体模型会把控制麦芽性状遗传变异的胚乳的贡献(或胚的贡献)一部分均归于胚(或胚乳),一部分归于误差.这样估计的遗传参数不能反映麦芽性状的真实遗传特性.因此分析麦芽性状的遗传规律宜采用全模型.

2.3 麦芽 KI 和 AA-N 的基因效应预测值

表 3 列出了 7 个亲本的麦芽 KI 和 AA-N 的胚和胚乳加性效应预测值及其估计标准误.由表 3 看出,利用全模型分析时,在这 7 个二粒大麦亲本中,甘木二条(P_1)的 KI 和 AA-N 均有显著的胚加性和胚乳加性效应预测值,说明以其作亲本的后代麦芽的 KI 和 AA-N 均可获得较大的值.苏啤一号(P_2)的 AA-N 胚加性和胚乳加性效应预测值亦达到显著水平,说明其是较高麦芽 AA-N 的较好亲本.紫皮大麦(P_3)的 KI 和 AA-N 以及 Rowf 50(P_5)的 AA-N 的胚加性和胚乳加性效应预测值均为显著负值,说明以它们作亲本会使麦芽的这两个性状的值降低.

利用缩减模型 I 分析时(表 3), 与全模型相比, 虽然各亲本的胚加性效应值的大小次序一样(这是预期的, 因为胚乳与胚存在正的遗传相关, 表 2), 但预测值的绝对值明显大于全模型的预测值(A_{00} 的 AA-N 例外), 且估计值的标准误也相对较大; 若利用缩减模型 II 分析时, 各亲本的胚乳加性效应预测值的绝对值亦明显大于全模型的预测值, 说明用缩减模型 I, 其预测值会夸大胚基因的作用; 而用缩减模型 II, 其预测值则夸大胚乳基因的作用。因为这两种模型均把胚乳和胚的基因效应归于一者之一方, 这与方差估计的结果一致(表 2)。

通过亲本和杂交组合最佳效应值的预测^[1]表明, $P_1 \times P_2$ 和 $P_3 \times P_4$ 这两个组合的麦芽 KI 有正的杂种优势, $P_1 \times P_2$ 组合的 AA-N 有超亲杂种优势, 但是大多数杂交组合的这两个性状的杂种优势不明显。

表 3 麦芽 KI 和 AA-N 的加性效应预测值

Table 3 Predictions of gene additive effects of parents for malt KI and AA-N

胚加性效应 Germiing-embryo additive effect	胚乳加性效应 Endosperm additive effect	
	全模型 Full Model	缩减模型 II Reduced Model II
亲本加性效应(KI)		
A_{01}	2.63 ± 1.21	3.57 ± 1.45
A_{02}	-0.63 ± 0.51	-0.69 ± 0.52
A_{03}	-0.08 ± 0.37	-0.31 ± 0.37
A_{04}	0.36 ± 0.27	0.22 ± 0.26
A_{05}	-2.00 ± 0.92	-4.31 ± 1.68
A_{06}	-0.056 ± 0.487	0.61 ± 0.57
A_{07}	-0.24 ± 0.59	0.61 ± 0.71
胚乳加性效应(AA-N)		
A_{11}	13.35 ± 1.85	24.49 ± 11.49
A_{12}	7.20 ± 2.97	11.12 ± 5.09
A_{13}	-2.78 ± 3.16	-12.16 ± 5.85
A_{14}	3.30 ± 3.20	-0.81 ± 2.18
A_{15}	-8.90 ± 4.08	-25.14 ± 12.29
A_{16}	0.66 ± 4.05	3.01 ± 4.48
A_{17}	-13.07 ± 5.52	-0.35 ± 3.35
全模型		
A_{01}	3.97 ± 1.82	6.80 ± 1.37
A_{02}	-0.94 ± 0.76	-1.47 ± 0.55
A_{03}	-0.12 ± 0.85	-0.39 ± 0.59
A_{04}	0.94 ± 0.85	0.78 ± 0.60
A_{05}	-3.00 ± 1.41	-5.59 ± 1.58
A_{06}	-0.09 ± 0.73	0.11 ± 0.55
A_{07}	-0.36 ± 0.88	-0.29 ± 0.63
全模型		
A_{11}	19.99 ± 1.78	48.88 ± 12.15
A_{12}	10.78 ± 4.46	25.43 ± 5.59
A_{13}	-4.09 ± 4.74	-14.58 ± 3.53
A_{14}	3.23 ± 4.80	7.97 ± 2.09
A_{15}	-13.33 ± 6.13	-38.31 ± 11.65
A_{16}	0.99 ± 4.08	3.73 ± 3.68
A_{17}	-19.38 ± 8.20	-33.11 ± 5.68

*, * * 分别表示达到 0.05, 0.01 显著水平。
* * * represent significance at 0.05, 0.01 level, respectively.

3 讨论

麦芽性状的遗传受胚动胚和胚乳基因的共同制约, 这是由籽粒的结构和麦芽性状的特殊性所决定。为了研究胚核基因和胚乳核基因对麦芽品质性状的影响及其遗传规律, 有效地选配优良杂交组合, 培育优良品种, 建立麦芽性状的遗传模型是必要的。本文根据麦芽品质性状的特点, 提出包括胚和胚乳两套遗传体系的遗传模型和分析方法, 不仅可以分析无缺失组合的平衡数据, 而且也适合于有缺失组合的非平衡数据, 该模型既适合于麦芽性状, 也可用于采谷类作物的种子和幼苗性状的遗传研究, 若为幼苗(或幼芽)性状, 则把麦芽模型中的胚基因效应改称为幼苗基因直接效应即可, 实例分析结果也说明了该模型所包括的遗传参数能反映麦芽性

www.cnki.net

状的真实遗传特性.

分析发芽性状需要一定量的种子.本文中 F_1 代是指杂交当代产生的种子的发芽性状, F_2 代是指 F_1 植株自交产生的 F_2 种子的发芽.在实际中,利用如大麦或小麦这样的作物 F_1 种子进行遗传分析有一定的困难,不仅杂交工作量大,而且当代杂交种子 (F_1) 的饱满度差,大小不均匀,影响(幼)芽性状的遗传分析.如果遗传试验种植双杂组合的亲本, F_1 或 F_2 植株,然后各自自交产生亲本, F_2 或 F_3 种子,便可全部利用自交种子进行遗传分析,但这种而需设计,需求广义逆的方法才能解 MINQUE(0/1)方差组估计各项遗传效应,这样所得参数可能有偏,最好的方案是在每种试验设计中包括一个杂交世代 (F_1 或 BC_1),所得参数可保证无偏.

参 考 文 献

- 1 曹敬仪. 啤酒工业手册(中). 北京: 轻工业出版社, 1985
- 2 俞志福, 陈福峰. 大麦胶含量的遗传分析. 遗传学报, 1987, 14(3): 193-199
- 3 莫嘉德. 胚乳性状的连锁模型及其分析. 江苏农学院学报, 1988, 9(3): 1-10
- 4 朱德元, 梁阿娟, 莫份春等. 发芽品质性状的遗传分析. 中国农报, 1990, 23(2): 45-49
- 5 朱 家. 非随机交配后代基因频率和杂种优势的预测模型. 生物数学学报, 1993, 8(1): 32-44
- 6 朱 家, 许耀群. 禾谷类作物胚乳品质性状的遗传模型及其分析方法. 作物学报, 1994, 20(3): 264-270
- 7 朱红军, 莫嘉德. 黄粒方-大麦籽实蛋白质和胶含量的遗传分析. 江苏农学院学报, 1995, 16(2): 39-46
- 8 朱 家. 包括基因型 \times 环境互作效应的种子遗传模型及其分析方法. 遗传学报, 1996, 23(1): 56-68
- 9 Duggo T P, Lance R P M, Chevalier R et al. Genetic models for quantitatively inherited endosperm characters. Heredity, 1988, 60: 61-67
- 10 Cook A H. Barley and malt: biology, biochemistry, technology. London: Academic Press, Inc. LTD, 1962, 303-327
- 11 Foulds M R, Jones R A. Models to estimate maternally controlled genetic variation in quantitative seed characters. Theor Appl Genet, 1992, 83: 360-366
- 12 Gowerling D C. A diallel cross analysis of gum content in barley (*Hordeum Vulgare*). Theor Appl Genet, 1977, 59: 41-46
- 13 Hayser A M, Riggs T J. The inheritance of diastatic power and alpha-amylase contents in spring barley. Theor Appl Genet, 1978, 58: 41-46
- 14 Hocken E A, Cook A F, Khan M A et al. Hybrid performance and combining ability for yield and malt quality in a diallel cross of barley. Crop Sci, 1993, 33(6): 1239-1243
- 15 Mo H D. Genetic expression of endosperm traits. in: Weir B S et al (eds). Proc. of the 2nd international conference on quantitative genetics. Sitouat, Sunderland/MA, 1988, 478-487
- 16 Zhu J. Mixed models approaches for estimating variances and covariances. 生物数学学报, 1992, 7(1): 1-11
- 17 Zhu J, Weir B S. Analysis of cytoplasmic and maternal effects. I. A genetic model for dihybrid plant seeds and animals. Theor Appl Genet, 1994, 89: 153-159

(下转第 488 页)

www.cnki.net

A Modified Method of Molecular Weight Determination by Gel Electrophoresis

Chang Qing Zhang Shuangquan Xiao Li Zhou Kaiya
(Department of Biology, Nanjing Normal University, Nanjing 210097)

Abstract A modified method of molecular weight determination by gel electrophoresis is introduced. It could be used for molecular weight determination under the circumstances when the origin or the front in the gel could not be identified. Algorithm testify and two examples are given.

Key words gel electrophoresis protein nucleic acid molecular weight determination

(下接第 536 页)

A Genetic Model and Analytic Methods for Malt Quality Traits

Yan Xinfu Xu Shaoying Zhu Jun
(Department of Agronomy, Zhejiang Agricultural University, Hangzhou, 310029)
Xu Xinyu
(Institute of Crop Germplasm Resources, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing, 100081)

Abstract A genetic model is proposed for analyzing generation means of malt quality traits in barley, according to the characteristic of malt trait. The total genetic effect (G) of malt quality traits is partitioned into germinating-embryo (designated as "embryo" for short) genetic effect (G_e) and endosperm genetic effect (G_e). Embryo genetic effect can be further partitioned into additive (A_e) and dominance (D_e) genetic components, while endosperm genetic effect can also be partitioned into endosperm additive (A_e) and endosperm dominance (D_e) genetic components. MINQUE (0/1) method can be used for estimating those genetic variance components and covariance components between embryo genes and endosperm genes as well as for predicting random genetic effects. Kolbach index (KI) and α -amino nitrogen (AA-N) content (mg/100g) of 7 parents and their half-diallel F_2 's of two-rowed barley (*Hordeum distichum* L.) are analyzed as a numerical example in comparison with the results of two reduced models.

Key words Malt quality trait genetic model germinating-embryo gene effect endosperm gene effect

www.cnki.net