

高粱杂交二代生育期遗传特性的研究*

杨 伟 光

(吉林省农科院作物所)

摘 要

本文对中国高粱杂交 F_2 代生育期遗传特性进行了研究。结果表明, 中国高粱生育期遗传为数量性状遗传, 双亲生育期的表现支配 F_2 代生育期的表现。以中亲值来预测杂交 F_2 代生育期均值, 可以掌握 F_2 代群体中个体出现最多的生育日期。以双亲生育期差异来预测 F_2 代群体分离幅度, 可以掌握 F_2 代变异大小, 这对制订育种计划将有裨益。对于其它数量性状是否亦采用这种方法有待于进一步研究。本研究结果还表明, 在长期的选优淘劣的作用下, 地方品种早熟性基因占优势, 有利于北方早熟性育种。

早熟性是北方早熟高粱区主要育种目标之一。生产实践表明, 优良品种或杂交种不仅要高产, 而且生育期应适宜。因此开展高粱生育期的遗传研究, 对该地区的育种工作有指导意义。本世纪30年代Quinby等, 以迈罗高粱为试材, 对高粱生育期进行了广泛而深入的研究。结果表明, 高粱生育期为数量性状, 其遗传较为简单, 并认为有3个独立遗传基因控制迈罗高粱的生育期。之后又发现第4个熟性基因, 以及提出复等位基因假说^[1, 2]。关于中国高粱生育期的遗传研究甚少, 本文拟就地方品种 F_2 代生育期遗传特性作一简述。

材 料 和 方 法

试验材料为东北三省10个比较典型的早熟、中熟、晚熟地方品种。1986年按早×早(克山大粒红×大蛇眼)、早×中(克恢10号×护22号)、早×晚(合江红1号×小黄壳)、中×中(大红壳×护22号)、中×晚(大粒2号×关东青)、晚×晚(关东青×熊岳253号)组配方式配制6个杂交组合。1986年冬在海南岛培育 F_2 代。1987年在本院试验圃将每个组合的 P_1 、 P_2 及 F_2 随机区组排列, 3次重复。 P_1 、 P_2 2行区, F_2 8行区。行长4.5m, 行株距60×20cm。调查按单株进行。以播种至出穗期天数为生育期指标。

结 果 与 分 析

(一) 亲本与杂交 F_2 代生育期的关系

研究结果表明, 6个杂交组合中, F_2 代生育期均值均介于双亲之间。即 F_2 代生育期的表现取决于双亲生育期的表现(见表1)。为进一步证实这种关系的存在, 就双亲及其均值(中亲值)的生育期与 F_2 代生育期的关系进行了相关和回归分析(见表2)结果表明, 两个亲本及中亲值的生育期均与 F_2 代生育期呈显著或极显著的正相关。说明亲本与杂交 F_2 代的生育期亦为从属关系。

杂交 F_2 代生育期基本没有超亲现象, 但多数组合倾向早熟亲本。6个组合中有5个

*本文承蒙李公德研究员指导, 王方副研究员, 高士杰助理研究员审阅, 谨此致谢。

组合表现负向优势，占组合总数的83.3%。假若生育期表现为数量性状遗传，基因效应表

表 1

亲本及F₂代生育期的表现

| 组 合 项 目 | 早×早 | 早×中 | 早×晚 | 中×中 | 中×晚 | 晚×晚 |
|--------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|------------------|
| $\bar{P}_1 \pm S$ | 78.9± 1.9679 | 79.1± 1.5883 | 80.7± 1.4043 | 83.8± 1.4463 | 92.8± 2.1925 | 93.1± 2.0766 |
| $\bar{P}_2 \pm S$ | 80.5± 1.4070 | 85.4± 1.1485 | 98.2± 1.5493 | 80.5± 1.0241 | 95.2± 2.1773 | 100.3± 1.7048 |
| MP | 79.7 | 82.3 | 89.5 | 84.4 | 94.0 | 96.7 |
| $\bar{F}_2 \pm S$ | 79.5± 2.9078 | 83.1± 2.5640 | 87.2± 3.3988 | 84.3± 1.7576 | 93.2± 3.4621 | 95.8± 3.2877 |
| F ₂ -MP | -0.2 | 0.8 | -2.3 | -0.1 | -0.8 | -1.1 |

注: \bar{P}_1 、 \bar{P}_2 、 \bar{F}_2 及MP分别为亲本1、亲本2、F₂代及双亲平均值。下同。

表 2 双亲生育期及其中亲值与F₂代生育期的相关回归

| 项 目 | 相关系数 | 回 归 方 程 |
|----------------------------|----------|-----------------------|
| $\bar{P}_1 \sim \bar{F}_2$ | 0.9281** | $y = 13.52 + 0.8689x$ |
| $\bar{P}_2 \sim \bar{F}_2$ | 0.8896* | $y = 26.01 + 0.6735x$ |
| MP~F ₂ | 0.9906* | $y = 7.55 + 0.9039x$ |

R₁ 0.95=0.311 R₂ 0.01=0.917

表 2 还表明，在F₂代生育期均值与双亲及中亲值生育期的关系中，以与中亲值的相关系数最大。因而可以用中亲值来预测F₂代生育期均值，这为更好地掌握杂交F₂代个体出现最多的生育日期提供可能。从回归方程 $y = 7.55 + 0.9069x$ 可知，当中亲值增减 10 天，F₂代生育期将平均变化 9 天左右。

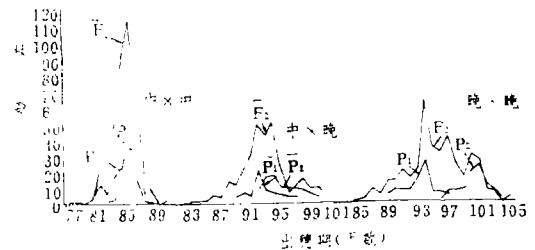
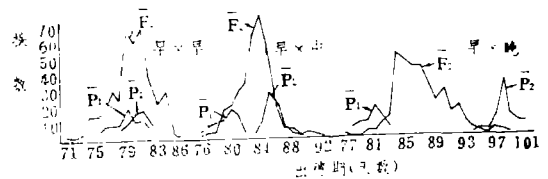
(二) 杂交F₂代生育期分布特点

点

1. 亲本及杂交F₂代出穗期的次数分布

将杂交F₂代出穗期的次数分布绘制出次数分布图。从图看出，6个杂交组合F₂代生育期均呈连续性的常态分布，可见中国高粱生育期的遗传是受微效多基因控制的数量性状遗传，基因效应表现为累加

现为累加性，那么可认为大多数组合早熟性基因占优势，这有利于北方早熟性育种。从F₂代生育期均值与亲本1、亲本2的相关分析可知，亲本1（倾向早熟）与F₂代生育期的相关性比亲本2（倾向晚熟）强。前者相关系数为0.9281，达极显著水准；后者相关系数为0.8896，在0.05水准上显著（见表2）。进一步表明早熟性基因较晚熟性基因占优势。



6个杂交组合F₂代生育期的数次分布图

性。

2. 双亲生育期差异对F₂代生育期分布的影响

(1) 双亲生育期差异与F₂代生育期类型的关系。双亲生育期差异对F₂代生育期分布类型的影响列于表3。由表3可知, 双亲生育期差异越小, 出现超亲类型越多, 而介于双亲之间类型越少, 双亲生育期差异越大, 出现超亲类型越少, 而介于双亲之间的则越多。在早×早、中×中、中×晚3个杂交组合中, 双亲生育期分别相差1.6天, 1.3天和2.4天。出现超亲类型分别为68.2% (超早亲27.8%, 超晚亲40.4%), 49.9% (超早亲28.5%, 超晚亲21.4%), 63.7% (超早亲44.4%, 超晚亲19.3%)。而早×晚组合, 双亲生育期差异最大(17.5天), 出现超亲类型仅为1.2% (超早亲0.9%, 超晚亲1.3%), 而介于双亲类型达98.8%。(2) 双亲生育期差异对F₂代生育期分布范围的影响。相关

表3 双亲生育期差异对F₂代生育期分布类型的影响

| 组 合 | 双亲生育期 差异(天数) | F ₂ 代不同分布类型 | | |
|-----|-----------------|------------------------|---------------|------------|
| | | 超早亲 (%) | 介于双亲之间 (%) | 超晚亲 (%) |
| 早×早 | 1.6 | 27.8 | 31.8 | 40.4 |
| 早×中 | 6.3 | 8.5 | 80.5 | 11.0 |
| 早×晚 | 17.5 | 0.6 | 98.8 | 0.3 |
| 中×中 | 1.3 | 28.5 | 50.1 | 21.4 |
| 中×晚 | 2.4 | 44.4 | 36.3 | 19.3 |
| 晚×晚 | 7.2 | 26.0 | 63.2 | 10.8 |

分析表明, F₂代生育期分布范围与双亲生育期差异呈正相关, 相关系数为0.8098,

基本达到显著水准。说明双亲生育期差异越大, F₂代分布也就越广泛。由回归方程 $y = 14.29 + 0.4754x$ 可知, 当双亲生育期差异增减10天时, F₂代生育期分布幅度将变化5天左右(见表4)。从这些结果可知, 通过双亲生育期差异便可对F₂代生育期分布范围有所了解, 以便更切实地把握后代群体变化规律。

表4 双亲生育期差异与F₂代生育期分布范围的关系

| 项 目 | 早×早 | 早×中 | 早×晚 | 中×中 | 中×晚 | 晚×晚 |
|--------------------------|-----------------------|-----|------|-----|-----|-----|
| 双亲差异(天数) | 1.6 | 6.3 | 17.5 | 1.3 | 2.4 | 7.2 |
| F ₂ 代分布范围(天数) | 15 | 16 | 22 | 12 | 18 | 20 |
| 相关系数 | $r = 0.8098^*$ | | | | | |
| 回归方程 | $y = 14.29 + 0.4754x$ | | | | | |

讨 论

(一) 如何把握数量性状F₂代群体特征

杂交F₂代是分离最广泛, 出现类型最多的世代, 可为品种或杂交亲本的选育提供丰富的材料。掌握F₂代分离特征对后代的选择有所裨益。前人研究表明, 高粱株高、穗粒数、穗粒重和千粒重等性状是受微效多基因控制的数量性状。数量性状一个基本特征是F₂代群体呈连续的常态分布。这种常态分布特点主要表现在群体分布范围(即“宽度”)和最大分布密度(即平均值附近)这两方面。了解了这两方面, 也就把握了整个F₂代群体。本研究结果表明, 高粱生育期与株高、产量因素等性状一样, 为数量性状。并且双亲生育期

均值（中亲值）与 F_2 代生育期均值呈极显著正相关。这种密切关系表明，通过中亲值可预测 F_2 代群体均值。从所预测的 F_2 代生育期群体理论均值与实际均值没多大差异，适合性检验概率大于0.995（见表5），进一步说明这种预测是切实可靠的。

表5 双亲生育期均值与 F_2 代生育期均值适合性检验

| 杂交组合 | 早×早 | 早×中 | 早×晚 | 中×中 | 中×晚 | 晚×晚 |
|------|------|------|------|------|------|------|
| 理论值 | 79.8 | 82.2 | 88.7 | 84.1 | 92.8 | 95.2 |
| 实际值 | 79.5 | 83.1 | 87.2 | 84.3 | 93.2 | 96.7 |

卡平方值: 0.93219, 概率: >0.995

表6 双亲生育期差异与 F_2 代分离范围适合性检验

| 杂交组合 | 早×早 | 早×中 | 早×晚 | 中×中 | 中×晚 | 晚×晚 |
|------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 理论值 | 15.05 | 17.29 | 22.61 | 14.91 | 15.43 | 17.71 |
| 实际值 | 15.00 | 16.00 | 22.00 | 12.00 | 18.00 | 20.00 |

卡平方值: 1.405, 概率: 0.900—0.95

高粱至少已有4000—5000年悠久栽培历史⁽³⁾。在长期自然选择和人工选择作用下，保留了有利于高粱自身生长的特征特性。在北方，由于春季长日照及无霜期较短等气候特点，使高粱中晚熟性个体被淘汰，而早熟性个体被保留下来。在这样条件下所形成的地方品种，早熟性基因要多些。由于生育期基因效应表现为累加性，使杂交 F_2 代早熟性基因占优势，这对早熟性育种较有利。因此在进行早熟性育种时，充分利用本地资源是必要的。

参 考 文 献

- 【1】Quinby, J.R. and R. Ekarte, The inheritance of three genes that influence time of floral initiation and maturity date in Milo, J. Amer. Soc. Agron. 1945, 37: 916—936.
- 【2】Quinby, J.R. Sorghum improvement and the genetics of growth, Texas A and M Univ. press. 1974.
- 【3】王富德、廖嘉玲: 中国高粱起源与进化浅析, 《辽宁农业科学》, 1981, 4: 25—26.

另一方面，本研究认为可通过双亲间性状的差异对 F_2 代群体分离宽度进行估量。双亲间性状差异越大， F_2 代分离宽度亦越大，这已为众所周知的事实。那么两亲间性状差异与 F_2 代分离宽度有无必然的联系，从本试验结果来看答案是肯定的。卡平方分析表明，理论值与实际值较适合，概率在0.95—0.90之间（见表6）。这表明以双亲间性状差异程度可知 F_2 代分离广泛程度。其它数量性状是否亦采用这种方法有待于进一步研究。因此在制定育种计划时，应对亲本有全面的了解，掌握了亲本亦即了解了 F_2 代群体特征。

(二) 关于早熟性基因占优势问题

有关中国高粱起源尚有争论，但中国

THE HEREDITARY CHARACTER OF GROWTH PERIOD IN SORGHUM F₂ GENERATION

Yang Wei Guang

(*Crops Breeding Institute, Jilin Academy of
Agricultural Sciences*)

ABSTRACT

The hereditary character of the growth period in F₂ of Chinese sorghum was studied. Results indicated that the heredity of growth period in F₂ was quantitative inheritance. The expression of the trait in F₂ was mainly determined by the parents. By using the mid-parents value to predict the mean value of the trait in F₂, it promised to know the exhibition period of most individualities in the F₂ population; while according to the difference of growth period between parents the deviation range of the trait in F₂ could be predicted, and the variation of the trait in F₂ could be calculated. These would be beneficial for design of breeding programme. Whether the research method also fit to other quantitative traits test should be further studied.

The results also showed that the predominance of earlier maturation genes was presented in local Sorghum varieties, due to the effects of continuous selection. It may be important to the northern region breeding programs for earlier maturation breeding object.