

大粒型與小粒型落花生雜交 F₂ 族羣之 遺傳率與性狀相關研究¹

曹文隆 楊金興 盧煌勝²

摘要 本研究利用二個大粒型 (Virginia Bunch type) 與二個小粒型 (Spanish type) 落花生雜交組合之 F₂ 族羣及其四個親本為材料，於臺中霧峰及雲林崙背進行田間試驗，估算莢果與籽粒性狀之遺傳率、基因型相關及外表型相關，藉以鑑定此二雜交組合提供選拔大粒、飽滿、豐產落花生新品系之可能潛力。試驗結果顯示：兩個 F₂ 族羣之成熟莢果數、成熟莢果重、飽滿籽粒重、莢果長、莢果寬及籽粒寬等性狀之平均值約略相近。U-5 × Tainung 5 比 Tainan Sel. 9 × Nakate Yutaka 有較高之成熟莢果數及成熟莢果重，與較少之飽滿籽粒數及籽粒長。兩個族羣於兩處試區之莢果與籽粒性狀之遺傳率估值介於 0.22~0.97 之間。遺傳率值在族羣間與試區間均稍有差異。莢果及籽粒性狀間之基因型相關與外表型相關，多數均為顯著正相關。本研究結果推測：在大粒、飽滿、豐產落花生育種上，U-5 × Tainung 5 及 Tainan Sel. 9 × Nakate Yutaka 二雜交組合均具選拔潛力，值得繼續分離與利用。

落花生種子含粗蛋白 22~30% 及油分 44~56%，適合食用、油用及加工，用途甚廣。在臺灣，落花生是唯一不必仰賴政府補貼，而每年種植面積仍能長久維持在五萬公頃以上之最重要雜糧作物。近年來，由於消費型態改變，加上拓展落花生冷凍加工外銷成功，需求量日增。然而；面對即將接踵而至之農產品開放進口政策，本省落花生生產必須具備單位面積產量高、品質佳及生產成本低等特點，才有足夠的市場競爭能力。

依生長習性分類，栽培落花生可分為 Virginia、Valencia 及 Spanish 三種。Virginia 型植株具匍匐性、分枝多等特性，此等特性均有利於結莢機會之增加，但其始花期晚。Spanish 型則始花期早，在臺灣頗適於配合輪作栽培，其剝實率高、植株具直立性、分枝數少。為期育成早熟、分枝數多之高產品種，有賴於利用 Virginia 型與 Spanish 型間或其他亞種間之雜交，以結合各種優異特性於一體^(1,2,5,11)。落花生之莢果與籽粒產量均為相當複雜之遺傳性狀，且易受外在環境的影響，一般雜種後裔中，產量、籽粒重等之變異性最大，莢果長、莢果重則稍小⁽⁵⁾。Coffelt and Hammons⁽⁷⁾ 報告指出：產量性狀如百粒重、莢果長、莢果寬、莢果長寬比之廣義遺傳率均高，且單株莢果數、單株莢果重、單株籽粒數及莢果長之間均為顯著正相關。通常莢果產量之狹義及廣義之遺傳率分別介於 0.16~0.79 及 0.28~0.82 之間^(5,12,23,24)。林⁽¹⁾ 發現莢果數及籽粒產量之廣義遺傳率甚低，而單株莢果數及單株莢果重之間為顯著正相關。Mohammed *et al.*⁽¹⁸⁾ 在一 Virginia 和二 Spanish type 之

1. 臺灣省農業試驗所 研究報告第 1461 號。

2. 本所農藝系助理研究員、助理及副研究員。臺灣省 臺中縣 霧峰鄉。

雜交後裔 (F_2 及 F_3) 中所估得之遺傳率，產量介於 0.42~0.82 之間，莢果長為 0.79~0.92 之間，但成熟期則略低。莢果大小與籽粒大小之特殊組合力通常均很高⁽¹⁴⁾，而二者間為顯著之正相關^(7,15,20)。

本研究係配合『大粒、飽滿、豐產落花生育種計畫』之執行，利用二個大粒型 Virginia Bunch type 與二個小粒型 Spanish type 雜交組合之 F_2 族羣及其四個親本為材料，進行兩處田間試驗，估算莢果與籽粒性狀之遺傳率、基因型相關與外表型相關，以瞭解落花生莢果與籽粒性狀之遺傳行為，並比較二族羣供為大粒、飽滿、豐產落花生育種之選拔潛能。

材料與方法

一、試驗材料：

本試驗使用之兩個 F_2 落花生族羣，分別來自 U-5 × Tainung 5 及 Tainan sel. 9 × Nakate Yutata 二個雜交組合。親本 U-5 及 Nakate Yutaka 均為日本引進之 Virginia Bunch type，屬大莢大粒種，U-5 早熟，Nakate Yutaka 中晚熟且具休眠性。Tainung 5 (臺農 5 號) 及 Tainan sel. 9 (臺南選 9 號) 分別為農試所及臺南改良場育成之小粒種落花生，二者同屬 Spanish type。

二、試驗方法：

兩個 F_2 族羣，加上四個親本，合計為六個參試材料，於民國 77 年春作，分別在農試所臺中本所及雲林崙背試區進行試驗。兩個地點之田間均採用逢機完全區集設計，四重複，試區行長 3m，三行區，行株距 45×15cm。肥料用量與田間栽培管理同一般落花生栽培法。成熟收穫後，兩處試區均調查所有植株之莢果及籽粒性狀，計有：成熟莢果數 (No. of mature pod)、成熟莢果重 (Wt. of mature pod)、成熟籽粒數 (No. of mature seed)、成熟籽粒重 (Wt. of mature seed)、不飽滿籽粒數 (No. of ill-filled seed)、不飽滿籽粒重 (Wt. of ill-filled seed)、飽滿籽粒數 (No. of well-filled seed)、飽滿籽粒重 (Wt. of well-filled seed)、莢果長 (Pod length)、莢果寬 (Pod width)、籽粒長 (Seed length) 及籽粒寬 (Seed width) 等十二項。

三、統計分析：

上述十二項以單株為基準之調查資料，將依試區及雜交組合之不同進行獨立分析，即每一試區之每一 F_2 族羣及其兩個親本單獨作一變方分析。據此，每一變方分析表上所估得之小區內或植株間之親本變異量 (Estimates of parental within-plot or plant to plant variability) 即為環境變方 (Environmental variance)。每一雜交組合中， F_2 小區內變方 (F_2 within-plot variance) 減去上述之環境變方即為該雜交組合之 F_2 基因型變方 (Genotypic variance)。 F_2 性狀間之遺傳共變方 (Genotypic covariance between pairs of traits) 仍依小區內親本共變方為環境共變方 (Environmental covariance) 估值之方式計算而得。以上方法之假設前提為：(1) 異型結合 F_2 與同型結合親本間具有相同之環境變方；(2) 基因型與環境間之相關不存在。

F_2 小區內變方及共變方可供廣義遺傳率 (Broad sense heritability, h_b^2) 估算之用。每一試區每一 F_2 族羣之基因型相關 (Genotypic correlation, r_g) 及外表型相關 (Phenotypic correlation, r_p) 之估算公式分列如下：

$$h_b^2 = \frac{\hat{\sigma}_{Gi}^2}{\hat{\sigma}_{F2i}^2}$$

$$r_p = \frac{\widehat{COV}_{F2ij}}{\hat{\sigma}_{F2i} \hat{\sigma}_{F2j}}$$

$$r_g = \frac{\widehat{COV}_{Gi j}}{\hat{\sigma}_{Gi} \hat{\sigma}_{Gj}}$$

上列公式中， $\hat{\sigma}_{G_i}^2$ 及 $\hat{\sigma}_{G_j}^2$ 分別為性狀 i 及性狀 j 之遺傳變方； $\hat{\sigma}_{F_{2i}}^2$ 及 $\hat{\sigma}_{F_{2j}}^2$ 分別為性狀 i 及性狀 j 之總外表型或 F₂ 小區內變方； $\widehat{COV}_{F_{2ij}}$ 及 $\widehat{COV}_{G_{ij}}$ 分別為性狀 i 及性狀 j 間之外表型及基因型共變方。外表型及基因型相關係數大於兩倍其標準偏差即視為顯著異於 0。

結 果

兩個 F₂ 族羣及其四個親本於兩個試區之十二項調查性狀之平均值及標準偏差，列如表 1。四個親本之成熟莢果數差異互見，其中 Nakate Yutaka 平均每株成熟莢僅有 8 個，變異性却為四個親本之冠 (SE=0.4)；兩個 F₂ 族羣均分別偏向其較高親本值，族羣間比較，則 U-5 × Tainung 5 之成熟莢果數顯著多於 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka。成熟莢果重，本地種親本分別高於引進種，U-5 × Tainung 5 顯著重於 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka，其中 U-5 × Tainung 5 平均值偏向於莢重較重之親本 (Tainung 5)，而 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 則介於二親本之中間值。成熟籽粒數及成熟籽粒重，在四個親本之趨勢分別與成熟莢果數及成熟莢果重相似，惟二族羣平均值相近，且均介於二親本之中間值。在未飽滿籽粒數及未飽滿籽粒重方面，二引進親本皆顯著高出本地種親本許多，U-5 × Tainung 5 此二性狀均大於 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka。U-5 × Tainung 5 之未飽滿籽粒數偏向於較小親本之一方，Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 之值則介於二親本之間。二個 F₂ 族羣之未飽滿籽粒重均介於二親本之間。二引進親本皆無飽滿籽粒，二本地種親本中以 Tainan sel. 9 具較高之飽滿籽粒數及飽滿籽粒重，二 F₂ 族羣均介於二親本之間。族羣間相較，二族羣之飽滿籽粒重相似，Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 有較多之飽滿籽粒數。U-5 及 Nakate Yutaka 屬大莢大粒型，故較本地種親本具較大之莢果及籽粒長寬度。二 F₂ 族羣之莢果長、莢果寬及籽粒寬皆相近，Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 之籽粒長度則顯著長於 U-5 × Tainung 5。二族羣之莢果長度平均值均較偏向於大莢之親本，籽粒寬度介於親本

Table 1. Means and standard errors of pod and seed traits for parental lines and two F₂ populations.

Trait	U-5	Tainung 5	Tainan Sel. 9	Nakate Yutaka	U-5 × Tainung 5	Tainan Sel. 9 × Nakate Yutaka
No. of mature pod	13.5±0.1	15.0±0.3	12.5±0.3	8.0±0.4	14.3±0.6	12.0±0.6
Wt. of mature pod (g)	8.7±0.3	11.2±0.3	11.0±0.1	8.2±0.5	11.4±0.5	9.2±0.5
No. of mature seed	17.5±0.3	27.0±0.5	23.8±0.3	14.5±0.7	19.7±0.8	19.0±1.1
Wt. of mature seed (g)	5.6±0.2	7.3±0.3	8.1±0.1	5.3±0.3	6.9±0.3	6.2±0.4
No. of ill-filled seed	17.5±0.3	12.0±0.2	5.0±0.1	14.5±0.1	11.6±0.6	9.2±0.8
Wt. of ill-filled seed (g)	5.6±0.2	2.8±0.1	0.9±0.1	5.3±0.1	3.5±0.2	2.6±0.3
No. of well-filled seed	0	15.0±0.5	18.8±0.3	0	8.1±0.6	9.8±0.6
Wt. of well-filled seed (g)	0	4.5±0.3	7.2±0.1	0	3.4±0.2	3.6±0.3
Pod length (mm)	31.0±0.1	24.1±0.1	23.9±0.1	27.7±0.1	28.7±1.5	27.3±1.5
Pod width (mm)	16.1±0.1	12.3±0.1	11.3±0.1	13.9±0.1	12.4±0.7	13.7±0.7
Seed length (mm)	25.5±0.1	15.7±0.1	15.0±0.1	24.2±0.1	17.5±1.1	23.5±1.3
Seed width (mm)	10.0±0.1	7.8±0.1	7.7±0.1	9.6±0.1	8.8±0.6	8.7±0.8

中間值，而在莢果寬度及籽粒長度方面，U-5 × Tainung 5 組合偏向較低值親本，Tainansel. 9 × Nakate Yutaka 則偏向較高值親本。

二個 F_2 族羣之十二項性狀之遺傳率估值列如表 2。遺傳率估值介於 0.22~0.97 之間，其中莢果長寬及籽粒長寬均屬高遺傳率性狀 (0.91~0.97)。依同一試區之不同雜交組合比較之，成熟莢果重、成熟籽粒數、成熟籽粒重、未飽滿籽粒重及飽滿籽粒重等五個性狀為 U-5 × Tainung 5 高於 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka，其餘七個性狀之遺傳率估值在二族羣間約略相近。若就同一雜交組合之不同試區比較，唯有 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 族羣之成熟莢果重 (霧峰：崙背 = 0.35 : 0.22) 及成熟籽粒重 (霧峰：崙背 = 0.36 : 0.62) 試區間之差異較大。

Table 2. Heritability estimates based on variances for pod and seed traits for two crosses at two locations.

Trait	Cross	U-5 × Tainung 5		Tainan Sel. 9 × Nakate Yutaka	
		Wu-feng	Lung-bei	Wu-fen	Lung-bei
No. of mature pod		0.69	0.69	0.69	0.67
Wt. of mature pod (g)		0.87	0.86	0.35	0.22
No. of mature seed		0.82	0.82	0.60	0.57
Wt. of mature seed (g)		0.84	0.82	0.36	0.62
No. of ill-filled seed		0.94	0.93	0.87	0.83
Wt. of ill-filled seed (g)		0.97	0.97	0.77	0.66
No. of well-filled seed		0.43	0.46	0.48	0.56
Wt. of well-filled seed (g)		0.75	0.71	0.45	0.45
Pod length (mm)		0.92	0.91	0.94	0.91
Pod width (mm)		0.95	0.96	0.94	0.94
Seed length (mm)		0.97	0.94	0.95	0.94
Seed width (mm)		0.96	0.97	0.93	0.95

十二項性狀間之基因型相關與外表型相關，除 U-5 × Tainung 5 在兩個試區之未飽滿籽粒數與飽滿籽粒數、飽滿籽粒重，及未飽滿籽粒重與飽滿籽粒數、飽滿籽粒重等之相關係數未達顯著水準外，其餘均為顯著相關 (表 3 及 4)。基因型相關 (r_g) 略大於外表型相關 (r_p)。Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 在霧峰試區 (表 3) 達顯著負相關的為：未飽滿籽粒數與飽滿籽粒數 ($r_p = -0.32$ 、 $r_g = -0.26$)、飽滿籽粒重 ($r_p = -0.30$ 、 $r_g = -0.24$)、及未飽滿籽粒重與飽滿籽粒數 ($r_p = -0.35$ 、 $r_g = -0.31$)、飽滿籽粒重 ($r_p = -0.33$ 、 $r_g = -0.28$)；其餘性狀間均為顯著正相關 ($r_p = 0.37 \sim 0.98$ 、 $r_g = 0.42 \sim 0.99$)。在崙背試區 (表 4) 性狀間之相關性與霧峰試區大致相近，顯著負相關係數 r_p 介於 $-0.32 \sim -0.28$ ， r_g 介於 $-0.35 \sim -0.30$ 之間；顯著正相關係數 r_p 介於 $0.49 \sim 0.98$ ， r_g 介於 $0.52 \sim 0.99$ 之間。U-5 × Tainung 5 性狀間之相關情形在兩地均與 Tainan Sel. 9 × Nakata Yukata 相若，其在霧峰試區 (表 3) 之 r_p 介於 $0.58 \sim 0.97$ ， r_g 介於 $0.61 \sim 0.98$ 之間；而在崙背試區 (表 4)， r_p 介於 $0.60 \sim 0.97$ ， r_g 介於 $0.65 \sim 0.98$ 之間。

Table 3. Phenotypic (r_p) and genotypic (r_g) correlations among traits for U-5 × Tainnug 5 (above diagonal) and Tainan Sel. 9 × Nakate Yutaka (below diagonal) at Wu-feng.

Trait	No. of mature pod (1)	Wt. of mature pod (2)	No. of mature seed (3)	Wt. of mature seed (4)	No. of ill-filled seed (5)	Wt. of ill-filled seed (6)	No. of well-filled seed (7)	Wt. of well-filled seed (8)	Pod length (9)	Pod width (10)	Seed length (11)	Seed width (12)
(1) Ip Ig		0.90* 0.92*	0.94* 0.95*	0.87* 0.89*	0.71* 0.74*	0.63* 0.68*	0.63* 0.68*	0.53* 0.67*	0.95* 0.97*	0.96* 0.97*	0.90* 0.92*	0.92* 0.94*
(2) Ip Ig	0.89* 0.94*		0.92* 0.95*	0.97* 0.98*	0.63* 0.65*	0.65* 0.70*	0.64* 0.71*	0.70* 0.74*	0.94* 0.96*	0.92* 0.93*	0.95* 0.97*	0.93* 0.94*
(3) Ip Ig	0.95* 0.96*	0.92* 0.93*		0.93* 0.96*	0.74* 0.79*	0.67* 0.69*	0.65* 0.71*	0.63* 0.67*	0.95* 0.96*	0.92* 0.95*	0.96* 0.98*	0.95* 0.97*
(4) Ip Ig	0.88* 0.93*	0.97* 0.93*	0.93* 0.97*		0.60* 0.63*	0.63* 0.70*	0.70* 0.74*	0.75* 0.80*	0.94* 0.97*	0.90* 0.93*	0.97* 0.98*	0.95* 0.95*
(5) Ip Ig	0.47* 0.62*	0.42* 0.51*	0.44* 0.50*	0.37* 0.42*		0.93* 0.95*	0.02 0.04	-0.02 -0.04	0.70* 0.80*	0.70* 0.76*	0.68* 0.72*	0.70* 0.73*
(6) Ip Ig	0.33* 0.47*	0.42* 0.46*	0.36* 0.45*	0.39* 0.43*	0.94* 0.98*		0.05 0.07	-0.04 -0.02	0.67* 0.73*	0.61* 0.74*	0.66* 0.71*	0.65* 0.66*
(7) Ip Ig	0.63* 0.75*	0.64* 0.71*	0.71* 0.73*	0.69* 0.71*	-0.32* -0.26*	-0.35* -0.31*	0.94* 0.95*	0.94* 0.95*	0.61* 0.67*	0.58* 0.62*	0.66* 0.73*	0.68* 0.73*
(8) Ip Ig	0.61* 0.70*	0.68* 0.72*	0.63* 0.73*	0.73* 0.79*	-0.30* -0.24*	-0.33* -0.28*	0.93* 0.98*		0.63* 0.73*	0.59* 0.61*	0.63* 0.75*	0.67* 0.70*
(9) Ip Ig	0.96* 0.97*	0.94* 0.96*	0.95* 0.97*	0.92* 0.94*	0.48* 0.55*	0.44* 0.48*	0.62* 0.70*	0.63* 0.67*	0.96* 0.97*	0.96* 0.97*	0.96* 0.98*	0.94* 0.97*
(10) Ip Ig	0.96* 0.98*	0.93* 0.95*	0.94* 0.97*	0.92* 0.94*	0.50* 0.61*	0.45* 0.47*	0.59* 0.62*	0.61* 0.64*	0.96* 0.97*	0.92* 0.94*	0.92* 0.94*	0.92* 0.95*
(11) Ip Ig	0.94* 0.97*	0.95* 0.97*	0.98* 0.99*	0.95* 0.96*	0.47* 0.52*	0.43* 0.45*	0.66* 0.70*	0.66* 0.71*	0.97* 0.98*	0.94* 0.95*	0.97* 0.98*	0.97* 0.99*
(12) Ip Ig	0.92* 0.94*	0.93* 0.97*	0.98* 0.99*	0.95* 0.96*	0.41* 0.45*	0.37* 0.47*	0.71* 0.75*	0.70* 0.75*	0.93* 0.95*	0.93* 0.94*	0.97* 0.98*	0.97* 0.98*

* Correlation coefficient exceeds twice its standard error.

Table 4. Phenotypic (r_p) and genotypic (r_g) correlations among traits for U-5 × Tainung 5 (above diagonal) and Tainung 5 (below diagonal) at Lung-bei.

Trait	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)	(12)
	No. of mature pod	Wt. of mature pod	No. of mature seed	Wt. of mature seed	No. of ill-filled seed	Wt. of ill-filled seed	No. of well-filled seed	Wt. of well-filled seed	Pod length	Pod width	Seed length	Seed width
(1) r_p r_g		0.89* 0.91*	0.95* 0.97*	0.89* 0.93*	0.71* 0.76*	0.60* 0.65*	0.66* 0.70*	0.63* 0.70*	0.97* 0.98*	0.94* 0.97*	0.94* 0.98*	0.92* 0.94*
(2) r_p r_g	0.87* 0.90*		0.91* 0.93*	0.97* 0.98*	0.65* 0.72*	0.65* 0.70*	0.65* 0.70*	0.70* 0.79*	0.94* 0.97*	0.90* 0.93*	0.95* 0.96*	0.92* 0.94*
(3) r_p r_g	0.93* 0.97*	0.89* 0.93*		0.93* 0.97*	0.73* 0.81*	0.62* 0.69*	0.70* 0.73*	0.67* 0.69*	0.96* 0.97*	0.90* 0.95*	0.93* 0.99*	0.96* 0.97*
(4) r_p r_g	0.87* 0.90*	0.96* 0.98*	0.89* 0.95*		0.63* 0.67*	0.64* 0.72*	0.71* 0.76*	0.74* 0.77*	0.93* 0.95*	0.89* 0.91*	0.97* 0.98*	0.95* 0.97*
(5) r_p r_g	0.59* 0.66*	0.51* 0.60*	0.53* 0.62*	0.49* 0.52*		0.92* 0.94*	0.02 0.04	0.01 0.04	0.73* 0.82*	0.68* 0.72*	0.97* 0.76*	0.69* 0.73*
(6) r_p r_g	0.49* 0.54*	0.53* 0.60*	0.50* 0.55*	0.52* 0.57*	0.93* 0.95*		-0.05 0.06	-0.04 -0.01	0.65* 0.68*	0.61* 0.69*	0.66* 0.70*	0.63* 0.71*
(7) r_p r_g	0.57* 0.62*	0.53* 0.61*	0.61* 0.70*	0.59* 0.62*	-0.28* -0.34*	-0.32* -0.30*		0.96* 0.97*	0.65* 0.68*	0.61* 0.64*	0.68* 0.75*	0.69* 0.73*
(8) r_p r_g	0.54* 0.61*	0.60* 0.63*	0.57* 0.61*	0.64* 0.65*	-0.28* -0.30*	-0.31* -0.35*	0.95* 0.96*		0.64* 0.67*	0.62* 0.70*	0.67* 0.72*	0.68* 0.71*
(9) r_p r_g	0.96* 0.97*	0.94* 0.96*	0.96* 0.98*	0.92* 0.95*	0.60* 0.64*	0.55* 0.57*	0.55* 0.63*	0.53* 0.59*		0.94* 0.97*	0.97* 0.99*	0.94* 0.96*
(10) r_p r_g	0.97* 0.93*	0.92* 0.94*	0.95* 0.96*	0.90* 0.92*	0.60* 0.63*	0.55* 0.61*	0.54* 0.63*	0.54* 0.62*	0.97* 0.98*		0.91* 0.93*	0.89* 0.93*
(11) r_p r_g	0.94* 0.96*	0.94* 0.97*	0.97* 0.98*	0.94* 0.95*	0.61* 0.67*	0.55* 0.62*	0.56* 0.57*	0.56* 0.62*	0.98* 0.99*	0.95* 0.97*		0.96* 0.97*
(12) r_p r_g	0.83* 0.89*	0.81* 0.84*	0.87* 0.88*	0.82* 0.87*	0.50* 0.63*	0.46* 0.51*	0.53* 0.60*	0.52* 0.57*	0.84* 0.88*	0.84* 0.87*	0.86* 0.92*	

* Correlation coefficient exceeds twice its standard error.

討 論

落花生為一在地上開花地下結果之作物，此一特徵造成落花生莢果與籽粒產量性狀較其他一般作物產量更易受環境所影響，因此，其遺傳行為之研究即變得較為複雜。落花生類型間、品種間之變異頗大，在育種上，很容易找到各具理想特性之不同親本，藉助雜交選拔方法結合成一優異新品種^(1,2,5,11)。近年來，消費型態改變，大粒型食用落花生已備受重視，但在本省栽培環境下，大粒型落花生常常遭遇晚熟、籽粒不飽滿及低產諸問題。本試驗中之二個雜交組合，即利用二個早熟、飽滿及豐產之Spanish type 本地種（小粒型）與二個晚熟、不飽滿之 Virginia Bunch type 品種（大粒型）雜交，並希望於分離後裔中選獲大粒、飽滿、豐產新品系。本研究乃在早期世代（F₂）評估二族羣之選拔利用價值。

就本試驗中親本及二個 F₂ 族羣之十二項性狀之平均值（表 1）觀之，二個 F₂ 族羣在多數性狀中，其平均值均介於二親本之間，此結果與林⁽¹⁾及 Wynne *et al.*⁽²⁵⁾ 之報告大致相符。二族羣之成熟莢果數及莢果長平均值皆偏向較大值親本之一方。成熟莢果重、未飽滿籽粒數、莢果寬及籽粒長等性狀，在二族羣之間則相當不一致。此種現象或與各性狀之遺傳機制不同或各雜交組合二親本間之差距不等或其他競爭能力、適應性有異等有關。Godoy and Norden⁽⁹⁾ 在三個雜交組合之試驗中，發現當親本間之莢果與籽粒大小差距愈大時，其後裔此類性狀之分佈愈為歪斜，且歪斜度往往偏向值小之親本一方。Chiou and Wynne⁽⁵⁾ 亦有類似之試驗結果。一般除了產量外，親本之其他有關性狀之表現，概可作為預估雜交後裔表現之參考⁽¹⁶⁾。本試驗中，在多數有利性狀中，二個族羣內均出現許多超越分離個體（transgressive segregants），Chiou and Wynne⁽⁵⁾ 及 Wynne⁽²⁵⁾ 在他們的研究中均曾有此發現。這種超越分離個體之出現，更提高了大粒、飽滿、豐產落花生育種之成功機會。就平均值而言，在成熟莢數、成熟莢重方面，U-5 × Tainung 5 族羣似乎較優於 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka；在飽滿籽粒數及籽粒長度方面，則適得其反；其他性狀則兩族羣相差不多。

遺傳率值介於 0.22~0.97 之間（表 2），因性狀、雜交組合及試區之不同而稍有變化。某些性狀並不受雜交組合或試區之影響（如成熟莢數、莢果長、莢果寬、籽粒長及籽粒寬等五個性狀），某些則頗受組合或試區之影響。頗多研究報告之莢果與籽粒產量及其相關性狀之遺傳率估值均在 0.20~0.82 之間^(5,7,8,10,10,12,13,17,18,21,23,24)，本研究結果大致上與此相符，部分則顯得有點偏高。這種偏高估值或與試驗材料、試驗行株距、試驗環境及估算方法等等之不同有關。一般而言，在早期世代利用小區內變方估算廣義遺傳率，當親本間差異較大時，小區內植株間互異之競爭能力即可造成遺傳變方之高估，而導致遺傳率值之偏高。在利用上，以迴歸法（regression estimates）或較能減少非累加性變方及環境 × 基因型交感作用之干預，而達到正確預估遺傳增進之效果。以本試驗資料而言，就兩個 F₂ 族羣相比較，在成熟莢果重、成熟籽粒數、成熟籽粒重及飽滿籽粒重方面，U-5 × Tainung 5 似乎較 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 將有稍佳之選拔效果；另就地區來看，U-5 × Tainung 5 在二個試區差異並不明顯，而 Tainan sel. 9 × Nakate Yutaka 在成熟莢果重與成熟籽粒重方面，於臺中霧峰與雲林崙背之間則有顯然不同之反應。臺中霧峰與雲林崙背在氣候環境上類似，在土壤方面，崙背為砂質壤土，霧峰則為黏質壤土且每公頃再客粉砂 1,280m³。是否 Tainan Sel. 9 × Nakate Yutaka 對這種環境上之差異較敏感，而 U-5 × Tainung 5 則否，實有待進一步探討。

性狀間之相關可作為選種之參考。兩個 F₂ 族羣間及兩個試區間之十二項性狀之相關係數頗為相近（表 3 及 4）。顯著負相關部分， r_p 介於 -0.35~-0.28， r_g 介於 -0.35~-0.24；顯著正相關， r_p 介於 0.49~0.98， r_g 介於 0.52~0.99 之間。大多數之相關性均有利於大粒、飽滿、豐產落花生之選種工作。落花生莢果、籽粒產量性狀間之相關性報告甚多，結果大同小異，本研究結果與林⁽¹⁾、Balaiah *et al.*⁽³⁾、Chiou *et al.*⁽⁵⁾、Coffelt and Hammons⁽⁷⁾、Godoy and Norden⁽⁹⁾、Jogloy *et al.*⁽¹⁴⁾、Kushawaha and Tawar⁽¹⁵⁾、Layrisse *et al.*⁽¹⁶⁾、Nigam *et al.*⁽¹⁹⁾、

Patil⁽²⁰⁾ 及 Syakudo and Kawabata⁽²¹⁾ 之結論相仿。就相關係數而言，在高產育種目標上，選拔單株成熟莢果數、成熟莢果重、成熟籽粒數及成熟籽粒重均同時有利於莢果及籽粒產量之提高。不過可以斷言的，利用此等性狀作指標 (index) 所行之間接選拔，當不及針對莢果及籽粒產量作直接選拔來得效果大^(4,5,8)。

一般而言，自交作物在 F_2 族羣進行選拔常因環境效應、基因型間之競爭及非累加性遺傳變異等之干擾，而使選拔效果不彰。然而，Coffelt and Hammons⁽⁶⁾ 及 Gibori *et al.*⁽⁸⁾ 在他們的研究結論中均建議：落花生產量性狀之早期選拔為一可行之育種步驟。Mohammed *et al.*⁽¹⁸⁾ 也曾提出：產量及成熟期等低遺傳率性狀應於較後世代進行選拔較為有效，若針對莢果大小則於早期世代進行選拔即可奏效。Wynne⁽²²⁾ 亦同意針對莢果長度及成熟籽粒（產量除外）進行早期世代選拔之說法。Iroume and Knauff⁽¹³⁾ 比較11個雜交組合之 S_1 早期世代選拔方法，發現雜交組合間之選拔 ($h_t^2 = 0.67 \sim 0.79$) 較單株選拔 ($h^2 = 0.16 \sim 0.26$) 效果為高，而二法又遠比系統內選拔 (Within family selection, $h_w^2 = 0.03 \sim 0.05$) 來得佳。

本研究乃配合『大粒、飽滿、豐產落花生育種計畫』之執行，故使用之材料僅限於該計畫中選用之4個親本及其所衍生之二個 F_2 族羣進行廣義遺傳率及性狀間之相關係數估算。基本上，以變方分析法求得之廣義遺傳率，因未能將非固定性遺傳效果從遺傳變方中剔除，因此其在育種上之功效稍差。而狹義遺傳率 (Narrow sense heritability, h_n^2) 因著重累加性遺傳部分，由此求得遺傳率值之大小對於選種上的參考價值，當然比廣義遺傳率高。本研究受使用材料所限，無法進一步作狹義遺傳率之估算。不過，僅就本研究中二個雜交組合之平均值、廣義遺傳率、相關係數比較結果，顯示利用大粒型 Virginia Bunch type 與小粒型 Spanish type 雜交，以進行大粒、飽滿、豐產落花生育種，應是可行。此二具選拔潛力之落花生族羣將繼續分離選拔，並於選拔過程中同時進行單籽後裔法 (Single seed descend, SSD) 及譜系育種法 (Pedigree breeding) 之選拔效果比較。

參考文獻

1. 林 興·1966·落花生 Virginia 型與 Spanish 型雜種後裔數量性狀遺傳行為之研究·中華農學會報新 54 : 1—7。
2. 盧煌勝、楊金典、曹文隆·1988·不同型間落花生產量及其構成因素之比較·中華農業研究 37 (3) : 266—277。
3. Balaiah, C., P. S. Reddy, and M. V. Reddi. 1980. Correlation studies of some yield components in the F_2 segregating population of the groundnut cross 'Jil' × 'Gujarat Narrow Leaf Mutant'. Indian J. Agric. Sci. 50(3) : 213-215.
4. Bernard, R. L. 1960. The breeding behavior and interrelationship of some pod and seed traits of peanuts. Ph. D. thesis, Dept. of Crop Science, N. C. State Univ., Raleigh. 102p.
5. Chiou, H. Y., and J. C. Wynne. 1983. Heritabilities and genetic correlations for yield and quality traits of advanced generations in a cross of peanut. Peanut Sci. 10 : 13-17.
6. Coffelt, T. A., and R. O. Hammons. 1974a. Early-generation yield trials of peanuts. Peanut Sci. 1 : 3-6.
7. Coffelt, T. A., and R. O. Hammons. 1974b. Correlation and heritability studies of nine characters in parental and intraspecific cross populations of *Arachis hypogaea*. Oleagineux 29 : 23-27.
8. Gibori, A., J. Hillel, A. Cahaner, and A. Ashri. 1978. A 9×9 diallel analysis in peanuts (*A. hypogaea* L.): Flowering time, tops' weight, pod yield per plant and pod weight. Theor. Appl. Genet. 53 : 169-179.
9. Godoy, J. J., and A. J. Norden. 1981. Shell and seed size relationships in peanuts. Peanut Sci. 8 : 21-24.

10. Green, C. C., J. C. Wynne, and M. K. Beute. 1983. Genetic variability and heritability estimates based on the F₂ generation from crosses of large-seeded Virginia-type peanuts with lines resistant to *Cylindrocladium* black rot. *Peanut Sci.* 10 : 47-51.
11. Hammons, R. O. 1971. Inheritance of inflorescences in main stem leaf axils in *Arachis hypogaea* L. *Crop Sci.* 11 : 570-571.
12. Hammons, R. O. 1973. Genetics of *Arachis hypogaea*, P. 135-173. *In* Peanuts-Culture and Uses. Am. Peanut Res. Educ. Assoc. Inc., Stillwater, Okla.
13. Iroume, R. N., and D. A. Knauff. 1987. Heritabilities and correlations for pod yield and leafspot resistance in peanut (*Arachis hypogaea* L.): Implication for early generation selection. *Peanut Sci.* 14 : 46-50.
14. Jogloy, S., J. C. Wynne, and M. K. Beute. 1987. Inheritance of late leafspot resistance and agronomic traits in peanut. *Peanut Sci.* 14 : 86-90.
15. Kushawaha, J. S., and M. L. Tawar. 1973. Estimates of genotypic and phenotypic variability in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). *Indian J. Agric. Sci.* 43(12) : 1049-1054.
16. Layrisse, A., J. C. Wynne, and T. G. Isleib. 1980. Combining ability for yield, protein and oil of peanut lines from south American centers of diversity. *Euphytica* 29 : 561-570.
17. Martin, J. P. 1967. Contribution à l'étude de certains caractères d'importance agronomique chez l'arachide. Étude de l'hérédité de la richesse en huile, du rendement en décorticage et de la grosseur des grains dans les groupes des variétés tardives. *Oléagineux* 22 : 673-676.
18. Mohammed, J., J. C. Wynne, and J. O. Rawlings. 1978. Early generation variability and heritability estimates in crosses of Virginia and Spanish peanuts. *Oleagineux* 33 : 81-86.
19. Nigam, S. N., S. L. Dwivedi, T. S. N. Sigamari, and R. W. Gibbons. 1984. Character association among vegetative and reproductive traits in advanced generation of intersubspecific and intrasubspecific crosses in peanut. *Peanut Sci.* 11 : 95-98.
20. Patil, S. H. 1972. Induced mutations for improving quantitative characters of groundnut. *Indian J. Genet. Plant Breed.* 32(3-) : 451-458.
21. Syakudo Katsumi and Syutaro Kawabata. 1965. Studies on peanut breeding with reference to the combination of some main characters. II. Genotypic and phenotypic correlations between all pairs of 15 characters in the F₂ populations. *Jap. J. Breeding* 15(3) : 19-22.
22. Wynne, J. C. 1976. Evaluation of early generation testing in peanuts. *Peanut Sci.* 3 : 62-66.
23. Wynne, J. C. and T. A. Coffelt. 1982. Genetics of *Arachis hypogaea* L. pp. 50-94 *In*: H. E. Pattee and C. T. Young (eds.) *Peanut Science and Technology*. Amer. Peanut Res. Educ. Soc., Inc. Yoakum, TX.
24. Wynne, J. C., and W. C. Gregory. 1981. Peanut breeding. *Advan. Agron.* 34 : 39-71.
25. Wynne, J. C., J. O. Rawlings, and D. A. Emery. 1975. Combining ability estimates in *Arachis hypogaea* L. III. F₂ generation of intra- and intersubspecific crosses. *Peanut Sci.* 2 : 50-54.

Heritability and Correlation Based on the F_2 Population from Two Crosses between Large-seeded Virginia Bunch Type and Small-seeded Spanish Type Peanuts¹

W. L. Tsaur, K. H. Yang and H. S. Lu²

Summary

Two crosses between large-seeded Virginia Bunch type and small-seeded Spanish type peanuts were evaluated to determine the potential for selecting prominent cultivars. Heritabilities, phenotypic and genotypic correlations were determined for pod and seed traits at two locations. Two crosses had similar number of mature seed, weight of mature seed, weight of well-filled seed, pod length, pod width and seed width. Cross of U-5 \times Tainung 5 had higher number and weight of mature pod, and less number of well-filled seed and seed length than Tainan Sel. 9 \times Nakate Yataka. Heritability estimates for pod and seed traits were moderate to high over crosses and locations.

Most of pod and seed traits were significantly and positively correlated for both two crosses indicating that it is possible to select high-yielding lines with large and well-filled seed from these two populations.

1. Contribution No. 1461 from Taiwan Agricultural Research Institute.

2. Respectively, assistant agronomist, research assistant and agronomist, Department of Agronomy, TARI, Wufeng, Taichung Hsien, Taiwan 41301, ROC.