

高粱穗部主要性状的配合力分析

龙文靖^{1,2}, 胡炯凌^{1,2}, 赵甘霖^{1,2}, 丁国祥^{1,2}, 倪先林^{1,2}, 刘天朋^{1,2}, 汪小楷^{1,2}

(¹四川省农业科学院水稻高粱研究所, 德阳 618000; ²国家高粱改良中心四川分中心, 泸州 646000)

摘要:以4个高粱不育系13163A、1358A、128A和407A,以及6个恢复系9.1R、213R、272R、381R、矮182R和早21R为试验材料,按照不完全双列杂交设计(NCII),对其F₁的穗部主要性状进行配合力分析。结果表明:亲本穗部主要性状存在显著的遗传差异,主要表现为加性基因效应遗传的性状有:穗长、一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒数;狭义遗传力大小顺序分别为:二级枝梗数>一级枝梗数>穗长>穗粒数>穗粒重>千粒重。不同亲本的一般配合力(GCA)和特殊配合力(SCA)在不同穗部性状间存在较大差异。不育系407A和恢复系早21R、9.1R是综合性状较好的亲本材料,利用它们可组配出产量较高的杂交组合。恢复系272R组配的杂交种具有穗粒数较多、千粒重较小的特点,能满足市场上对小粒高粱的需求。深入分析高粱杂交亲本穗部主要性状表现,有利于对亲本材料的进一步了解和利用。

关键词:杂交高粱;亲本;穗部性状;配合力;价值评价

Combining Ability of Parents for Main Traits in Sorghum Panicles

LONG Wen-jing^{1,2}, HU Jiong-ling^{1,2}, ZHAO Gan-lin^{1,2}, DING Guo-xiang^{1,2},
NI Xian-lin^{1,2}, LIU Tian-peng^{1,2}, WANG Xiao-kai^{1,2}

(¹Rice and Sorghum Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Deyang 618000;

²National Sorghum Improvement Center Sichuan Branch, Luzhou 646000)

Abstract: Sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] is one of the main crops in China, which plays an important role in food forage and production of raw materials. In recent years, sorghum area and production are gradually decline, sharpening the contradictions between supply and demand in China. Developing high yield and adapted hybrid sorghum is one approach to resolving grain deficits. The fine panicles structure is the basis of sorghum yield. So, optimizing the characteristics of sorghum panicles is an effective way to solve the problem of supply and demand. However, optimizing the characteristics of sorghum panicles was ultimately attributed to the combining ability of parents for main traits in sorghum panicles. This paper investigated the genetic characteristics of the main characters of sorghum panicle, evaluated the utilization value of the latest introduction and cultivated sorghum parental materials, and provided theoretical basis and reference for sorghum panicle breeding. Four newly bred and introduced sorghum sterile lines (13163A, 1358A, 128A and 407A) were designated as females and were crossed with six male restorer lines (9.1R, 213R, 272R, 381R, Dwarf182R and Early21R). Combining ability studies were conducted on these parents along with their F₁ hybrids for primary branch number, secondary branch number, spike length, grain number per spike, grain weight per spike, 1000-kernel weight in autumn 2015 and in Yuanjiang County, Yunnan. The combining ability of this traits of F₁ generation's panicles was analyzed according to incomplete diallel cross (NCII). The results showed that the main panicle traits existed significant genetic differences, and the main performance for the additive gene effect of genetic traits were: spike

收稿日期:2016-12-30 修回日期:2017-02-24 网络出版日期:2017-08-14

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170814.1005.016.html>

基金项目:国家科技支撑计划(2014BAD07B02-2-2);国家高粱产业技术体系(CARS-06-01-05);四川省农业科学院科技成果中试熟化与示范转化项目(CGZH2017FP15)

第一作者研究方向为高粱栽培育种。E-mail:longjing9012@163.com

通信作者:汪小楷,研究方向为高粱遗传育种。E-mail:598832208@qq.com

length, primary branches number, secondary branch number, grain number per spike. The order of heritability in the narrow sense was: secondary branch number > primary branch number > spike length > grain number per spike > grain weight per spike > 1000-kernel weight. The primary branches and secondary branches were higher in the narrow sense of heredity, which indicated that their genetic stability was less influenced by the environment and could be chosen in the early stage. However thousand seed weight and spike grain weight were lower in the narrow sense of heritability and should be paid attention on influence of the environment. There was a great difference between the different parents' common combination (GCA) and special combination (SCA) characters in different traits. Sterile line 407A and restorer early 21R, 9.1R which had better comprehensive characteristic were good parental materials, which could be combined with higher yield hybrid combinations. The hybrids of restorer 272R had the characteristics of lower grain number and small grain weight, which could meet the demand of small grain sorghum in the market. In this paper, the main characters of sorghum hybrids were analyzed in detail, which was beneficial to the further understanding and utilization of parental materials.

Key words: hybrid sorghum; parent; panicle traits; combining ability; value evaluation

高粱 [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] 是我国主要的早粮作物之一,也是重要的粮饲和酿造原料作物,在现代农业生产中占有重要地位^[1]。随着我国畜牧业和酿造业的发展,高粱生产已难以满足国内市场需求,我国自2014年已是世界高粱第一大进口国^[2-3]。2014年我国进口高粱577.6万t,占世界高粱进口总量的59.6%,2015年更是达到1070万t。但我国高粱的种植面积却在逐年下降,从1962年的600多万 hm^2 下降到2014年的61万 hm^2 ;产量也从1000多万t下降到260万t左右^[4]。2016年我国高粱种植面积50万 hm^2 左右,较2015年增幅8.51%。虽然面积增加,但全国总产量仅为201.28万t,反而下滑6.69%^[5]。因此,在解决高粱的播种面积减少与需求量增加这一矛盾时,除了适当增加种植面积外,还应不断提高单位面积产量。

穗型是指穗部形态特征、空间分布及其相互关系,相应的理想穗型是适应一定生态环境和生产条件的穗部性状的最佳组合,优良的穗型结构是作物高产的基础^[6],进一步优化高粱穗部性状的组配,是高粱高产或超高产的有效途径。NC II 遗传交配设计是一种既可用于遗传参数估计也可以用于配合力分析的遗传设计方法,对高粱亲本穗部性状配合力的测定和遗传参数估算,有利于对亲本材料的进一步了解和利用,对进一步提高育种效率,加快优良穗型结构组合的选育等具有重要的指导意义。目前,国内外对玉米^[7-11]、水稻^[12]、小麦^[13-14]等禾本科作物穗部性状配合力研究较多,而对高粱穗部性状配合力研究未见报道,仅在高粱农艺性状配合力研究中有部分涉及,R. Kenga 等^[15]对热带高粱配合力

研究表明穗长的特殊配合力方差不显著;尹学伟等^[16]对14个高粱亲本主要农艺性状配合力及遗传力分析研究表明,穗粒重、千粒重的一般配合力方差最高且受加性基因效应控制;穗长、穗粒数的特殊配合力方差较高,且受非加性基因的作用影响大。周福平等^[17]对高粱新选不育系的配合力及遗传力分析表明穗粒重、千粒重和产量遗传力较高。张晓娟等^[18]对高粱新选不育系主要农艺经济性状的遗传力的分析结果表明,穗长、穗粒重、千粒重遗传力较高,说明这些性状受遗传影响较大。前人研究仅涉及穗部2~3个性状,针对高粱穗部性状整体的配合力和遗传规律研究还未见报道。因此,本文对4个高粱不育系与6个恢复系杂交产生的杂种 F_1 穗部主要性状的配合力进行分析,进一步探究高粱穗部性状的遗传特性,并评价新引进和培育的不育系和恢复系的利用价值,为高粱穗型育种提供理论依据和参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试亲本材料10份,其中,母本不育系4份,包括从辽宁省农业科学院新引进的不育系407A和本单位新近育成的优良不育系13163A、1358A、128A。父本恢复系为新近育成的6个恢复系材料,9.1R、213R、272R、381R、矮182R、早21R,按照NCII不完全双列杂交设计配置24份(4×6)杂交组合。

1.2 试验设计

2015年春季在四川泸州国家高粱原原种繁育基地配置杂交组合获得 F_1 种子。2015年秋季在云

南省元江县高粱试验地进行田间试验。试验地年平均气温 12 ~ 24 °C, ≥ 10 °C 年积温 4000 ~ 8700 °C。无霜期 200 ~ 364 d, 年平均降水量 770 ~ 2400 mm。试验采用随机区组设计, 重复 3 次, 采用直播方式, 3 行区, 每行 10 穴, 每穴定植 2 苗, 行株距 55 cm × 30 cm, 其他田间管理同大田生产。成熟时每小区取中间行代表性植株 5 株为样本, 调查一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒数、穗粒重、千粒重等性状。所有项目调查测定标准均参照《全国高粱品种试验调查记载项目及标准》^[19]。

1.3 数据分析

按照数量性状增广 NCII 遗传模型的配合力方差分析方法, 计算一般配合力方差效应和特殊配合力方差效应, 并估算群体遗传参数。数据处理与遗

传交配设计统计分析分别采用 Excel 和 DPS7.05^[20] 软件进行。

2 结果与分析

2.1 杂交组合的性状表现

如表 1 所示, 不同组合在各性状间存在明显的基因型差异, 穗长变幅为 29.6 ~ 37.6 cm; 一级枝梗数变幅 53 ~ 91; 二级枝梗数变幅为 395 ~ 650; 穗粒重变幅为 35.02 ~ 88.72 g; 穗粒数变幅为 2331 ~ 3690; 千粒重变幅为 15.39 ~ 24.86 g。其中穗长变异系数较小为 6.74%, 而穗粒重、一级枝梗数变异系数较大, 分别为 20.40%、17.43%。同一组合很难满足各个穗部性状均最佳, 在杂交种选育时应综合考虑各穗部性状表现。

表 1 杂交组合的穗长、一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒重、穗粒数、千粒重

Table 1 Cross combinations of spike length, primary branch number, secondary branch number, grain numbers per spike, grain weight per spike and thousand kernel weight

组合 Cross combination	穗长 (cm) Spike length	一级枝梗数 Primary branches number	二级枝梗数 Secondary branches number	穗粒重 (g) Grain weight per spike	穗粒数 Grain number per spike	千粒重 (g) 1000-kernel weight
128A × 9.1R	34.9 ± 1.6	61 ± 5	429 ± 31	65.97 ± 4.64	2781 ± 218	24.20 ± 0.27
407A × 9.1R	33.7 ± 0.2	83 ± 3	590 ± 42	88.72 ± 6.00	3641 ± 141	24.86 ± 1.42
1358A × 9.1R	37.2 ± 1.4	53 ± 2	395 ± 10	57.96 ± 4.19	3016 ± 222	19.61 ± 0.47
13163A × 9.1R	34.4 ± 1.8	70 ± 8	492 ± 50	60.09 ± 3.78	2834 ± 210	21.70 ± 1.97
128A × 213R	36.5 ± 2.1	70 ± 5	459 ± 26	56.76 ± 8.77	2541 ± 330	23.19 ± 5.61
407A × 213R	34.4 ± 1.1	90 ± 19	604 ± 121	56.85 ± 7.99	3038 ± 240	19.11 ± 2.33
1358A × 213R	37.5 ± 1.1	60 ± 1	460 ± 9	54.52 ± 4.57	2897 ± 178	19.24 ± 1.89
13163A × 213R	37.6 ± 1.0	72 ± 6	481 ± 39	55.35 ± 3.59	2369 ± 105	23.82 ± 0.81
128A × 272R	33.0 ± 0.9	58 ± 4	440 ± 34	50.87 ± 5.41	3115 ± 282	16.72 ± 1.96
407A × 272R	29.6 ± 1.1	67 ± 4	535 ± 11	50.58 ± 0.86	3177 ± 183	16.29 ± 1.23
1358A × 272R	32.8 ± 1.3	56 ± 5	441 ± 37	54.39 ± 4.77	3435 ± 223	16.14 ± 0.69
13163A × 272R	34.6 ± 0.7	65 ± 2	458 ± 10	43.36 ± 9.16	2810 ± 105	15.72 ± 3.08
128A × 381R	32.9 ± 1.1	55 ± 3	397 ± 11	62.20 ± 0.82	2869 ± 145	22.15 ± 1.19
407A × 381R	30.1 ± 1.2	68 ± 3	545 ± 32	84.57 ± 3.10	3690 ± 183	23.38 ± 0.40
1358A × 381R	35.3 ± 1.4	53 ± 0	433 ± 12	59.49 ± 1.63	3425 ± 188	17.73 ± 0.50
13163A × 381R	34.2 ± 2.9	73 ± 4	533 ± 25	58.54 ± 12.65	3321 ± 236	17.96 ± 3.37
128A × 矮 182R	31.7 ± 2.6	79 ± 5	501 ± 58	35.02 ± 3.84	2331 ± 334	15.39 ± 0.96
407A × 矮 182R	30.9 ± 1.6	91 ± 11	638 ± 62	78.01 ± 4.45	3615 ± 168	22.03 ± 1.31
1358A × 矮 182R	36.2 ± 1.8	70 ± 4	504 ± 31	60.07 ± 1.73	3123 ± 148	19.38 ± 0.21
13163A × 矮 182R	33.7 ± 1.7	65 ± 7	517 ± 45	66.69 ± 3.26	3025 ± 193	22.56 ± 1.97
128A × 早 21R	29.9 ± 2.2	71 ± 10	521 ± 76	55.64 ± 5.92	3025 ± 391	18.97 ± 3.32
407A × 早 21R	33.8 ± 1.5	91 ± 10	629 ± 58	81.50 ± 14.20	3345 ± 134	24.79 ± 3.65
1358A × 早 21R	34.2 ± 0.6	54 ± 5	414 ± 18	65.40 ± 6.16	2931 ± 63	22.73 ± 1.66
13163A × 早 21R	33.4 ± 1.6	83 ± 5	650 ± 35	55.88 ± 5.51	2940 ± 191	19.51 ± 3.01
最大值 Max.	37.6	91	650	88.72	3690	24.86
最小值 Min.	29.6	53	395	35.02	2331	15.39
平均 Average	33.9	69	503	60.77	3054	20.30
变异系数 (%) CV	6.74	17.43	15.14	20.40	11.93	15.08

2.2 各穗部性状的方差和配合力方差分析

由表2可知,6个性状在24个组合间均存在极显著差异($P < 0.01$),进一步进行配合力方差分析。结果表明,除恢复系穗粒重、不育系千粒重外,其余性状亲本不育系和恢复系的一般配合力方差均达显著或极显著水平,特殊配合力方差除二级枝梗数达到显著水平($P < 0.05$)外,其余性状均为极显著水平($P < 0.01$)。说明这些差异主要是由加性基因和非加性基因共同作用的结果。所

有测试亲本穗长、一级枝梗数、二级枝梗数一般配合力方差均高于其特殊配合力方差,表明加性基因效应对这些性状起主要作用,遗传因素起主导作用。穗粒重和千粒重的特殊配合力方差高于亲本一般配合力方差,表明亲本对这些性状的作用中非加性基因影响较大。亲本不育系穗粒数一般配合力方差高于特殊配合力方差,而恢复系正好相反,说明不育系亲本的加性基因效应对穗粒数性状作用较大。

表2 各性状的方差和配合力方差分析

Table 2 Variance analysis of crosses with different tested characters

变异来源 Source	自由度 <i>df</i>	穗长 Spike length	一级枝梗数 Primary branches number	二级枝梗数 Secondary branches number	穗粒重 Grain weight per spike	穗粒数 Grain number per spike	千粒重 1000-kernel weight
组合 Crosses	23	7.14 **	9.45 **	8.75 **	12.09 **	8.82 **	5.89 **
恢复系 Restorer lines	5	5.30 **	3.77 *	3.21 *	2.3769	3.04 *	3.08 *
不育系 Sterility lines	3	7.55 **	13.22 **	17.08 **	5.37 *	9.35 **	1.09
不育系 × 恢复系 Sterility lines × Restorer lines	15	2.56 **	2.96 **	2.44 *	6.47 **	3.48 **	4.02 **

*、** 分别为 0.05 和 0.01 差异显著水平

* and ** mean significant difference at 0.05 and 0.01 level, respectively

2.3 不育系和恢复系穗部主要性状的一般配合力(GCA)效应分析

由表3亲本各穗部主要性状的GCA相对效应值可以看出,同一亲本不同穗部性状间和同一性状不同亲本间GCA值存在较大差异,说明不同亲本在不同穗部性状上的加性基因效应大小不同。4个高粱不育系的6个被测性状中,一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒重、穗粒数、千粒重GCA效应值最大的为407A,说明不育系407A在这些性状的一般配合力大,易组配出相应性状的穗型组合。穗长GCA效应值最大的为1358A,其组配组合穗长一般较长。6个高粱恢复系6个被测穗部性状中,穗长GCA效应值较大的为9.1R和213R,一级枝梗数和二级枝梗数GCA效应值较大的分别为矮182R和早21R,穗粒重和千粒重GCA效应值最大的是9.1R。在实际的育种工作中,应根据育种目标充分利用这些高粱亲本特点,才能组配出理想的穗型组合。

2.4 穗部主要性状特殊配合力(SCA)分析

由表4可知,各杂交组合的穗部主要性状特殊

配合力(SCA)效应值差异较大,表明基因互作的复杂性和多样性。穗粒重SCA效应值表现为正值的组合有14个,其中,13163A × 矮182R、128A × 9.1R、128A × 213R、407A × 9.1R等组合SCA效应值较高,表明这些组合在其母本或父本所配置的其他组合中表现突出,具有较高单穗产量;穗长、一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒数、千粒重等其他穗部性状SCA效应值最高的组合分别为407A × 早21R、13163A × 381R、13163A × 早21R、128A × 272R、13163A × 矮182R。亲本某一性状特殊配合力变异度愈大,杂交时该性状可能出现特殊配合力估算极端的后代,例如在一级枝梗数性状上13163A × 381R特殊配合力效应值最大为12.65,而13163A × 矮182R最小为-19.76;在二级枝梗数性状上13163A × 早21R特殊配合力效应值最大为15.39,1358A × 早21R特殊配合力效应值最小为-15.42,表明13163A和早21R分别在一级枝梗数和二级枝梗数上表现较强的杂种优势。因此在亲本选择和杂交种组配时,不仅要注重一般配合力的作用,还要注意该亲本的特殊配合力的作用。

表 3 各穗部主要性状一般配合力相对效应值

Table 3 Relative effect value of general combining ability (GCA) for the main panicle traits

亲本 Parent	穗长 Spike length	一级枝梗数 Primary branches number	二级枝梗数 Secondary branches number	穗粒重 Grain weight per spike	穗粒数 Grain number per spike	千粒重 1000-kernel weight	
不育系 Male sterile line	128A	-2.10	-4.98	-8.96	-10.47	-9.07	-0.96
	407A	-5.21	17.99	17.39	20.74	11.91	7.11
	1358A	4.94	-16.39	-12.25	-3.50	2.75	-5.72
	13163A	2.38	3.37	3.82	-6.77	-5.59	-0.43
恢复系 Restorer line	9.1R	3.50	-3.37	-5.20	12.20	0.45	11.30
	213R	7.83	6.02	-0.36	-8.06	-11.22	5.12
	272R	-4.01	-11.20	-6.84	-18.05	2.62	-20.10
	381R	-2.19	-10.00	-5.12	8.94	8.92	0.04
	矮 182R	-2.09	10.36	7.45	-1.35	-1.00	-2.27
	早 21R	-3.05	8.19	10.08	6.31	0.21	5.92

表 4 各穗部主要性状特殊配合力相对效应值

Table 4 Relative effect value of specific combining ability (SCA) for main panicle traits

组合 Crosse	穗长 Spike length	一级枝梗数 Primary branches number	二级枝梗数 Secondary branches number	穗粒重 Grain weight per spike	穗粒数 Grain number per spike	千粒重 1000-kernel weight
128A × 9.1R	1.69	-2.97	-0.50	6.82	-0.31	8.89
407A × 9.1R	1.14	4.90	5.24	13.05	6.85	4.03
1358A × 9.1R	1.34	-3.61	-4.05	-13.32	-4.46	-8.98
13163A × 9.1R	-4.17	1.69	-0.69	-6.54	-2.08	-3.94
128A × 213R	2.08	0.64	0.56	11.93	3.49	10.09
407A × 213R	-0.92	6.59	3.11	-19.12	-1.22	-18.11
1358A × 213R	-1.91	-2.41	4.04	1.28	3.34	-4.63
13163A × 213R	0.75	-4.82	-7.72	5.91	-5.61	12.65
128A × 272R	3.68	-0.44	3.26	12.22	8.44	3.44
407A × 272R	-3.36	-9.92	-4.20	-19.45	-10.52	-6.77
1358A × 272R	-4.15	8.55	6.88	11.06	7.11	5.33
13163A × 272R	3.83	1.81	-5.94	-3.82	-5.03	-2.00
128A × 381R	1.37	-5.50	-7.01	3.88	-5.92	10.06
407A × 381R	-3.70	-10.16	-3.87	9.48	0.01	8.05
1358A × 381R	1.51	3.01	3.49	-7.53	0.49	-6.95
13163A × 381R	0.82	12.65	7.38	-5.83	5.42	-11.15
128A × 矮 182R	-2.18	9.32	1.24	-30.56	-13.61	-20.96
407A × 矮 182R	-1.34	2.73	2.14	8.98	7.46	3.69
1358A × 矮 182R	4.17	7.71	5.05	3.71	0.50	3.44
13163A × 矮 182R	-0.65	-19.76	-8.43	17.87	5.65	13.83
128A × 早 21R	-6.63	-1.04	2.45	-4.30	7.91	-11.51
407A × 早 21R	8.18	5.86	-2.42	7.07	-2.58	9.11
1358A × 早 21R	-0.97	-13.25	-15.42	4.81	-6.98	11.79
13163A × 早 21R	-0.58	8.43	15.39	-7.58	1.65	-9.39
极大值 Max.	8.18	12.65	15.39	17.87	8.44	13.83
极小值 Min.	-6.63	-19.76	-15.42	-30.56	-13.61	-20.96

2.5 穗部主要性状相关遗传参数分析

利用随机模型对各性状分别进行了遗传方差成分和遗传力估计,各性状遗传参数估值列于表5,由表可知,穗长、一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒数一般配合力方差较高,分别为78.05、80.48、84.55、72.73,表明这些穗部性状多受加性基因作用;穗粒重、千粒重的一般配合力方差和特殊配合力方差相当,表明加性效应和非加性效应对这2个性状均比

较重要。遗传力分析表明,高粱穗部主要性状的广义遗传力均较高,狭义遗传力大小顺序分别为:二级枝梗数>一级枝梗数>穗长>穗粒数>穗粒重>千粒重。一级枝梗数、二级枝梗数狭义遗传力较高,表明其遗传稳定,受环境影响较小,可在早代进行选择。而千粒重、穗粒重狭义遗传力较低其受环境影响较大,在高粱选育过程中应注意环境带来的影响,谨慎淘汰千粒重和穗粒重较小的杂交后代。

表5 各穗部主要性状相关遗传参数

Table 5 Correlation genetic parameters for the main agronomic characteristics

遗传参数 Genetic parameter	穗长 Spike length	一级枝梗数 Primary branches number	二级枝梗数 Secondary branches number	穗粒重 Grain weight per spike	穗粒数 Grain number per spike	千粒重 1000-kernel weight
一般配合力方差 Variance of GCA	78.05	80.48	84.55	55.93	72.73	41.57
特殊配合力方差 Variance of SCA	21.95	19.52	15.45	44.07	27.27	58.43
广义遗传力 Broad heritability	70.30	76.98	75.71	80.53	75.21	63.31
狭义遗传力 Narrow heritability	54.87	61.95	64.01	45.04	54.70	26.32

3 讨论

3.1 杂交高粱亲本穗部主要性状的遗传特点

遗传力表示遗传方差与非遗传方差的相对重要性,即数量性状遗传过程中遗传决定与环境影响的相对重要性指标,是重要的遗传和育种参数^[21-22]。本文对高粱杂交亲本穗部主要性状遗传力分析表明,穗长、一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒数广义遗传力和狭义遗传力均较高,表明其遗传稳定,受环境影响较小,而千粒重、穗粒重狭义遗传力较低。本研究结果与前人研究结果^[16-18,23]存在一定差异,穗长遗传力结果与前人研究结果相同,但穗粒重和千粒重等研究则正好相反。之所以出现不同的结论,这可能与所选择测定的性状不同,本研究所测定的均为穗部性状,其千粒重和穗粒重均相对其他性状遗传力较低,而前人研究包含部分其他农艺性状其遗传力相对其他性状较高。另外,试验材料选择的不同和试验地环境的不同可能对结果有一定影响。因此,在今后高粱穗部主要性状的遗传机制深入研究中还应该加大试验材料数量,增加试验生态点以保证结果的准确性。

3.2 杂交高粱亲本利用价值的评价

深入分析高粱杂交亲本穗部主要性状表现,有利于对亲本材料的进一步了解和利用,对提高育种效率,加快强优势穗型组合选育进度具有重要的指导意义。从亲本穗部主要性状配合力分析结果表明,不育系128A穗部各性状一般配合力均为负值,综合性状较差;不育系407A在一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒数、穗粒重、千粒重性状上一般配合力较高,在生产上有较大的应用潜力,利用它可能配出产量较高的杂交组合,是比较理想的亲本。恢复系9.1R在穗长、穗粒重、千粒重性状上一般配合力较高,是较好的恢复系;恢复系213R穗长、一级枝梗数、千粒重一般配合力较高;恢复系272R穗粒数一般配合力较高,其他性状一般配合力均为负值,其组配的杂交种具有穗粒数较多、千粒重较小的特点,能满足市场上对小粒高粱的需求;恢复系381R在穗粒重、穗粒数一般配合力较高;恢复系矮182R一级枝梗数和二级枝梗数性状的一般配合力较高;恢复系早21R除穗长一般配合力较低其余性状一般配合力均较高,是综合性状表现优良的恢复系。综合性状较好的不育系407A与综合性状

表现较好的恢复系 9.1R 和早 21R 其杂交组合产量均较高,这些结果与育种实践基本相符,对指导已有亲本和新选亲本的强优势穗型组合具有重要的指导意义。

4 结论

高粱亲本穗部主要性状存在显著的遗传差异,表现为加性基因效应遗传的性状有:穗长、一级枝梗数、二级枝梗数、穗粒数;狭义遗传力大小顺序分别为:二级枝梗数 > 一级枝梗数 > 穗长 > 穗粒数 > 穗粒重 > 千粒重。高粱不同亲本的一般配合力(GCA)和特殊配合力(SCA)在不同穗部性状间存在较大差异。不育系 407A 和恢复系早 21R、9.1R 是综合性状较好的亲本材料。恢复系 272R 其组配的杂交种具有穗粒数较多、千粒重较小的特点,能满足市场上对小粒高粱的需求。

参考文献

- [1] 高士杰,刘晓辉,李继洪.再论中国粒用高粱育种方向与策略[J].中国农学通报,2008,24(3):138-141
- [2] 卢峰,邹剑秋,朱凯,等.积极应对高粱进口剧增,稳定我国高粱产业发展[J].农业经济,2015(11):124-125
- [3] 刘慧,周向阳.国内外高粱贸易现状及发展趋势[J].农业贸易展望,2016(8):63-66
- [4] 王玲.中国高粱、大麦贸易形势分析[J].农业贸易展望,2015(11):89-92
- [5] 唐倩.高粱2016年市场形势及2017年展望[EB/OL]. [2017-01-22]. http://www.moa.gov.cn/zwl/m/jcyj/201701/t20170122_5461513.htm
- [6] 徐正进,陈温福,张龙步,等.水稻理想穗型设计的原理与参数[J].科学通报,2005,50(18):111-113
- [7] 刁西洲,王红武,胡小娇,等.玉米穗部性状遗传和杂种优势分析[J].作物杂志,2015(4):36-40
- [8] 潘周云,唐谷,狄瑞涛,等.7个骨干玉米自交系穗部性状配合力的遗传分析[J].种子,2013,32(8):21-24
- [9] 郭琦,李继竹,杨伟光,等.玉米外引自交系及改良系穗部性状的遗传分析[J].吉林农业大学学报,2013(6):656-661
- [10] 程昕昕,李晶晶,王俊,等.不同玉米穗部性状的配合力分析[J].中国农学通报,2009,25(15):64-67
- [11] 杨引福,郭强,钱劲华.8个玉米自交系主要穗部性状配合力的遗传分析[J].玉米科学,2008,16(3):30-33
- [12] 王彬,韩赞平,汪旭东,等.杂交水稻穗部性状的配合力及遗传力研究[J].种子,2005,24(10):21-26
- [13] 逮腊虎,武计萍,张婷,等.冬小麦穗部性状的配合力及遗传性分析[J].农学学报,2014,4(11):5-9,14
- [14] 王瑞,宁锬,王怡,等.普通小麦穗部性状的遗传与相关分析[J].河南农业大学学报,1997,31(1):18-23
- [15] Kenga R, Alabi S O, Gupta S C. Combining ability studies in tropical sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) [J]. Field Crops Res, 2004, 88:251-260
- [16] 尹学伟,王培华,张晓春,等.14个糯高粱亲本主要农艺性状配合力及遗传力分析[J].西南农业学报,2014,27(4):1363-1368
- [17] 周福平,张晓娟,张一中,等.糯高粱新选不育系的配合力及遗传力分析[J].中国农学通报,2013,29(36):136-139
- [18] 张晓娟,周福平,张一中,等.糯高粱新选不育系品质性状配合力分析[J].农学学报,2013,3(6):4-7
- [19] 孙世贤. NY/T2645-2014, 农作物品种试验技术规程 高粱[S]. 北京:中国农业出版社,2015
- [20] 唐启义,冯明光.实用统计分析及其DPS数据处理系统[M]. 北京:科学出版社,2002:256-259
- [21] 王虹,师尚礼,张旭业,等.紫花苜蓿多元杂交后代产量和品质一般配合力分析及遗传参数的估算[J].草业学报,2016,25(3):126-134
- [22] 刘义华,冷蓉,张召荣,等.茎瘤芥主要数量性状遗传力和遗传进度的初步研究[J].植物遗传资源学报,2006,7(4):442-444,454
- [23] 高海燕,程庆军,田承华,等.新选高粱亲本系的配合力及遗传力分析[J].农学学报,2016,6(5):6-10

欢迎订阅 2018 年《中国水稻科学》《Rice Science》

《中国水稻科学》为中国水稻研究所主办的全国性学术期刊。本刊为中文核心期刊、中国科学引文索引数据库核心期刊、中国科技核心期刊。本刊多次获优秀期刊奖,曾两度被评为全国优秀科技期刊,荣获第三届国家期刊奖(百种重点期刊),并入选中国期刊方阵双百期刊、中国精品科技期刊、百种中国杰出学术期刊和中国百强报刊。同时,中国水稻研究所还办有《Rice Science》(水稻科学)(ISSN 1672-6308, CN 33-1317/S)。

本刊主要报道以水稻为研究对象的未经发表的原始论文。所设栏目包括研究报告、研究简报、研究快报、研究简讯、实验技术、学术专论、文献综述等。读者对象为国内外从事水稻科研、教学、生产和管理的有关人员。

《中国水稻科学》为双月刊,每期定价 20 元,全年 120 元,邮发代号 32-94,国外代号 Q6533。全国各地邮政局均可订阅,也可直接向编辑部订阅。《Rice Science》为双月刊,每期定价 15 元,全年 90 元,境外 15 美元,全年 90 美元,自办发行,请读者直接向编辑部订阅。

地址:杭州市体育场路 359 号中国水稻研究所内

邮编:310006

电话:0571-63370278/63371017

E-mail: cjrs@263.net; li@ricescience.org; rs@ricescience.org