

白晓倩, 卢华雨, 于澎湃, 等. 粒用高粱 × 苏丹草杂交 F_2 代农艺性状的数量遗传分析[J]. 江苏农业科学, 2019, 47(19): 188–193.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2019.19.045

粒用高粱 × 苏丹草杂交 F_2 代农艺性状的数量遗传分析

白晓倩, 卢华雨, 于澎湃, 裴忠有, 罗 峰, 孙守钧

(天津农学院农学与资源环境学院, 天津 300384)

摘要:选取各农艺性状均较大的国内粒用高粱品种忻梁 52 和从美国普渡大学引进的苏丹草品系美引-48 进行杂交, 得到 F_2 代分离群体, 对 F_2 代的开花期、株高、穗长、穗柄长、旗叶鞘长、叶片数、平均茎节长等 7 个农艺性状进行测定。利用主基因-多基因遗传分析方法进行数据分析, 得到 7 个性状的 4 个遗传备选模型, 并进行适合性检验, 从备选模型中选出控制性状遗传的最适遗传模型, 并根据 IECM(迭代 ECM)算法计算主基因遗传率。结果表明, 株高、穗柄长、旗叶鞘长、平均茎节长等性状均符合 ModelA_0 模型, 均为微效多基因控制的数量性状; 开花期、穗长均符合 ModelB_6 模型, 这 2 个性状均符合 2 对主基因控制的等显性遗传模型, 即 $d_a = d_b = h_a = h_b$, 2 对主基因的遗传率为 38.35%; 叶片数符合 ModelB_1 模型, 是 2 对主基因控制的加性-显性-上位性混合遗传模型, 2 对主基因的加性效应之和为 2.096 774, 显性效应之和为 0.403 226, 主基因遗传率为 99.22%, 遗传率极高, 可在育种后代中直接进行选择。

关键词:高粱; 农艺性状; 主基因-多基因分析; 遗传率

中图分类号: S544⁺.103 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2019)19-0188-06

高粱和苏丹草是隶属于高粱属的 2 个种, 两者均为喜温型一年生禾本科作物, 且在形态学上差异较大, 但是其生殖隔离不是很明显, 染色体均为 $2n = 20^{[1-6]}$ 。高粱是世界第五大粮食作物, 也是重要的饲用作物和酿造原料^[7], 具有抗旱耐涝、耐贫瘠和耐盐碱等优良特性, 但是其品质欠佳, 茎秆中的粗蛋白含量较低且氢氰酸含量较高, 不宜作为饲用原料来进行加工。苏丹草原产于非洲苏丹高原^[8], 是一种既具有高粱的抗旱、抗病虫害、抗倒伏等特点, 又具有分蘖力强、再生性强、适应范围广、适口性好等优点的优质牧草, 尤其是其营养价值较高, 其茎秆中的粗蛋白含量较高, 氢氰酸含量较低, 是饲用的重要原料^[9-12]。

饲草作物指用作家畜饲料的饲用作物, 饲草作物是发展草食家畜的重要基础与原料, 而粒用高粱与苏丹草杂交属于种间杂交, 其杂交种简称为高丹草, 综合了高粱和苏丹草的优良性状, 具有很强的杂种优势, 在饲用方面具有较大的发展前景^[13]。

目前, 国内外对于粒用高粱和甜高粱的研究较多, 在饲草作物性状遗传方面的研究较少^[14]。本研究通过粒用高粱与苏丹草杂交 F_2 代的数量遗传分析, 得出高丹草主要农艺性状的数量遗传规律, 以期对饲草高粱育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本试验选取性状差异较大的国内粒用高粱品种忻梁 52 和从美国引进的苏丹草品系美引-48 为试验材料进行杂交, 得到 F_1 代杂交种, 经 F_1 代自交得到 F_2 代分离群体。

1.2 试验设计

本试验于 2016 年 11 月在海南省乐东黎族自治县利国镇官村进行播种, 同年 12 月对 2 个亲本进行杂交, 得到 F_1 代杂交种。2017 年 5 月于天津市静海良种场种植 F_1 代正反交组合, 经检验, F_1 代正反交农艺性状长势一致, 不存在细胞质遗传; 2017 年 7 月对 F_1 代植株进行套袋, 使其自交授粉, 得到 F_2 代分离群体, 2017 年 11 月在海南省乐东黎族自治县按照亲本、 F_1 代正反交组合、 F_2 代分离群体的顺序进行播种, 所有种植材料的行长均为 5.5 m, 行间距为 0.5 m, 株距为 0.3 m, 田间管理同常规农田。2018 年 1 月, 在高粱完熟期测量各农艺性状。

1.3 测定方法

由于 F_2 群体单株之间的表型性状和基因型均不同, 因此以下性状测量的均为单株数据。

(1) 开花期。在开花期, 从 F_2 群体开花第 1 天起, 将第 1 天开花的单株记录为 1, 第 2 天开花的单株记录为 2, 以此类推(单位: d)。

(2) 株高。在完熟期, 用钢卷尺测量地面至穗顶端的距离(单位: cm)。

(3) 穗长。在完熟期, 用钢卷尺测量穗基部到穗顶端的距离(单位: cm)。

(4) 穗柄长。在完熟期, 用钢卷尺测量穗基部到第 1 节间的距离(单位: cm)。

收稿日期: 2018-06-26

基金项目: 天津市科技支撑计划(编号: 16YFZCNC00630)。

作者简介: 白晓倩(1993—), 女, 天津人, 硕士研究生, 主要从事饲用作物遗传改良研究。E-mail: 1044235123@qq.com。

通信作者: 孙守钧, 博士, 教授, 主要从事饲用作物遗传改良研究, E-mail: sunshoujun@tjau.edu.cn; 罗 峰, 硕士, 副教授, 主要从事饲用作物遗传改良研究, E-mail: luofeng1868@126.com。

(5)旗叶鞘长。用钢卷尺测量高粱完熟期旗叶叶鞘到第1节间的距离(单位:cm)。

(6)叶片数。在高粱完熟期,计算整株的叶片数量(单位:张)。

(7)平均茎节长。平均茎节长=(完熟期株高-完熟期穗长)/完熟期茎节数(单位:cm)。

1.4 数据处理

基本数据使用 Excel 2010 和 SPSS Statistics 17.0 进行处理,根据王建康等提出的单个分离世代群体的遗传模型方法(主基因-多基因混合遗传的分离分析方法^[15-17])进一步对F₂世代群体进行分析,选出最适遗传模型,根据 IECM(迭代ECM)算法计算控制性状的主基因遗传率。

2 结果与分析

2.1 农艺性状间的相关性分析

由表1可知,开花期与叶片数呈极显著正相关,相关系数

表1 F₂群体各农艺性状间的相关系数

性状	相关系数						
	开花期	株高	穗长	穗柄长	旗叶鞘长	叶片数	平均茎节长
开花期	1.000						
株高	0.130 *	1.000					
穗长	-0.103	0.496 **	1.000				
穗柄长	-0.142 *	0.298 **	0.230 **	1.000			
旗叶鞘长	-0.122 *	0.566 **	0.622 **	0.266 **	1.000		
叶片数	0.225 **	0.493 **	0.168 **	-0.228 **	0.282 **	1.000	
平均茎节长	-0.054	0.553 **	0.203 **	0.510 **	0.247 **	-0.433 **	1.000

注: * 表示在 0.05 水平上显著相关, ** 表示在 0.01 水平上显著相关。

表2 各农艺性状的表型分析结果

性状	开花期 (d)	株高 (cm)	穗长 (cm)	穗柄长 (cm)	旗叶鞘长 (cm)	叶片数 (张)	平均茎节长 (cm)
平均值	9.86	185.63	26.63	52.64	32.07	9.25	17.28
标准差	2.57	20.50	3.56	6.02	2.79	1.01	2.02
最大值	16.00	242.30	35.80	68.10	44.40	12.00	24.01
最小值	1.00	116.10	15.70	38.90	23.50	7.00	11.16
偏度	-0.383	-0.151	-0.261	0.011	0.200	0.276	0.124
峰度	0.514	-0.208	-0.080	-0.386	0.888	-0.146	0.336
变异系数	26.06%	11.04%	13.37%	11.44%	8.70%	10.92%	11.69%

2.3 农艺性状遗传模型的选择

根据盖钧镒等的主基因-多基因混合遗传模型F₂代单世代分离分析方法^[18-19],得到开花期、株高、穗长、穗柄长、旗叶鞘长、叶片数、平均茎节长这7个农艺性状的极大似然值和AIC(Akaike information criterion)值(在表3、表4、表5),根据AIC值最小原则,选出4个遗传备选模型(表3、表4、表5中用“*”标注)进行下一步适合性检验,以期确定各性状的数量遗传模型。

2.4 农艺性状遗传模型的检测

根据U₁²、U₂²、U₃²(均匀性检验)、nW²(Smirnov检验)、D_n(Kolmogorov检验),对开花期、株高、穗长、穗柄长、旗叶鞘长、叶片数、平均茎节长这7个农艺性状的4个备选模型进行适合性检验,结果见表6,选出7个性状最适的遗传模型。

(1)在开花期的4种遗传备选模型中,其nW²(Smirnov检

为0.225,与株高呈显著正相关,相关系数为0.130,与穗柄长、旗叶鞘长呈显著负相关,相关系数分别为-0.142、-0.122;株高与穗长、穗柄长、旗叶鞘长、叶片数和平均茎节长均呈极显著正相关,其中与旗叶鞘长的相关性最高,相关系数为0.566;穗长与穗柄长、旗叶鞘长、叶片数、平均茎节长呈极显著正相关,相关系数最高的为旗叶鞘长,为0.622;穗柄长与旗叶鞘长、平均茎节长呈极显著正相关,相关系数分别为0.266、0.510,与叶片数呈极显著负相关,相关系数为-0.228;旗叶鞘长与叶片数、平均茎节长呈极显著正相关,相关系数分别为0.282、0.247;叶片数与平均茎节长呈现极显著负相关,相关系数为-0.433。

2.2 各农艺性状的表型分析

由表2和图1可以看出,开花期、株高、穗长、穗柄长、旗叶鞘长、叶片数及平均茎节长均呈现连续的正态分布,说明这6个性状符合数量性状的遗传特征,属于数量遗传性状。

验)和D_n(Kolmogorov检验)检验均达到显著水平(P<0.05),而U₁²、U₂²、U₃²(均匀性检验)未达到显著水平,且ModelB_6的AIC值最小;因此,选择Model B_6为开花期的最适遗传模型,说明在该群体中,开花期为2对主基因+多基因混合遗传,为等显性混合遗传模型。(2)在株高的4种备选模型中,其均匀性检验、Smirnov检验和Kolmogorov检验均未达到显著水平,但是相较于另外3种模型来说,Model A_0的AIC值最小,因此选择Model A_0作为株高的最适遗传模型,说明该群体的株高不受主基因控制,而是受微效多基因控制。(3)在穗长的4个遗传备选模型中,其均匀性检验、Smirnov检验和Kolmogorov检验均未达到显著水平,但Model B_6的AIC值小于另外3个备选模型,因此选择Model B_6为该群体穗长的最适遗传模型,说明该性状受2对主基因+多基因混合遗传,为等显性混合遗传模型。(4)穗柄长的4

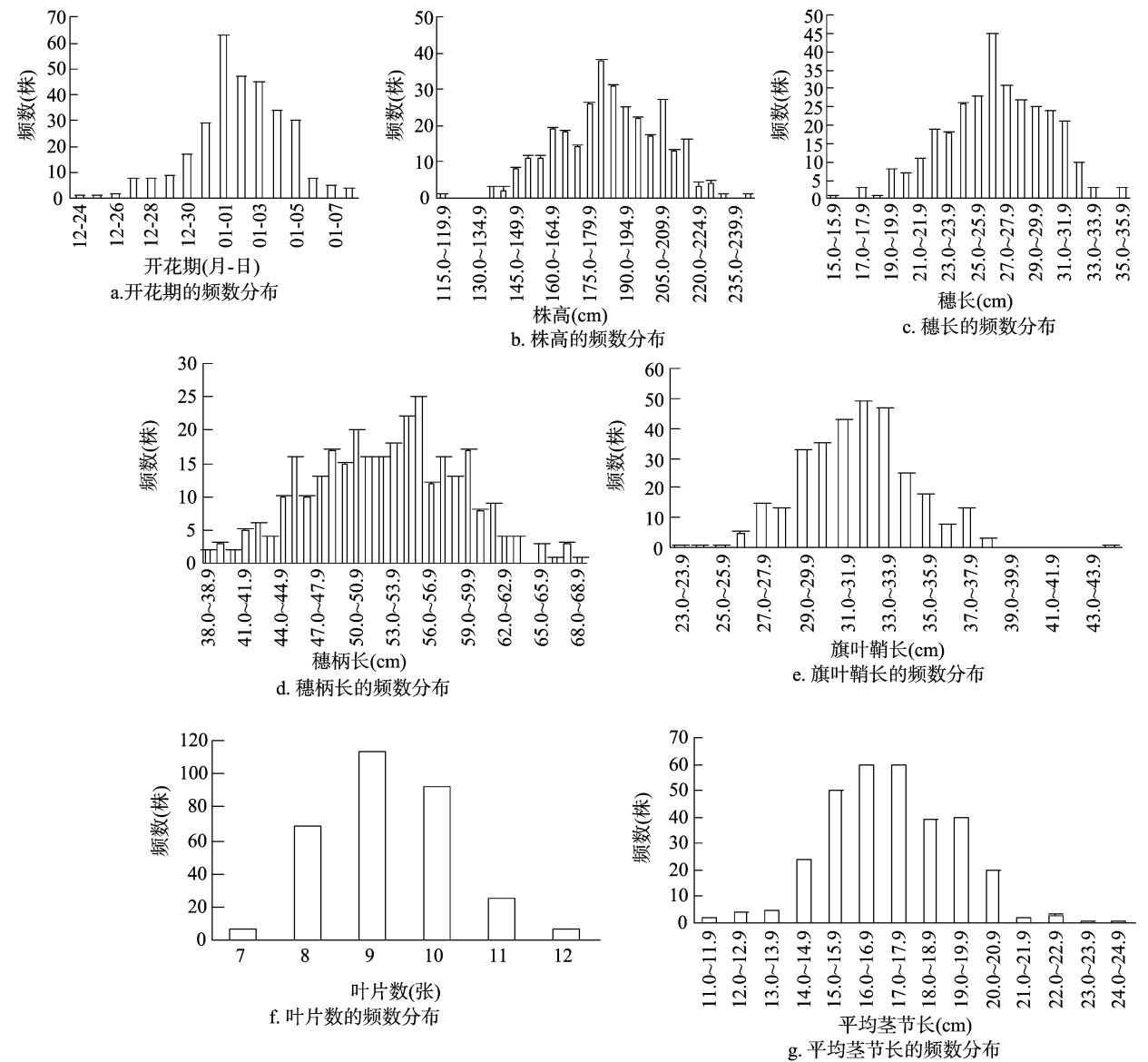


图1 F₂ 群体各农艺性状的频数分布

表 3 开花期、株高、穗长的极大似然值和 AIC 值

模型	开花期		株高		穗长	
	极大似然值	AIC 值	极大似然值	AIC 值	极大似然值	AIC 值
ModelA_0	-734.461 182	1 472.922 363 *	-1 380.199 951	2 764.399 902 *	-835.658 264	1 675.316 528
ModelA_1	-732.477 600	1 472.955 200	-1 378.613 892	2 765.227 783 *	-833.581 421	1 675.162 842 *
ModelA_2	-734.464 172	1 474.928 345	-1 380.197 388	2 766.394 775 *	-835.656 738	1 677.313 477
ModelA_3	-732.477 600	1 472.955 200	-1 379.405 396	2 766.810 791	-833.581 360	1 675.162 720 *
ModelA_4	-734.463 257	1 476.926 514	-1 380.203 979	2 768.407 959	-835.661 011	1 679.322 021
ModelB_1	-726.052 063	1 472.104 126 *	-1 379.090 210	2 778.180 420	-833.542 053	1 687.084 106
ModelB_2	-732.477 295	1 476.954 590	-1 378.612 915	2 769.225 830	-833.581 360	1 679.162 720
ModelB_3	-734.467 834	1 476.935 669	-1 380.195 557	2 768.391 113	-835.656 006	1 679.312 012
ModelB_4	-734.462 769	1 474.925 537	-1 380.197 998	2 766.395 996	-835.657 043	1 677.314 087
ModelB_5	-732.436 646	1 472.873 291 *	-1 379.338 745	2 766.677 490	-833.502 930	1 675.005 859 *
ModelB_6	-732.426 025	1 470.852 051 *	-1 379.329 102	2 764.658 203 *	-833.503 540	1 673.007 080 *

个遗传备选模型的均匀性检验、Smirnov 检验和 Kolmogorov 检验均未达到显著水平,但相较于其他 3 个备选模型,Model A_0 的 AIC 值最小,因此选择 Model A_0 作为该群体穗柄长

的最适遗传模型,说明该性状没有主基因控制,而是受微效多基因控制。(5)在旗叶鞘长的 4 个遗传备选模型中,其 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 (均匀性检验) 与 nW^2 (Smirnov 检验)、 D_n (Kolmogorov

表 4 穗柄长、旗叶鞘长的极大似然值和 AIC 值

模型	穗柄长		旗叶鞘长	
	极大似然值	AIC 值	极大似然值	AIC 值
ModelA_0	-999.239 075	2 002.478 149 *	-759.425 171	1 522.850 342 *
ModelA_1	-999.235 168	2 006.470 337	-759.310 913	1 526.621 826
ModelA_2	-999.235 168	2 004.470 337 *	-759.430 725	1 524.861 450 *
ModelA_3	-999.237 610	2 006.475 220	-759.428 345	1 526.856 689
ModelA_4	-999.231 873	2 006.463 745	-759.310 913	1 526.621 826
ModelB_1	-996.624 329	2 013.248 657	-758.417 175	1 536.834 351
ModelB_2	-999.231 995	2 010.463 989	-759.246 033	1 530.492 065
ModelB_3	-999.231 995	2 006.463 989	-759.432 068	1 526.864 136
ModelB_4	-999.236 328	2 004.472 656 *	-759.428 467	1 524.856 934 *
ModelB_5	-999.238 831	2 006.477 661	-759.429 138	1 526.858 276
ModelB_6	-999.239 136	2 004.478 271 *	-759.429 138	1 524.858 276 *

表 5 F₂ 群体叶片数、平均茎节长的极大似然值和 AIC 值

模型	叶片数		平均茎节长	
	极大似然值	AIC 值	极大似然值	AIC 值
ModelA_0	-445.207 184	894.414 368 *	-658.873 840	1 321.747 681 *
ModelA_1	-443.368 317	894.736 633 *	-658.640 198	1 325.280 396
ModelA_2	-445.205 109	896.410 217	-658.875 427	1 323.750 854 *
ModelA_3	-445.209 747	898.419 495	-658.877 991	1 325.755 981
ModelA_4	-443.368 225	894.736 450 *	-658.640 137	1 325.280 273
ModelB_1	-229.854 599	479.709 198 *	-658.285 034	1 336.570 068
ModelB_2	-443.367 157	898.734 314	-658.640 137	1 329.280 273
ModelB_3	-445.203 857	898.407 715	-658.877 808	1 325.755 615
ModelB_4	-445.205 597	896.411 194	-658.874 573	1 323.749 146 *
ModelB_5	-445.210 510	898.421 021	-658.879 028	1 325.758 057
ModelB_6	-445.210 449	896.420 898	-658.879 089	1 323.758 179 *

检验)均未达到显著水平,而 Model A_0 的 AIC 值是 4 个备选模型中最小的,所以选择 Model A_0 作为旗叶鞘长的最适遗传模型,解释了该群体旗叶鞘长是受微效多基因控制而非主基因控制。(6)在叶片数的 4 种遗传备选模型中, nW^2 (Smirnov 检验)和 D_n (Kolmogorov 检验)均达到显著水平 ($P < 0.05$),其中 Model B_1 的均匀性检验中的 U_3^2 也达到显著水平 ($P < 0.05$),而其他统计量未达到显著水平,且在 4 个备选模型中 Model B_1 的 AIC 值最小,因此选择 Model B_1 作为该群体叶片数的最适遗传模型,说明在该群体中叶片数是 2 对主基因 + 多基因混合遗传,为加性 - 显性 - 上位性混合遗传模型。(7)在平均茎节长的 4 种备选模型中,所有统计量均未达到显著水平,结合 AIC 值最小原则,选择 Model A_0 作为平均茎节长的最适遗传模型,该性状不存在主基因控制,受微效多基因控制。

2.5 农艺性状遗传参数估计

根据已经确定的各个性状的最优模型和 IECM 的估算方法^[20-21],对 F₂ 群体农艺性状进行遗传参数估计,结果见表 7。由于株高、穗柄长、旗叶鞘长和平均茎节长都符合 Model A_0,不存在控制性状遗传的主基因,属于微效多基因控制的数量性状遗传,因此无法计算主基因遗传率。

F₂ 分离群体的开花期遗传符合 B_6 模型,F₂ 群体的开花期符合等显性合遗传模型,说明 2 对主基因的显性效应相等并与 2 对主基因的加性效应也相等,即 $d_a = d_b = h_a = h_b$ (显性

度 $h_a/d_a = h_b/d_b = 1$),且上位性效应 $i = j_{ab} = j_{ba} = 0$;其中,开花期的平均值 m 为 8.54,偏向于开花期较早的亲本忻梁 - 52,控制开花期的 2 对主基因的加性效应和显性效应相等,均为 1.299 9,主基因遗传率为 38.35%,遗传率较低,说明开花期遗传不稳定,易受环境影响。

穗长符合 Model B_6 模型,说明该群体的穗长是受 2 对主基因控制的等显性遗传模型,即 2 对主基因的显性效应相等, $d_a = d_b$,这种情况下的 9 种基因型的比例[(AABB + AABb + AaBB + AaBb) : (AAbb + Aabb + aaBB + aaBb) : aabb]为 9 : 6 : 1 : 2,对主基因的遗传率为 44.23%,遗传率较低,说明该群体的穗长遗传不稳定,受环境因素的影响较大。

叶片数符合 Model B_1 模型,即加性 - 显性 - 上位性混合遗传模型,受 2 对主基因控制;第 1 对主基因的加性效应(d_a)、显性效应(h_a)、显性度(h_a/d_a)分别为 1.548 4、0.451 6、0.291 7,第 2 对主基因的加性效应(d_b)、显性效应(h_b)、显性度(h_b/d_b)分别为 0.548 4、0.048 4、0.107 2;其中 $|d_a| > |d_b|$ 、 $|h_a| > |h_b|$,说明第 1 对主基因的加性作用和显性作用均大于第 2 对主基因,且显性度均小于 1,且 2 对主基因的加性效应之和为 2.096 774,显性效应之和为 0.403 226,说明控制该性状的 2 对主基因均以加性效应为主;主基因遗传率为 99.22%,即主基因遗传率高,易在后代中遗传,受环境的影响较小。

表 6 F₂ 群体各农艺性状备选模型的适合性检验结果

农艺性状	模型	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_n
开花期	ModelB_6	0.020(0.886 7)	0.025(0.873 7)	1.410(0.235 1)	0.543 1($P<0.05$)	0.115 8($P<0.05$)
	ModelB_1	0.000(0.999 2)	0.002(0.966 4)	0.027(0.869 0)	0.471 2($P<0.05$)	0.104 0($P<0.05$)
	ModelB_5	0.016(0.899 4)	0.027(0.870 5)	1.303(0.253 7)	0.540 4($P<0.05$)	0.114 2($P<0.05$)
	ModelA_0	0.016(0.899 1)	0.024(0.876 9)	1.234(0.266 6)	0.538 5($P<0.05$)	0.113 5($P<0.05$)
株高	ModelA_0	0.047(0.829 2)	0.105(0.746 2)	0.211(0.646 3)	0.072 5($P>0.05$)	0.038 8($P>0.05$)
	ModelB_6	0.002(0.968 8)	0.005(0.945 3)	0.181(0.670 1)	0.069 3($P>0.05$)	0.036 4($P>0.05$)
	ModelA_1	0.001(0.972 3)	0.001(0.975 9)	0.065(0.798 5)	0.046 0($P>0.05$)	0.028 6($P>0.05$)
	ModelA_2	0.047(0.828 7)	0.111(0.739 3)	0.243(0.622 0)	0.073 3($P>0.05$)	0.039 2($P>0.05$)
穗长	ModelB_6	0.000(0.983 0)	0.001(0.980 7)	0.000(0.988 9)	0.048 4($P>0.05$)	0.030 0($P>0.05$)
	ModelB_5	0.000(0.994 3)	0.000(0.986 3)	0.002(0.967 2)	0.049 5($P>0.05$)	0.030 9($P>0.05$)
	ModelA_3	0.000(0.984 2)	0.002(0.967 4)	0.008(0.930 8)	0.049 3($P>0.05$)	0.030 4($P>0.05$)
	ModelA_1	0.000(0.984 4)	0.002(0.967 6)	0.008(0.930 9)	0.049 3($P>0.05$)	0.030 5($P>0.05$)
穗柄长	ModelA_0	0.003(0.955 5)	0.057(0.810 5)	0.552(0.457 4)	0.059 5($P>0.05$)	0.036 5($P>0.05$)
	ModelA_2	0.003(0.955 3)	0.062(0.803 4)	0.606(0.436 1)	0.060 9($P>0.05$)	0.036 6($P>0.05$)
	ModelB_4	0.003(0.955 2)	0.062(0.803 2)	0.607(0.435 9)	0.060 9($P>0.05$)	0.036 6($P>0.05$)
	ModelB_6	0.002(0.962 1)	0.058(0.810 0)	0.604(0.436 9)	0.060 1($P>0.05$)	0.036 2($P>0.05$)
旗叶鞘长	ModelA_0	0.015(0.902 5)	0.098(0.754 7)	0.601(0.438 1)	0.046 7($P>0.05$)	0.037 5($P>0.05$)
	ModelB_4	0.015(0.902 5)	0.093(0.760 6)	0.554(0.456 9)	0.045 5($P>0.05$)	0.037 2($P>0.05$)
	ModelB_6	0.015(0.902 1)	0.093(0.760 3)	0.553(0.457 1)	0.045 4($P>0.05$)	0.037 2($P>0.05$)
	ModelA_2	0.015(0.902 5)	0.093(0.760 6)	0.554(0.456 7)	0.045 5($P>0.05$)	0.037 2($P>0.05$)
叶片数	ModelB_1	0.024(0.875 7)	0.488(0.484 7)	4.792(0.028 6)	2.240 7($P<0.05$)	0.181 7($P<0.05$)
	ModelA_0	0.150(0.698 7)	0.071(0.790 0)	0.188(0.664 5)	2.330 4($P<0.05$)	0.203 4($P<0.05$)
	ModelA_4	0.006(0.937 3)	0.001(0.977 9)	0.173(0.677 8)	2.305 1($P<0.05$)	0.186 3($P<0.05$)
	ModelA_1	0.006(0.937 8)	0.001(0.977 5)	0.172(0.678 1)	2.305 1($P<0.05$)	0.186 2($P<0.05$)
平均茎节长	ModelA_0	0.045(0.831 4)	0.076(0.783 3)	0.076(0.783 2)	0.060 2($P>0.05$)	0.036 7($P>0.05$)
	ModelB_4	0.046(0.830 8)	0.071(0.789 4)	0.058(0.809 6)	0.060 0($P>0.05$)	0.036 7($P>0.05$)
	ModelA_2	0.046(0.830 8)	0.071(0.789 3)	0.058(0.809 3)	0.060 0($P>0.05$)	0.036 7($P>0.05$)
	ModelB_6	0.046(0.829 8)	0.072(0.788 5)	0.058(0.810 2)	0.060 2($P>0.05$)	0.036 8($P>0.05$)

表 7 开花期、穗长、叶片数的遗传参数估计

遗传参数估计遗传参数		开花期 Model B_6	穗长 Model B_6	叶片数 Model B_1
一阶遗传参数	m	8.545 477 667	24.700 56	9.548 387 25
	d_a	1.299 957 75	1.933 075	1.548 387 25
	d_b	1.299 957 75	1.933 075	0.548 386 75
	h_a	1.299 957 75	1.933 075	0.451 612 75
	h_b	1.299 957 75	1.933 075	-0.048 386 75
	i	0	0	0.048 386 75
	j_{ab}	0	0	-0.548 367 5
	j_{ba}	0	0	-0.048 385 75
	l	0	0	-0.451 614 25
二阶遗传参数	σ_{mg}^2	2.535	5.605	1.021
	σ_{pg}^2	6.610	12.671	1.029
	h_{mg}^2	38.35%	44.23%	99.22%

注: m 表示群体均方, d_a 表示主基因 a 的加性效应, d_b 表示主基因 b 的加性效应, h_a 表示主基因 a 的显性效应, h_b 表示主基因 b 的显性效应, i 表示 2 个主基因的加×加效应, j_{ab} 表示加性(a)×显性(b)效应, j_{ba} 表示加性(b)×显性(a)效应, l 表示 2 个主基因的显×显效应, σ_{mg}^2 表示主基因方差, σ_{pw}^2 表示多基因方差, h_{mg}^2 表示主基因遗传率。

3 结论与讨论

高粱农艺性状的研究,对高粱育种有至关重要的作用。本试验通过对粒用高粱忻梁-52 和苏丹草美引-48 杂交 F₂ 代的数量遗传分析,得到了主要农艺性状的遗传模型及遗传率,为今后的高粱育种提供了参考。

本研究表明,在忻梁-52 和美引-48 的 F₂ 代分离群体中,株高、穗柄长、旗叶鞘长和平均茎节长都符合 Model A_0 模型,说明这 4 个农艺性状均无主基因控制,属于微效多基因控制的数量性状。其中,旗叶鞘长与孙守钧等的研究结果^[22]一致。在株高的数量遗传分析中,本研究结果与杜希朋等关于小麦的研究结果^[23]一致。官延安等的研究结果^[24-25]

均为有 2 对主基因 + 多基因控制的 B₁ 模型,即加性 - 显性 - 上位性混合遗传模型。詹秋文等的研究结果为有 2 对主基因 + 多基因控制的 B₆ 模型,即等显性模型^[13]。蒋峰等的研究结果为株高符合由 2 对主基因控制的 B₂ 模型,为加性 - 显性混合遗传模型^[26]。造成结果不一致的原因,一方面可能是选择杂交的亲本不同,虽然高粱、苏丹草均为高粱属作物且生殖隔离不明显,但二者均为高粱属下的 2 个不同种;另一方面是种植环境不同,本试验中的亲本、F₁ 代、F₂ 代均在海南省种植,南北方环境差异较大,包括光、温、气、热等,且海南省田间多为沙质土,保水保肥差,北方多为壤质土,保水肥能力强。

开花期符合 Model B₆ 模型,为 2 对主基因 + 多基因控制的等显性混合遗传模型,即 2 对主基因的加性效应与显性效应相等,遗传率为 38.35%,遗传率较低,说明该性状受环境影响较大。本研究与徐小万等对辣椒开花期的遗传分析结果^[27]不同,其分析结果为开花期符合 2 对主基因控制的加性 - 显性 - 上位性混合遗传模型。穗长符合 2 对主基因 + 多基因控制的等显性模型,遗传率为 44.23%,同样受环境影响较大,该结果与李延玲等对高粱的研究结果^[25]一致,与杜希朋等关于小麦的研究结果^[23,28-29]不一致。前者研究表明,小麦穗长为多基因控制,无主基因控制,后者采用质量 - 数量性状遗传的极大似然分析认为,小麦穗长受 1 对主基因以及若干微效多基因控制。叶片数符合 Model B₁ 模型,属于 2 对主基因控制的加性 - 显性 - 上位性混合遗传模型,2 对主基因的加性效应之和为 2.096 8,显性效应之和为 0.5,加性效应显著大于显性效应,说明控制该性状以加性效应为主,2 对主基因的遗传率为 99.22%,遗产率较高,在后代遗传中不易受到环境的影响。

综上所述,在忻梁 - 52 × 美引 - 48 的 F₂ 代分离群体的 7 个主要农艺性状的遗传分析中,研究结果与前人的差异较大;只有开花期、穗长、叶片数存在主基因控制,而开花期和穗长的遗传率较低,在后代中受环境影响较大,不易稳定遗传,叶片数的遗传率较高,可以在早期世代进行选择。在高粱遗传育种中,数量性状不仅受到遗传因子的控制,外界环境因素也对性状的遗传有较大影响,因此,在杂交后代的遗传研究中,尤其应注意环境对各性状的影响。

参考文献:

- [1] 詹秋文. 高粱 - 苏丹草杂交种生物能源利用的前景分析[J]. 种子, 2009, 28(8): 81 - 83.
- [2] 詹秋文, 钱章强. 高粱与苏丹草杂种优势利用的研究[J]. 作物学报, 2004, 30(1): 73 - 77.
- [3] 詹秋文, 林平, 李军, 等. 高粱 - 苏丹草杂交种研究与利用前景[J]. 草业学报, 2001, 10(2): 56 - 61.
- [4] 王和平, 张福耀, 程庆军, 等. 高粱 - 苏丹草杂交草的研究与利用[J]. 杂粮作物, 2000, 20(4): 20 - 23.
- [5] Murty U R. Apomictic and sexual reproduction in sorghum[J]. Indian Genet Plant Breed, 1989, 39(2): 271 - 278.
- [6] 赵晓杰, 于卓, 刘永伟, 等. 高粱 314A、13A 与苏丹草杂种 F₁ 代的农艺特性及细胞学分析[J]. 西北植物学报, 2005, 25(6): 1107 - 1113.

- [7] 高士杰, 刘晓辉, 李继洪, 等. 我国粒用高粱育种现状、问题与对策[J]. 作物杂志, 2006, 3(4): 11 - 13.
- [8] 支中生, 张恩厚, 高卫华, 等. 苏丹草与高粱杂交后代特征及其主要经济性状[J]. 草地学报, 2002, 10(2): 144 - 150.
- [9] 杨小翠, 詹秋文, 刘言龙, 等. 苏丹草与高粱的判别分析和聚类分析[J]. 中国草地学报, 2016, 38(1): 41 - 46.
- [10] 柯梅, 朱昊, 梁维维, 等. 苏丹草农艺性状与产量、品质间的灰色关联度分析[J]. 草业科学, 2016, 33(5): 949 - 955.
- [11] 李陈建, 付彦博, 万江春, 等. 30 份苏丹草种质资源农艺性状的遗传多样性分析[J]. 草业科学, 2015, 32(1): 85 - 93.
- [12] 逯晓萍, 云锦凤, 肖宇红, 等. 高丹草(高粱 × 苏丹草)产量及其构成因素的 QTL 定位与分析[J]. 华北农学报, 2007, 22(4): 80 - 85.
- [13] 詹秋文, 林平, 李娣, 等. 高丹草重要农艺性状的遗传分析[J]. 南京农业大学学报, 2010, 33(3): 26 - 30.
- [14] 逯晓萍, 米福贵, 郭世华, 等. 高丹草(高粱 × 苏丹草)主要农艺性状的遗传参数研究[J]. 华北农学报, 2004, 19(3): 22 - 25.
- [15] 王建康, 盖钧铭. 数量性状主 - 多基因混合遗传的 P₁、P₂、F₁、F₂ 和 F_{2:3} 联合分析方法[J]. 作物学报, 1998, 24(6): 651 - 659.
- [16] 盖钧铭, 王建康. 利用回交或 F_{2:3} 家系世代鉴定数量性状主基因 - 多基因混合遗传模型[J]. 作物学报, 1998, 24(4): 402 - 409.
- [17] 王建康, 盖钧铭. 利用杂种 F₂ 世代鉴定数量性状主基因 - 多基因混合遗传模型并估计其遗传效应[J]. 遗传学报, 1997, 24(5): 432 - 440.
- [18] 盖钧铭, 章元明, 王建康. QTL 混合遗传模型扩展至 2 对主基因 + 多基因时的多世代联合分析[J]. 作物学报, 2000, 26(4): 385 - 391.
- [19] 章元明, 盖钧铭. 利用 DH 或 RIL 群体检测 QTL 体系并估计其遗传效应[J]. 遗传学报, 2000, 27(7): 634 - 640.
- [20] 章元明, 盖钧铭. 数量性状分离分析中分布参数估计的 IECM 算法[J]. 作物学报, 2000, 26(6): 699 - 706.
- [21] 盖钧铭. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J]. 遗传, 2005, 27(1): 130 - 136.
- [22] 孙守钧, 张云华, 马鸿图. 高粱旗叶鞘长及穗柄长的遗传研究[J]. 国外农业 - 杂粮作物, 1998, 18(6): 9 - 12.
- [23] 杜希朋, 闫媛媛, 刘伟华, 等. 蚂蚱麦 × 碧玉麦杂交 F₂ 代部分重要农艺性状的遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2011, 31(4): 624 - 629.
- [24] 管延安, 张华文, 樊庆琪, 等. 普通高粱与甜高粱杂交组合株高、糖度的主基因多基因模型遗传效应分析[J]. 核农学报, 2012, 26(1): 36 - 42.
- [25] 李延玲, 白晓倩, 于澎湃, 等. 高粱株行性状数量遗传分析[J]. 华北农学报, 2018, 33(1): 143 - 149.
- [26] 蒋峰, 刘鹏飞, 曾慕衡, 等. 甜玉米株高的多世代遗传分析与 QTL 定位[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2011, 39(3): 67 - 74.
- [27] 徐小万, 曾莉, 李颖, 等. 辣椒开花期的主基因 + 多基因遗传分析[J]. 生物数学学报, 2012, 27(4): 753 - 757.
- [28] 卢翔, 张锦鹏, 王化俊, 等. 小麦 - 冰草衍生后代 3558 - 2 穗部相关性状的遗传分析和 QTL 定位[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(1): 86 - 91.
- [29] 张安静, 张俊祖, 刘凤琴, 等. 超大穗小麦穗长和小穗数的配合力及遗传模型分析[J]. 麦类作物学报, 2006, 26(4): 41 - 43.