

忻梁 52×美引-251 杂交组合 F<sub>2</sub> 代群体产量性状遗传分析

谭燕, 康晨, 孙守钧\*, 罗峰\* (天津农学院农学与资源环境学院, 天津 300384)

**摘要** 将粒用高粱品种忻梁 52 和苏丹草品系美引-251 杂交, 对 F<sub>2</sub> 代群体的穗长、穗重、百粒重、着壳率通过主-多基因分析方法进行数量遗传分析, 得到最适遗传模型。结果表明, 穗长符合 Model A<sub>0</sub>, 是由微效多基因控制的数量遗传性状, 穗重、百粒重、着壳率均符合 Model B<sub>1</sub>, 且受两对主基因控制, 属于加性-显性-上位性混合遗传模型, 主基因遗传率分别为 66.81%、40.37%、89.11%, 由此可知穗重和着壳率遗传率较高, 受环境影响较小且可稳定遗传; 而百粒重遗传率较低, 所以该性状易受环境的影响, 应在高代进行选育。通过对群体各产量性状的测量和数据分析, 以及估算各性状主基因遗传率, 为今后高粱育种工作提供参考。

**关键词** 高粱; 产量性状; 主-多基因遗传分析; 主基因遗传率

中图分类号 S514 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2022)02-0026-04

doi: 10.3969/j.issn.0517-6611.2022.02.008



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

### Genetic Analysis of Yield Traits in F<sub>2</sub> Generation of Xinliang 52×Meiying-251 Hybrid Combination

TAN Yan, KANG Chen, SUN Shou-jun et al (College of Agronomy, Resources and Environment, Tianjin Agricultural University, Tianjin 300384)

**Abstract** Xinliang 52, a grain sorghum cultivar, was crossed with Meiying-251, a Sudanese grass strain. Quantitative genetic analysis of the panicle length, panicle weight, 100-grain weight and shelling rate of F<sub>2</sub> population were carried out by the method of principal-polygenic analysis, and the optimum genetic model was obtained. Results showed that panicle length accorded with Model A<sub>0</sub> and was a quantitative genetic trait controlled by micro-effective polygenes. Panicle weight, 100-grain weight and shelling rate all accorded with Model B<sub>1</sub>, and were controlled by two pairs of major genes. It belonged to additive-dominant-epistatic mixed genetic model. The heritability of the main gene was 66.81%, 40.37% and 89.11%, respectively, which indicated that the heritability of ear weight and shell percentage was higher, which was less affected by environmental factors and stable heredity; the heritability of 100-grain weight was lower, which indicated that the trait was susceptible to environmental impact and needed to be bred in higher generations. Through the measurement and data analysis of yield traits and the estimation of heritability of main genes of each trait, it could provide references for sorghum breeding in the future.

**Key words** Sorghum; Yield traits; Major-polygene genetic analysis; Major gene heritability

高粱是全球重要的粮食安全作物, 特别是在干旱和半干旱环境中<sup>[1]</sup>, 高粱产量具有很大的潜力性, 产量的增加能够促进高粱产业的快速发展和国民经济的提高<sup>[2]</sup>。穗长、穗重、百粒重等性状是高粱重要的产量性状, 直接影响产量的高低且均受基因遗传和环境影响。穗长是高粱的主要经济性状和产量水平的重要因素, 也是确定优良品种的一个重要指标, 对产量的形成有着重要作用。穗重和百粒重是衡量产量大小的重要指标, 是高粱增产的直接因素, 二者对产量具有较高的协作性。高粱颖壳不属于经济性状并且在生产上的作用不大, 但是在育种过程中发现, 着壳率与穗重、百粒重有密切的联系, 一个好的品种除了应具有高产和品质好的特点之外, 还必须具备较低的着壳率<sup>[3]</sup>。许多学者研究结果表明, 加性效应与非加性效应共同作用产量性状, 而其余性状则主要由加性效应占主导作用或者是非加性效应占主导地位。高粱是一种具有广泛用途的作物, 不仅产量高而且抗逆性强, 在我国农业生产中具有很大的发展空间<sup>[4]</sup>。因此, 提高高粱生产不仅能满足国内外市场需求, 还能增加农民收入。数量性状的研究前提是表型值分布必须符合正态分布, 才能进行参数估计、区间估计等<sup>[5]</sup>。近几年, 高粱在粮食、饲料、生物燃料等方面得到了重视, 但是产量改进落后于其他作物<sup>[6]</sup>; 国内外对高粱的研究多集中于农艺性状与产量关系

的分析研究, 仍需继续对产量进行更深入的研究, 从而促进高粱种植向高产方向发展, 提高种植效益。从高产到更高产的发展主要取决于产量构成因素的协调发展<sup>[7]</sup>。产量是高粱育种的关键, 产量性状是由多个基因控制的数量性状。而影响产量的因素又有很多, 如株高、叶夹角、分蘖、叶片数、叶长等。这些农艺性状间又相互制约, 某一性状的改变会直接引起另一性状的变化, 从而影响产量性状<sup>[8]</sup>。

鉴于此, 笔者将粒用高粱品种忻梁 52 和苏丹草品系美引-251 杂交, 对 F<sub>2</sub> 代群体的穗长、穗重、百粒重、着壳率通过主-多基因分析方法进行数量遗传分析, 得到最适遗传模型, 并进行遗传参数估计, 计算出主基因的遗传率, 为产量研究工作奠定基础。

#### 1 材料与方法

**1.1 试验材料** 该试验选用了 2 种亲本, 母本是国内复系材料忻梁 52, 其特点是有较高的植株, 披散的叶片, 较大的叶夹角; 父本是从美国普渡大学引进的恢复系材料引-251, 其特点是植株矮小和叶片上冲, 且具有较小叶夹角, 经手配杂交得到 F<sub>1</sub>, 再经过 F<sub>1</sub> 自交得到 424 株 F<sub>2</sub> 代分离群体为试验材料。

**1.2 测定方法** 对性状的测定要排除边际效应的影响, 小区两边的两行和每行两端的植株不进行性状测定, F<sub>2</sub> 群体需对单株进行各性状的测定。①穗长 (cm), 在完熟期, 用钢卷尺测定单株植株从穗顶部到穗基部的距离; ②穗重 (g), 在完熟期, 用电子天平称量植株穗部重量; ③百粒重 (g), 高粱收获后, 进行室内考种, 随机数取 100 粒高粱籽粒进行称重; ④着壳率 (%), 在随机挑选出的 100 粒高粱籽粒中, 继续挑选出

**基金项目** 国家公益性行业(农业)科研专项项目(201503134)。

**作者简介** 谭燕(1994—), 女, 硕士研究生, 研究方向: 饲用作物遗传改良。\*通信作者: 孙守钧, 教授, 博士, 从事饲用作物遗传改良研究; 罗峰, 副研究员, 硕士, 从事高粱遗传育种研究。孙守钧与罗峰为共同通信作者。

**收稿日期** 2021-05-06; **修回日期** 2021-05-17

带有颖壳的籽粒数,计算着壳率。为减小试验误差,该试验所测性状均进行3次重复。

**1.3 试验设计** 试验于2016年10月选取22个苏丹草品系,进行产量测定,选出与粒用高粱忻梁52差异最大的苏丹草品系美引-251;2016年12月,在海南省东黎族自治县利国镇官村进行亲本杂交,得到了杂交种,并进行加代繁殖。2017年5月,在天津市静海良种场播种亲本及F<sub>1</sub>,由于F<sub>1</sub>代正反交长势相同,因此排除细胞质遗传,对F<sub>1</sub>进行套袋,使其自交授粉,得到F<sub>2</sub>代杂交种。2017年11月,在海南省播种亲本F<sub>1</sub>、亲本F<sub>2</sub>,对F<sub>2</sub>代单株套袋,自交授粉。并在完熟期进行性状测定,取样,及时收获,将植株晾干,进行穗重称量、脱粒等。该试验所用材料在田间种植,均行长5m,行距0.5m,株距0.2m。田间管理同大田。

**1.4 数据处理** 采用Excel 2010和SPSS Statistics 19.0对田间调查所得的数据进行分析。利用盖钧镒等<sup>[8-9]</sup>提出的主-多基因遗传分析方法对各性状进行分析,初步得到各个性状的11个遗传模型,从中筛选出4个模型进行适合性检验,最后计算出相关性状的广义遗传率。

## 2 结果与分析

**2.1 高粱F<sub>2</sub>群体各产量性状相关性分析** 产量性状是由多个农艺性状共同作用<sup>[10]</sup>,高粱的产量受到多种因素影响,其中产量性状在研究高粱的产量时有重要的作用。高粱的穗长、穗重、百粒重直接影响高粱的产量。该试验所用F<sub>2</sub>代群体各产量性状相关性分析见表1。由表1可知,除了百粒重和着壳率外,穗长与穗重呈显著正相关,相关系数为0.593;穗重与百粒重呈显著正相关,相关系数为0.227,与着壳率呈显著负相关,相关系数为-0.184;百粒重与着壳率呈显著负相关,相关系数为-0.132;但着壳率无显著相关。

**2.2 高粱F<sub>2</sub>群体各产量性状表型分析** 从忻梁52×美引-251杂交F<sub>2</sub>代群体产量性状统计分析(表2)和F<sub>2</sub>群体产量性状频数分布(图1)中可以得出,每个性状都显示出连续的单峰(多峰)的正态(偏正态)分布,进一步证明了所研究的性状符合数量性状的遗传特征,表明这些性状是主-多基因控制的数量遗传性状。

表3 高粱穗长、穗重、百粒重、着壳率遗传模型的极大似然值和AIC值

Table 3 The likelihood maximum and AIC value of the genetic models of sorghum ear length, ear weight, 100-grain weight and shelling rate

模型 Model	穗长 Ear length		穗重 Ear weight		百粒重 100-grain weight		着壳率 Shelling rate	
	极大似然值 Likelihood maximum	AIC 值 AIC value						
model A_0	-1 215.076 29	2 434.152 59	-1 977.389 40	3 958.778 81	-279.346 86	562.693 73	-1 997.477 42	3 998.954 83
model A_1	-1 214.656 98	2 437.313 97	-1 950.326 90	3 908.653 81	-279.347 84	566.695 68	-1 997.469 85	4 000.939 70
model A_2	-1 215.078 36	2 436.156 74	-1 977.395 75	3 960.791 50	-279.350 34	564.700 68	-1 971.125 24	3 950.250 49
model A_3	-1 215.081 18	2 438.162 35	-1 977.390 63	3 962.781 25	-279.350 80	566.701 59	-1 997.481 20	4 002.962 40
model A_4	-1 214.656 86	2 437.313 72	-1 950.326 90	3 908.653 81	-279.347 08	566.694 15	-1 978.828 37	3 965.656 74
model B_1	-1 214.231 93	2 448.463 87	-1 938.868 41	3 897.736 82	-269.322 85	558.645 69	-1 941.936 52	3 903.873 05
model B_2	-1 214.657 23	2 441.314 45	-1 946.191 53	3 904.383 06	-279.347 44	570.694 80	1 971.125 12	3 954.250 24
model B_3	-1 215.080 93	2 438.161 87	-1 977.395 87	3 962.791 75	-279.350 77	566.701 54	-1 972.939 82	3 953.879 64
model B_4	-1 215.077 39	2 436.154 79	-1 977.393 31	3 960.786 62	-279.351 50	564.703 00	-1 997.472 53	4 000.945 07
model B_5	-1 215.082 28	2 438.164 55	-1 977.390 87	3 962.781 74	-279.351 56	566.703 13	-1 997.481 93	4 002.963 87
model B_6	-1 215.082 27	2 436.164 55	-1 977.390 99	3 960.781 98	-279.351 65	564.703 31	-1 997.481 93	4 000.963 87

表1 F<sub>2</sub>群体产量性状相关性分析

Table 1 Correlation analysis of yield traits of F<sub>2</sub> population

性状 Character	穗长 Ear length	穗重 Ear weight	百粒重 100-grain weight	着壳率 Shelling rate
穗长 Ear length	1			
穗重 Ear weight	0.593 **	1		
百粒重 100-grain weight	0.089	0.227 **	1	
着壳率 Shelling rate	-0.088	-0.148 **	-0.132 **	1

注: \*\*表示在0.01水平(双侧)上极显著相关

Note: \*\* indicated extremely significant correlation at 0.01 level (bilateral)

表2 F<sub>2</sub>群体产量性状统计分析

Table 2 Statistical analysis of yield characters of F<sub>2</sub> population

项目 Item	穗长 Ear length cm	穗重 Ear weight g	百粒重 100-grain weight//g	着壳率 Shelling rate//%
均值 Mean	26.84	50.28	2.85	42.51
标准差 Standard deviation	4.25	25.68	0.46	26.98
方差 Variance	18.10	659.70	0.21	727.66
偏度 Skewness	0.12	1.06	0.23	0.22
峰度 Kurtosis	0.47	1.29	5.94	-1.16
极小值 Minimum value	12.00	5.17	0.77	0
极大值 Maximum value	42.60	147.28	5.67	100

**2.3 遗传模型的选择** 利用主+多基因混合遗传模型的F<sub>2</sub>单世代分析方法,对各个性状进行遗传分析,极大似然值和AIC值见表3,根据AIC最小准则选出4个备选模型,并通过适合性检验方法确定各性状最优模型。

**2.4 遗传模型检验** 模型检测结果见4,从4个候选模型中进行选择,检验每种方法的统计量,检验达到显著性水平是一种性状的最适的遗传模型。如果4个候选模型中有2个或更多个达到相同的显著性水平,则基于最小AIC值的原理,该性状的最合适的遗传模型选择具有最小AIC值的模型(该试验的4个性状都采用该研究方法)。

在穗长4种备选模型中,Dn达到显著水平(P<0.05),nW<sup>2</sup>和U<sub>1</sub><sup>2</sup>、U<sub>2</sub><sup>2</sup>、U<sub>3</sub><sup>2</sup>检验均未达到显著水平,并且model A\_0的AIC值最小,所以,将model A\_0作为该群体穗长性状的最适遗传模型,所以穗长是无主基因控制,而是由微效多基因控制遗传的数量性状。

在穗重的4种备选模型中,Dn均达到显著水平( $P < 0.05$ ), $nW^2$  model B\_2达到显著水平, $U_1^2$ 中 model B\_2达到显著水平, $U_2^2$ 中 model B\_1达到显著水平,但是 model B\_1

的AIC值最小,因而将 model B\_1作为该群体穗重的最适遗传模型,穗重是2对主基因控制,为加性-显性-上位性的混合遗传模型。

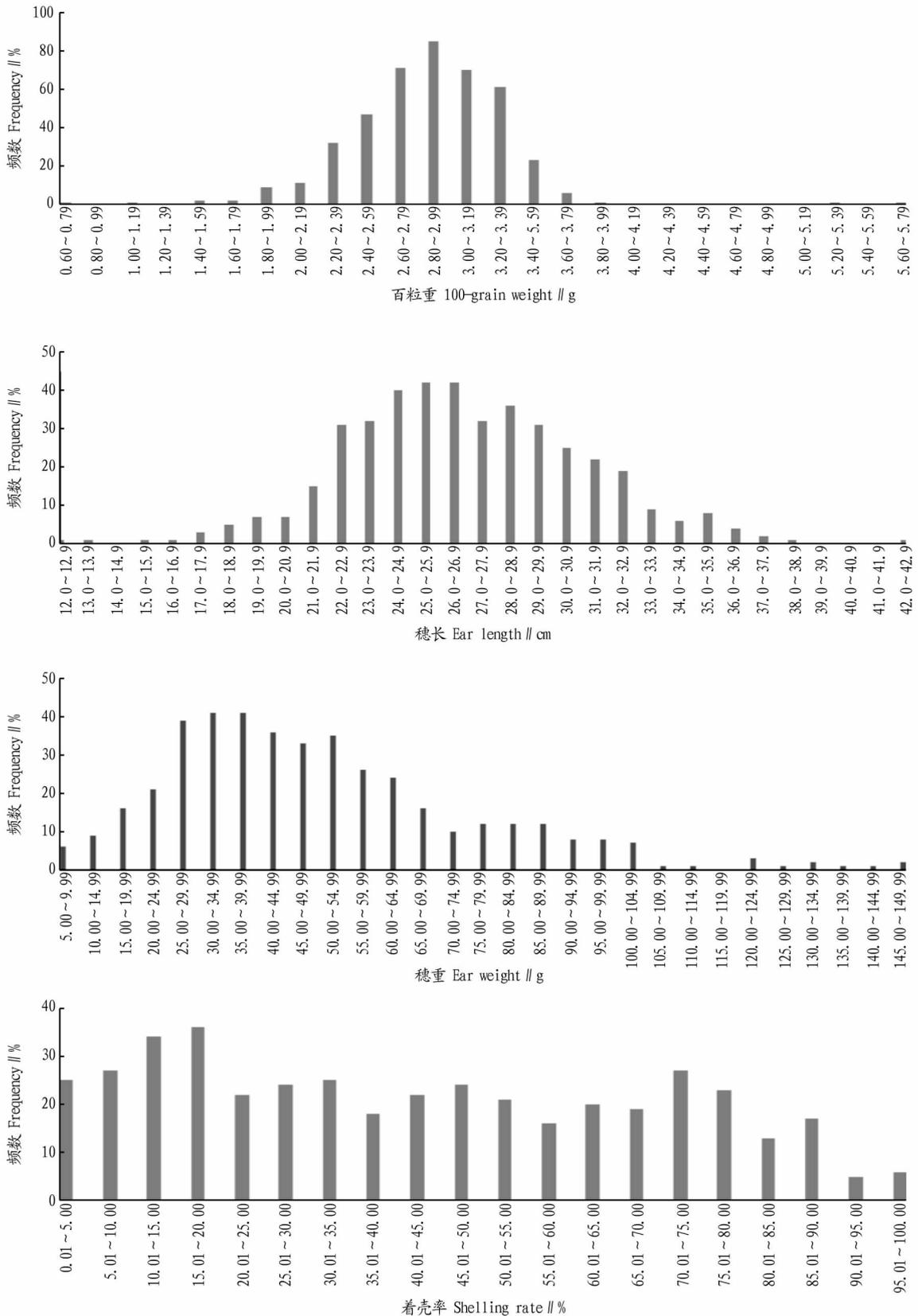


图1  $F_2$  群体产量性状频数分布

Fig.1 Frequency distribution of yield traits of  $F_2$  population

表 4 高粱各产量性状备选模型的适合性检验

Table 4 Fitness test of alternative models for sorghum yield traits

产量性状 Yield character	模型 Model	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	$nW^2$	Dn
穗长 Ear length	model A_0	0.103(0.748 0)	0.190(0.663 0)	0.248(0.618 3)	0.102 7(>0.05)	0.036 8(<0.05)
	model B_4	0.104(0.747 3)	0.184(0.667 9)	0.220(0.639 2)	0.102 2(>0.05)	0.036 9(<0.05)
	model A_2	0.104(0.747 3)	0.184(0.667 8)	0.220(0.639 1)	0.102 2(>0.05)	0.036 9(<0.05)
	model B_6	0.105(0.746 3)	0.185(0.667 0)	0.219(0.639 6)	0.102 5(>0.05)	0.036 9(<0.05)
穗重 Ear weight	model B_1	0.063(0.802 3)	0.006(0.939 6)	0.445(0.505 0)	0.072 9(>0.05)	0.034 7(<0.05)
	model B_2	0.006(0.937 4)	0.110(0.740 1)	1.046(0.306 4)	0.044 8(<0.05)	0.030 0(<0.05)
	model A_1	0.157(0.691 9)	0.360(0.548 3)	0.751(0.386 1)	0.071 2(>0.05)	0.025 9(<0.05)
	model A_4	0.157(0.692 1)	0.360(0.548 6)	0.750(0.386 6)	0.071 2(>0.05)	0.025 9(<0.05)
百粒重 100-grain weight	model B_1	0.015(0.902 6)	0.088(0.766 5)	2.761(0.096 6)	0.095 5(>0.05)	0.042 2(<0.05)
	model A_0	0.307(0.579 4)	0.071(0.789 4)	10.336(0.001 3)	0.355 4(<0.05)	0.055 4(>0.05)
	model A_2	0.309(0.578 6)	0.067(0.795 7)	10.156(0.001 4)	0.351 5(<0.05)	0.055 1(>0.05)
	model B_4	0.309(0.578 6)	0.067(0.795 8)	10.156(0.001 4)	0.351 5(<0.05)	0.055 1(>0.05)
着壳率 Shelling rate	model B_1	0.002(0.966 3)	0.000(0.992 9)	0.040(0.842 3)	0.013 2(<0.05)	0.019 3(<0.05)
	model A_1	0.042(0.837 8)	0.003(0.958 0)	0.339(0.560 5)	0.145 9(>0.05)	0.041 5(<0.05)
	model B_3	0.025(0.875 3)	0.006(0.937 3)	0.086(0.769 3)	0.118 5(>0.05)	0.046 9(<0.05)
	model B_2	0.042(0.837 8)	0.003(0.958 1)	0.339(0.560 2)	0.145 9(>0.05)	0.041 5(<0.05)

在百粒重的 4 种备选模型中, Dn 达到显著水平,  $nW^2$  在 4 种备选模型中, model A\_0、model A\_2、model B\_4 均达到显著水平 ( $P < 0.05$ ), 且在  $U_1^2$  中 model B\_1 达到显著水平, 最适备选模型中 model B\_1 的 AIC 值最小, 因而将 model B\_1 作为该群体百粒重性状的最适遗传模型。

在着壳率的 4 种备选模型中,  $U_1^2$ 、 $U_2^2$  均达到显著水平,  $U_3^2$  中只有 model B\_1 达到显著水平; Dn 检验均达到显著水平 ( $P < 0.05$ ),  $nW^2$  只有 model B\_1 达到显著水平, 且 AIC 值最小, 因而将 model B\_1 模型作为该群体着壳率性状的最适遗传模型。

传模型。

**2.5 遗传参数估计** 根据最适遗传模型和 IECM 估计方法, 估计不同群体的各个性状的遗传参数 (表 5)。

穗重遗传符合 model B\_1, 为加性-显性-上位性混合遗传模型。从表 5 可以得出, 穗重的平均值  $m$  为 59.093 15, 控制穗重的 2 对主基因的加性效应之和为 36.375 64, 显性效应之和为 -16.423 65, 加性效应显著大于显性效应, 这说明控制穗重性状的 2 对主基因以加性效应为主, 主基因的遗传率为 66.81%。

表 5 高粱各产量性状遗传参数估计

Table 5 Genetic parameter estimation of sorghum yield traits

遗传参数 Genetic parameter	一阶遗传参数 First order genetic parameters									二阶遗传参数 Second order genetic parameters		
	$m$	$d_a$	$d_b$	$h_a$	$h_b$	$i$	$j_{ab}$	$j_{ba}$	$I$	$\delta_{mg}^2$	$\delta_{pg}^2$	$h_{mg}^2$
穗重 B-1 Ear weight B-1	59.093 15	18.474 65	17.900 99	-18.244 40	1.820 77	17.872 59	1.825 94	-17.751 58	-1.877 55	440.740 0	659.703 0	66.81
百粒重 B-1 100-grain weight B-1	2.776 00	0.406 83	0.406 75	0.091 03	0.090 96	-0.091 03	-0.406 64	-0.406 71	-0.090 95	0.086 4	0.214 0	40.37
着壳率 B-1 Shelling rate B-1	45.957 99	31.324 12	3.968 46	-8.386 52	0.329 76	3.968 46	0.329 76	18.969 14	2.607 85	648.410 0	727.664 0	89.11

注:  $m$ . 群体均方;  $d_a$ . 主基因  $a$  的加性效应;  $d_b$ . 主基因  $b$  的加性效应;  $h_a$ . 主基因  $a$  的显性效应;  $h_b$ . 主基因  $b$  的显性效应;  $i$ . 2 个主基因的加×加效应;  $j_{ab}$ . 加性(a)×显性(b);  $j_{ba}$ . 加性(b)×显性(a);  $I$ . 2 个主基因的显×显效应;  $\delta_{mg}^2$ . 遗传方差;  $\delta_{pg}^2$ . 表型方差;  $h_{mg}^2$ . 遗传率

Note:  $m$ . Population mean square;  $d_a$ . Additive effects of major gene  $a$ ;  $d_b$ . Additive effects of major gene  $b$ ;  $h_a$ . Dominant effects of major gene  $a$ ;  $h_b$ . Dominant effects of major gene  $b$ ;  $i$ . Additive × additive effects of two major genes;  $j_{ab}$ . Additive effects (a) × dominant effects;  $j_{ba}$ . Additive effects (b) × dominant effects (a);  $I$ . Dominant effects × dominant effects of two major genes;  $\delta_{mg}^2$ . genetic variance;  $\delta_{pg}^2$ . phenotypic variance;  $h_{mg}^2$ . Heritability

百粒重符合 model B\_1, 百粒重的平均值为 2.776 00, 控制粒重的 2 对主基因的加性效应之和为 0.813 59, 显性效应之和为 1.000 63。显性效应明显大于加性效应, 说明控制该群体粒重的 2 对主基因以显性效应为主。主基因遗传率为 40.37%。

着壳率符合 model B\_1 模型, 且 F<sub>2</sub> 群体的分离符合加性-显性-上位性的混合遗传模型。着壳率的平均值为 45.957 99, 控制着壳率的 2 对主基因的加性效应之和为 35.292 58, 显性效应之和为 8.056 76。加性效应明显大于显性效应, 说明控制该群体粒重的 2 对主基因以加性效应为

主, 主基因遗传率为 89.11%。

### 3 结论

该试验通过了主-多基因遗传分析法将忻梁 52 与美引-251 杂交得到 F<sub>1</sub>, 再通过 F<sub>1</sub> 自交得到 424 株 F<sub>2</sub> 代分离群体为试验材料进行了遗传分析。穗长与穗重呈极显著正相关, 穗重与百粒重呈极显著正相关, 与着壳率呈极显著负相关, 百粒重与着壳率呈极显著负相关。试验结果为穗长符合 model A\_0, 该结果符合孙贵荒等<sup>[11]</sup>对穗长的研究, 属于微效多基因控制的数量性状遗传, 不能计算该性状主基因遗传

(下转第 41 页)

叶片成熟区域变化可以反映叶片颜色变化情况。该试验结果表明,随着采收时间延长,烟叶叶绿素含量逐渐降低,烟叶叶片成熟区域从以尚熟区域为主转变为以适熟区域为主,这与陈梦思等<sup>[11]</sup>对不同成熟度烟叶颜色变化的研究结果基本一致。云烟 116 的叶片成熟区域转变速度明显高于云烟 87,与实际大田采收过程中云烟 116 较云烟 87 耐熟性差这一现象相符,因此叶片成熟区域转变速度可以作为判断烟叶采收时间的依据之一。

烟叶叶形是烟叶生长发育的重要指标<sup>[12-13]</sup>,对于烟叶烘烤过程中水分扩散和对热交换有重要影响<sup>[14]</sup>,叶长是烤后烟叶评级的重要指标。试验结果表明,随着采收时间延长,烟叶的叶长和叶宽整体呈增加趋势,在烟叶达到成熟后,两者有减小的趋势,烟叶的长宽比、叶宽最大处占叶长的比例与烟叶叶长显著相关。采收时间对于烟叶的叶形特征具有显著影响。

综合分析不同采收时间对云烟 116 和云烟 87 烟叶的 SPAD 值、叶片成熟区域和叶形的影响,下部叶在打顶后 24~31 d 采收,中部叶在打顶后 32~39 d 采收,上部叶在打顶后 47~54 d 采收,烟叶的外观特征更符合优质烟叶标准。该研究对云烟 116 和云烟 87 发育正常的烟株进行试验,对因气候、地形等因素导致发育异常的烟株还需进一步进行研究。

(上接第 29 页)

率。穗重符合 model B<sub>1</sub>,该结果与孙海艳等<sup>[12]</sup>在玉米中的研究结果不一致,原因可能是所用材料不同。且受到 2 对主基因控制,为加性-显性-上位性的混合遗传模型,穗重的 2 对主基因以加性效应为主,主基因的遗传率为 66.81%;粒重符合 model B<sub>1</sub>,这与孙海艳等<sup>[12]</sup>在玉米中的研究结果一致,且 F<sub>2</sub> 群体的分离符合加性-显性的混合遗传模型。控制该群体粒重的 2 对主基因以显性效应为主,主基因遗传率为 40.37%。着壳率符合 model B<sub>1</sub>,受到 2 对主基因控制,且 F<sub>2</sub> 群体的分离符合加性-显性的混合遗传模型,主基因遗传率为 89.11%,其遗传率较高,说明后代能够稳定遗传。

#### 4 讨论

产量性状是由多个农艺性状共同作用的数量性状,环境因素和遗传因素均会影响产量,因此在研究过程中不能忽视其他性状对产量的影响<sup>[13]</sup>。在提高高粱产量方面要控制穗重在环境中所受到的影响,通过提高穗重来提高产量。同时随外界条件不同而变化的穗重,会影响到籽粒重量的百分比<sup>[14]</sup>。着壳率高,难以进行脱壳且其遗传率较高,因此在自然遗传的基础上,进行降低着壳率的长期人工选择<sup>[15]</sup>。影响着壳率的遗传因素与穗部性状相关,但该试验未涉及。因此,在今后的研究过程中,应该采用多环境试验来降低环境对产量造成影响的差异。

#### 参考文献

[1] ABDELHALIM T S, KAMAL N M, HASSAN A B. Nutritional potential of

#### 参考文献

- [1] 曾建敏, 姚恒, 李天福, 等. 烤烟叶片叶绿素含量的测定及其与 SPAD 值的关系[J]. 分子植物育种, 2009, 7(1): 56-62.
- [2] 徐照丽, 李天福. SPAD-502 叶绿素仪在烤烟生产中的应用研究[J]. 贵州农业科学, 2006, 34(4): 23-24.
- [3] 汤朝起, 刘伟, 潘红源, 等. 烤烟外观质量的评价延伸指标与内在品质的关系[J]. 烟草科技, 2011, 44(9): 71-74.
- [4] 顾毓敏, 程森, 竇玉青, 等. 云南宣威初烤烟叶叶形特征与内在品质的关系研究[J]. 中国烟草科学, 2011, 32(4): 6-9, 13.
- [5] 官长荣. 烟草调制学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003: 122.
- [6] 李光雄, 李晓强, 于海顺, 等. 不同成熟度对烟叶内在质量的影响[J]. 延边大学学报, 2012, 34(2): 147-151, 161.
- [7] 赵铭钦, 苏长涛, 姬小明, 等. 不同成熟度对烤后烟叶物理性状、化学成分和中性香气成分的影响[J]. 华北农学报, 2008, 23(3): 146-150.
- [8] 韩殿元, 黄心渊, 付慧. 基于彩色通道相似性图像分割方法的植物叶面积计算[J]. 农业工程学报, 2012, 28(6): 179-183.
- [9] 李旭华, 扈强, 潘义宏, 等. 不同成熟度烟叶叶绿素含量及其与 SPAD 值的相关分析[J]. 河南农业科学, 2014, 43(3): 47-52, 58.
- [10] 李佛琳, 赵春江, 刘良云, 等. 烤烟鲜烟叶成熟度的量化[J]. 烟草科技, 2007, 40(1): 54-58.
- [11] 陈梦思, 安然, 单雪华, 等. 不同采收时间对 HN2146 烤烟田间烟叶外观特征和烘烤质量的影响[J]. 现代农业科技, 2020(7): 1-5, 8.
- [12] 周世奇, 罗琳, 程立锐, 等. 烟草航天诱变体叶形遗传分析及基因定位[J]. 分子植物育种, 2021, 19(2): 584-590.
- [13] 苏行健, 陈世辉, 李晶晶, 等. 较低风速下构树叶的热交换效应[J]. 江苏农业学报, 2020, 36(4): 868-874.
- [14] 孙福山, 陈江华, 刘建利. 烟叶收购质量现状与改善等级结构技术探讨[J]. 中国烟草学报, 2002, 8(2): 29-33.
- [15] wild sorghum: Grain quality of Sudanese wild sorghum genotypes (*Sorghum bicolor* L. Moench)[J]. Food science & nutrition, 2019, 7(4): 1529-1539.
- [2] 卢峰, 邹剑秋, 王艳秋, 等. 高粱杂交种产量及其重要农艺性状间的关系分析[J]. 杂粮作物, 2007, 27(6): 391-396.
- [3] 李树华, 张文杰, 白海波, 等. 春小麦穗部性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 中国农学通报, 2017, 33(6): 20-26.
- [4] 李嵩博, 唐朝臣, 陈峰, 等. 中国粒用高粱改良品种的产量和品质性状时空变化[J]. 中国农业科学, 2018, 51(2): 246-256.
- [5] 王贵学, 邱厥. 从小麦数量性状的表型值分布看正态性检验的必要性——几种正态性检验方法的比较[J]. 西南农业学报, 1990, 3(2): 33-38.
- [6] 柯福来, 朱凯, 石永顺, 等. 粒用高粱超高产群体的产量构成分析[J]. 辽宁农业科学, 2014(1): 28-30.
- [7] 仪治本, 梁小红. 高粱数量性状的多元遗传分析[J]. 华北农学报, 2002, 17(3): 52-58.
- [8] 盖钧镒. 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.
- [9] SHEHZAD T, OKUNO K. QTL mapping for yield and yield-contributing traits in sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) with genome-based SSR markers[J]. Euphytica, 2015, 203: 17-31.
- [10] 杨珍, 李斌, 赵军, 等. 甜高粱主要农艺性状与产量相关和通径分析[J]. 中国糖料, 2018, 40(4): 16-19.
- [11] 孙贵荒, 陈悦, 杨晓光, 等. 高粱产量、株高和穗长的遗传研究[J]. 辽宁农业科学, 1995(3): 16-20.
- [12] 孙海艳, 徐德林, 蔡一林, 等. 玉米穗部性状的多世代联合遗传分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(6): 1005-1010.
- [13] 梁晓玲, 阿布来提, 冯国俊, 等. 玉米杂交种的产量比较及主要农艺性状的相关和通径分析[J]. 玉米科学, 2001, 9(1): 16-20.
- [14] 郭有. 间接测定高粱穗粒重的方法[J]. 国外农业-杂粮作物, 1981(2): 45.
- [15] 李汝玉, 谭振新, 刘海军. 山东省高粱地方品种护颖的形态变异与演化[J]. 作物品种资源, 1996(3): 37-38.