

# 高粱穗结构性状的遗传研究

高士杰

(吉林省农业科学院作物所)

## 摘 要

本文用 $5 \times 5$ 全互交(格里芬方法I)资料,分析了高粱穗长、一级枝梗数、穗轴长等3个性状的数量遗传学特征。结果表明,3个性状的遗传符合加性-显性模型。基因分布是不均衡的。机收3A和3092A含有较多的显性基因。

提高高粱子粒产量是高粱育种的主要目标。大量研究证明,高粱产量优势的提高,主要是穗粒数优势的增加。穗的长短、分枝的多少直接影响穗粒数的增减。因此,研究穗结构性状的遗传特性对提高子粒产量具有理论和实践意义。一些学者研究了穗部性状与产量的相关,但对穗结构性状的遗传研究较少。一般认为穗结构性状是数量性状,良好的穗结构具有较高的产量潜力。本试验的目的是分析有关高粱穗结构性状的遗传特性,为育种工作者提供遗传信息以及亲本选配和后代选择的理论依据。

## 材 料 与 方 法

选穗长短、松紧不同的亲本5个(表1),1984年用完全双列杂交法组配 $5 \times 5$ 全互交组合。1985年春将25份材料(亲本及正反交 $F_1$ )播于本院圃场。随机区组排列,3次

表1 供 试 亲 本

亲 本 编 号	亲 本 名 称
1	219A(B)
2	3092A(B)
3	5401A(B)
4	7005A(B)
5	机收3A(B)

重复。单行区,行长4.5米,行株距 $60 \times 20$ 厘米。田间管理同生产田。收获时每小区取5株考查穗长、一级枝梗数和穗轴长。采用格里芬(J.B.Griffing)的方法I进行方差分析,按金肯斯(I.L.Jinks)与海曼(B.I.Hayman)<sup>[1-3]</sup>等人的方法做Wri/Vri分析和遗传参数估计。

## 结 果 与 分 析

### (一) 方差分析及亲本GCA效应值

3个性状方差分析(表2)表明,各基因型间均存在极显著差异。配合力方差分析(表3)表明,一般配合力方差和特殊配合力方差都显著,说明加性和显性效应对3个性状的遗传控制都是重要的。但是,各性状的加性方差均大于显性方差,因此加性变异是遗传变异的主要成分。显然在各遗传型中对这3个性状进行选择时,凡有益于加性基因累加的各种选择程序都是有效的。同时若组配穗长的组合,宜选择穗长的亲本以充分利用其加性效应。为培育穗长的不育系和恢复系,必须选用穗长的亲本材料杂交才能达到目的。

表2 基因型方差分析

性状	变异来源	自由度	平方和	方差	F
穗长	区组	2	7.3	3.65	1.85
	基因型	24	1062.08	44.27	22.47**
	机误	48	94.57	1.97	
一级枝梗数	区组	2	8.03	4.01	0.36
	基因型	24	6670.48	277.93	25.55**
	机误	48	522.14	10.87	
穗轴长	区组	2	5.71	2.85	3.95*
	基因型	24	1137.60	47.40	66.29**
	机误	48	34.32	0.71	

表3 配合力方差分析

性状	变异来源	自由度	平方和	方差	F
穗长	一般配合力	4	249.65	62.41	31.66**
	特殊配合力	10	96.17	9.62	4.88**
	正反交	10	5.64	0.25	0.28
一级枝梗数	一般配合力	4	1733.65	434.66	39.81**
	特殊配合力	10	437.73	43.77	4.03**
	正反交	10	47.51	4.75	0.44
穗轴长	一般配合力	4	332.89	83.22	117.22**
	特殊配合力	10	39.66	3.97	5.55**
	正反交	10	5.00	0.50	0.70

3个性状的正反交效应均不显著,说明不存在细胞质效应,性状的遗传主要由细胞核基因控制。

各亲本的一般配合力效应(GCA)分析表明,机收3A穗长的GCA效应最高,其次是3092A;一级枝梗数和穗轴长的GCA均以3092A最高(表4)。亲本中219A和3092A在3个性状中的GCA效应值均为正值,是较好的亲本材料。

表4 亲本一般配合力效应值

性状	亲本编号				
	1	2	3	4	5
穗长	0.6734	1.634	-2.584	-2.611	2.888
一级枝梗数	1.424	9.50	0.494	-2.873	-8.548
穗轴长	0.942	3.301	-3.550	2.461	1.863

(二) 方差-协方差 (W<sub>ri</sub>/V<sub>ri</sub>) 分析

亲本与其后代的协方差(W<sub>ri</sub>)及亲本后代方差(V<sub>ri</sub>)可提供一些重要的遗传信息。表5为各性状的协方差、方差,协方差与方差之和(W<sub>ri</sub>+V<sub>ri</sub>)及协方差与方差之差(W<sub>ri</sub>-V<sub>ri</sub>)值。3个性状各W<sub>ri</sub>+V<sub>ri</sub>的值均有较大差异,说明了显性效应在3个性状中均真实存在。穗轴长的W<sub>ri</sub>-V<sub>ri</sub>值几乎近似于一个常数,因此穗轴长可能不存在上位性效应;穗长和一级枝梗数的W<sub>ri</sub>-V<sub>ri</sub>值都不大一致,尤以一级枝梗数的差异较大,预示着这两个性状可能存在上位性效应。但是,由于W<sub>ri</sub>对V<sub>ri</sub>的回归系数经t测验查明与1无显著差异,因此这两个性状中的上位性效应可能不是主要的,至少穗长性状是如此。从而证实了加性-显性模型的适合性。

根据各列W<sub>ri</sub>和V<sub>ri</sub>之间的关系,可绘出W<sub>ri</sub>、V<sub>ri</sub>的曲线及回归线图。为简

表5 行列方差和协方差

性状	亲本编号	W <sub>ri</sub>	V <sub>ri</sub>	W <sub>ri</sub> -V <sub>ri</sub>	W <sub>ri</sub> +V <sub>ri</sub>	Y <sub>r</sub>
穗长	1	11.147	9.902	1.245	21.049	23.60
	2	8.869	11.669	-2.799	20.538	23.60
	3	13.544	13.598	-0.054	27.142	16.87
	4	12.223	12.772	-0.549	24.99	15.70
	5	5.833	7.710	-1.877	13.543	25.59
一级枝梗数	1	57.758	53.132	4.626	110.890	32.0
	2	34.403	49.432	-14.946	83.752	67.00
	3	103.444	113.337	-8.893	219.781	46.73
	4	90.469	84.813	5.657	175.282	41.67
	5	51.992	26.134	25.858	78.126	33.93
穗轴长	1	14.703	8.915	5.793	23.623	16.60
	2	12.166	6.631	5.535	18.797	19.10
	3	22.232	17.017	5.214	39.250	6.30
	4	17.637	12.059	5.577	29.697	10.26
	5	11.234	6.901	4.329	18.139	17.78

便起见，我们以穗轴长为例（见图）加以说明。W<sub>ri</sub>与V<sub>ri</sub>的回归线是一条通过W<sub>ri</sub>、V<sub>ri</sub>抛物线内侧，斜率（b）为1的直线，说明该性状存在真实的显性。当回归系数与1无显著差异时，回归截距（a）可以度量平均显性度（当a<0时为超显性；a>0时为部分显性，a=0时为完全显性）。穗轴长（a=5.0617）和一级枝梗数（a=17.7202）的W<sub>ri</sub>、V<sub>ri</sub>回归截距a>0，因此两性状为部分显性；而穗长a=-1.9559，即a<0为超显性。沿回归线各点（W<sub>ri</sub>，V<sub>ri</sub>）的次序可以说明亲本显性基因和隐性基因的分布。当W<sub>ri</sub>+V<sub>ri</sub>与Y<sub>r</sub>的相关系数为负时，具有最多显性基因的亲本有较低的W<sub>ri</sub>+V<sub>ri</sub>值；如果相关为正，则情况相反。本试验中3个性状的W<sub>ri</sub>+V<sub>ri</sub>与Y<sub>r</sub>的相关系数均为负值（-0.9018，-0.3592，-0.9782），因此控制3个性状的显性基因为增效基因。从图可以看出5号亲本的（W<sub>r5</sub>，V<sub>r5</sub>）点距原点最近，说明所含控制穗轴长的显性基因最多，其次是2号和1号亲本；3号亲本的W<sub>r3</sub>+V<sub>r3</sub>值最高，（W<sub>r3</sub>，V<sub>r3</sub>）点距原点最远，说明含有较多的隐性基因。值得提及的是，5号亲本在3个性状中均含有较多的显性基因；3号亲本含有较多的隐性基因。这与育种实践观测的结果是一致的。

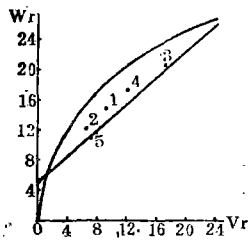


图 高粱穗轴长(W<sub>ri</sub>, V<sub>ri</sub>)

（三）遗传参数估计

用B.J. Hayman法估算了各遗传参数（表6）。结果表明，穗长的 $\sqrt{H_1/D}$ 值大

表6

遗传参数估计值

遗传参数	代表符号	估计值		
		穗长	一级分枝数	穗轴长
加性效应方差	D	16.7621	114.8204	29.8171
显性效应方差	H <sub>1</sub>	18.9037	97.7239	8.2372
显性效应方差	H <sub>2</sub>	18.0165	30.4766	7.4019
平均显性度	(H <sub>1</sub> /D) <sup>1/2</sup>	1.0319	0.9225	0.5255
亲本中含正负效应基因比例	H <sub>2</sub> /4H <sub>1</sub>	0.2363	0.205	0.2246
加性和显性效应协方差平均	F	-7.2253	-40.3844	-2.5336
显性与隐性基因比例	(4DH <sub>1</sub> ) <sup>1/2</sup> + F	0.6626	0.6797	0.8502
	(4DH <sub>1</sub> ) <sup>1/2</sup> - F			
显性效应代数和	h <sup>2</sup>	54.8445	210.4601	19.0189
控制显性效应基因数	h <sup>2</sup> /H <sub>2</sub>	2.9997	2.6151	2.5735
狭义遗传力	H <sub>n</sub>	36.75	42.99	71.57
回归截距	a	-1.9559	17.7202	5.0617
回归系数	b	1.1054	0.7725	1.0222

于1，存在超显性；而一级枝梗数和穗轴长的 $\sqrt{H_1/D}$ 值在0~1之间，为不完全显性。3个性状的H<sub>2</sub>/4H<sub>1</sub>值均小于0.25，说明在亲本中正向和负向基因频率是不均衡

的, 由于  $\frac{\sqrt{4DH_1 + F}}{\sqrt{4DH_1 - F}}$  比值均小于 1, 证明亲本的隐性基因多于显性基因。  $h^2/H_2$  的比值分别为: 2.999、2.615、2.573, 接近于 3, 表明这几个性状的遗传表现均由 3 组显性效应基因控制。

## 讨 论 与 小 结

(一) 研究结果表明, 3 个性状的遗传特征比较相近, 均为加性效应起着决定作用, 并存在部分显性或超显性, 没有观察到细胞质影响。

(二) 由于 3 个穗结构性状的遗传效应主要是加性效应, 因而指出了穗性状改良的可能性。单株产量是复杂的受多因素影响的数量性状。因此它的遗传要比穗结构性状的遗传复杂的多。又基于穗性状与产量相关较为密切, 所以通过穗部性状选择产量及产量构成因素性状要比直接选择产量性状更有效。因而有助于控制穗结构性状基因累加的育种手段, 既能提高穗粒数, 又能提高子粒产量。在培育亲本时, 选用穗长 GCA 效应高和一级枝梗数 GCA 效应高的两亲相搭配, 则有利于培育既有较高配合力, 又具有较高的自身产量的亲本材料。这对提高杂种产量和制种产量, 提高经济效益是非常有效的措施。

(三) 由于显性基因是增效基因, 因此在选配杂交种时, 可选用具有较多显性基因的亲本组配杂种。对提高穗长和增加一级枝梗数, 最终达到大穗高产的目的是有益的。

(四) 一般认为穗结构性状是数量性状。本文通过双列分析和杂种的实际表现, 初步认为 3 个穗结构性状是简单的数量性状。三者的遗传似乎由 3 组显性基因控制。虽然 3 个性状的遗传特征比较相近, 但是一级枝梗数的遗传可能比穗长和穗轴长的遗传复杂一些。 $H_2/4H_1$  的值明显小于 0.25, 也小于其它两个性状, 控制该性状的基因分布是不均衡的。由此可以认为控制一级枝梗数遗传的不仅是 3 个主基因, 还存在一些分布不均衡的微效多基因。因此育种中应考虑多基因的遗传效应。

## 参 考 文 献

- (1) 刘长福等: 作物数量遗传, 农业出版社, 1984, 125~149。
- (2) 兰巨生: 作物遗传参数统计法, 1982, 河北人民出版社。
- (3) R. K. Singh, B. D. Chaudhary, 1979, Biometrical Methods in Quantitative Genetic Analysis, Printed in India.

## A Study on the Inheritances of Spike Structural Traits in Grain Sorghum

Gao shi jie

(Crop Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences)

## ABSTRACT

Quantitative inheritance of  $5 \times 5$  complete diallel Crosses were analyzed for three spike traits, Panicle length, number of Primaries per panicle and length of panicle axis using the method I of Griffing. The results showed that all the three traits were adequate to the additive—dominance model. The distribution of genes among the Parents was not equivalent. The Parents, Jishou 3A and 3092A possessed more dominance genes.