

小麦株高及其构成因素的遗传及相关性分析

姚金保, 任丽娟, 张平平, 杨学明, 马鸿翔, 姚国才, 张鹏, 周森平

(江苏省农业科学院农业生物技术研究所, 江苏南京 210014)

摘要: 为了给小麦抗倒伏育种提供依据, 以7个株高差异较大的冬小麦品种为亲本, 按 Griffing 双列杂交法 II 配制 21 个杂交组合, 研究了小麦株高及其构成因素的遗传和相关性。结果表明, 株高及其构成因素的遗传均符合加性-显性模型, 以加性效应为主, 显性程度为部分显性, 遗传力高, 早代选择有效。控制株高、穗长、倒一、倒二、倒三、倒四节间长的增效等位基因为显性, 而控制倒五节间长的减效等位基因为显性。宁麦 8 号、宁麦 9 号、扬麦 9 号和扬麦 11 具有控制株高、倒一、倒二、倒三和倒四节间长较多的隐性基因; 望水白具有控制穗长最多的显性基因; 扬麦 9 号具有控制穗长和倒五节间长较多的显性基因。株高可能受 3~4 对主效基因控制, 而其构成因素可能受 1~3 对主效基因控制。相关分析表明, 株高与其构成因素呈极显著遗传正相关。株高构成因素对株高的作用大小依次为倒一节 > 倒二节 > 倒三节 > 倒五节 > 倒四节 > 穗长。

关键词: 小麦; 株高; 遗传; 相关

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2011)04-0604-07

Genetic and Correlation Analysis of Plant Height and Its Components in Wheat

YAO Jin-bao, REN Li-juan, ZHANG Ping-ping, YANG Xue-ming,

MA Hong-xiang, YAO Guo-cai, ZHANG Peng, ZHOU Miao-ping

(Institute of Agricultural Biotechnology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing, Jiangsu 210014, China)

Abstract: Based on F_1 diallel crosses involving seven genetically diverse wheat cultivars and their crosses, the genetic and correlation analysis of plant height and its components were conducted. The results showed that the inheritance of plant height and its components fit in with the additive dominance model, and was controlled by both additive and dominant genetic effects, and the additive effect was much more important than the dominant effect. The degree of dominance was partial dominance, with higher narrow sense heritability, varying from 76.62% to 95.08%. Epistasis was found absent for all the characters studied. For all the traits, selection in the early generations would be most effective. The alleles increasing plant height, spike length, first, second, third and fourth internode length were dominant, while the alleles reducing fifth internode length were dominant. Ningmai 8, Ningmai 9, Yangmai 9 and Yangmai 11 had more recessive genes controlling plant height, first, second, third and fourth internode length, Wangshuibai had maximum dominant genes controlling spike length and Yangmai 9 had more dominant genes controlling spike length and fifth internode length. Plant height might be controlled by three or four pairs of major dominant genes, while its components might be controlled by one to three pairs of major genes. The correlation analysis showed that plant height was positively genetically associated with its components, spike length ($r=0.6847^{**}$), first, second, third, fourth and fifth internode length ($r=0.9486^{**}$, $r=0.9735^{**}$, $r=0.9562^{**}$, $r=0.9707^{**}$, $r=0.8495^{**}$, respectively). The order of relative contribution of its components to plant height was first inter-

* 收稿日期: 2010-11-17 修回日期: 2011-01-10

基金项目: 江苏省农业科技自主创新资金项目(CX09635); 农业部现代农业产业技术体系建设专项(nycyt-x-03); 江苏省科技支撑计划项目(BE2008366-2, BE2009426)。

作者简介: 姚金保(1962-), 男, 研究员, 主要从事小麦遗传育种和优质高产栽培技术研究。E-mail: yaojb@jaas.ac.cn

node >second internode >third internode >fifth internode >fourth internode >spike length.

Key words: Wheat; Plant height; Genetic; Correlation

株高是影响小麦高产、稳产的重要性状,降低株高和提高抗倒伏性一直是小麦育种的重要目标。多年来,许多学者采用不同方法对小麦株高性状的遗传和相关性进行了研究。多数研究结果表明,株高的遗传符合加性-显性模型,基因作用方式以加性效应为主,显性程度为部分显性^[1-4],但也有以显性效应为主的报道^[5-6],甚至有研究认为存在较显著的上位性效应,其遗传符合加性-显性-上位性模型^[7-9]。杨兆生等^[10]和赵万春等^[11]对株高性状间关系的研究表明,穗下节间长对株高的直接遗传通径系数最高,对株高的作用最大,其次为第2节间长。但迄今为止,有关小麦株高构成因素(包括各节间长和穗长)遗传特性的研究报道尚不多见。因此,本研究利用7个不同株高的小麦品种双列杂交的F₁及其亲本为材料,试图探明小麦株高及构成因素的遗传和株高与其构成因素间的相关性,为小麦高产抗倒育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2009年春选取植株高度有一定差异的7个冬小麦品种作亲本,依次为宁麦8号(P1)、宁麦9号(P2)、扬麦5号(P3)、扬麦9号(P4)、扬麦11号(P5)、苏麦3号(P6)、望水白(P7)。其中宁麦8号和扬麦9号为矮秆品种;宁麦9号为半矮秆品种;扬麦5号和扬麦11为中秆品种;苏麦3号和望水白为高秆品种。

1.2 试验设计

按 Griffing 双列杂交模型 II,配制成 21 个杂

交组合,同年秋种植 F₁ 及亲本,共 28 个遗传型。田间按随机区组排列,重复 3 次,2 行区,行长 1.5 m,行距 25 cm,株距 4 cm。试验在江苏省农业科学院试验田进行,田间管理措施同大田栽培。

1.3 测定项目

乳熟末期各区随机取 10 个单株的主茎测定株高、穗长、倒一节间(穗下节或称穗颈节)、倒二节间、倒三节间、倒四节间(基部第二节间)和倒五节(基部第一节间)的长度。

1.4 数据统计分析

遗传模型分析及遗传参数估计均按 Hayman 双列分析法^[12]进行,同时进行了株高与构成因素间的相关和通径分析。

2 结果与分析

2.1 方差分析结果

表 1 的 F 测验表明,株高及构成因素的基因型间方差均达极显著水平,说明各性状存在较大的遗传变异,可进一步采用 Haman 提出的 W_r/V_r 回归分析法对各性状遗传模型进行测验。

2.2 遗传模型分析

模型适合性检验目的是检验各性状是否适合 Hayman 提出的加性-显性模型,以及上位性的存在与否。为使分析结果较为可靠,用两种方法进行遗传模型测验。

2.2.1 W_r/V_r 回归分析

株高及构成因素的 W_r/V_r 直线回归分析结果(表 2)表明,它们的直线回归系数 b 与 0 的差异均达极显著,与 1 的差异不显著,由此可见株高

表 1 株高及构成因素的方差分析

Table 1 Variance analysis of plant height and its components

性状 Characters	均方 MS		F 值 F value
	基因型 Genotype	机误 Error	
株高 Plant height	917.8551	5.9367	154.61**
穗长 Spike length	3.0774	0.1463	21.04**
倒 1 节间长 1st internode length	146.2847	1.2664	115.51**
倒 2 节长 2nd internode length	52.2860	0.5187	100.80**
倒 3 节长 3rd internode length	27.4978	0.6599	41.67**
倒 4 节长 4th internode length	10.8766	0.3528	30.83**
倒 5 节长 5th internode length	8.1164	0.1902	42.67**

** 表示差异达极显著水平($P < 0.01$),下同。

** indicates difference significant at 1% level. The same are as in table 2 and table 4.

表2 株高及其构成因素 W_r 对 V_r 的回归分析

Table 2 Regression analysis of W_r on V_r for plant height and its components

项目 Item	株高 Plant height	穗长 Spike length	倒1节长 1st internode length	倒2节长 2nd internode length	倒3节长 3rd internode length	倒4节长 4th internode length	倒5节长 5th internode length
a	118.6796	0.0410	18.9015	5.7765	3.2276	1.3152	1.3900
b	0.9808	1.1971	0.9478	0.9464	0.9995	0.9695	1.0193
t_{a0}	16.4365**	0.2584	8.6186**	12.6622**	9.7998**	10.2724**	18.2162**
t_{b0}	23.2417**	5.2214**	12.0893**	21.2449**	17.0553**	15.8602**	18.6981**
t_{b1}	0.4550	0.8596	0.6658	1.2045	0.0085	0.4992	0.3541

及构成因素的遗传符合加性-显性模型。由回归截距 a 的测验结果可知,穗长的回归截距 $a > 0$, 但与 0 差异不显著,说明该性状属完全显性遗传;株高、倒一、倒二、倒三、倒四和倒五节长的回归截距 $a > 0$, 且与 0 差异极显著,说明这些性状呈部分显性遗传。

2.2.2 $W_r - V_r$ 和 $W_r + V_r$ 方差分析

一般认为, $W_r - V_r$ 的异质性是由非等位基因的相互作用即基因的上位性效应引起的, $W_r + V_r$ 的多样性是由显性效应引起的。因此,可以分别通过对 $W_r - V_r$ 和 $W_r + V_r$ 的同质性测验来

判断上位性与显性效应是否存在。从表3可以看出,株高及构成因素的 $W_r - V_r$ 值在公共亲本间差异均未达到显著水平,说明这些性状不存在显著的上位性效应,其遗传符合加性-显性模型,此结论与 W_r/V_r 直线回归分析结果完全相同。由 $W_r + V_r$ 值的方差分析结果可知,株高、穗长、倒一节长、倒二节长和倒三节长的 $W_r + V_r$ 值达到显著或极显著水平,说明这些性状存在显著的显性效应;而倒四节长、倒五节长的 $W_r + V_r$ 值未达到显著水平,说明这两个性状不存在显著的显性效应。

表3 $W_r + V_r$ 和 $W_r - V_r$ 的方差分析

Table 3 Variance analysis for $W_r + V_r$ and $W_r - V_r$

性状 Characters	变异来源 Source of variation	自由度 DF	$W_r + V_r$		$W_r - V_r$	
			MS	F	MS	F
株高 Plant height	公共亲本间 BP	6	35 098.9010	11.23**	82.2536	1.17
	公共亲本内 WP	14	3 126.3429		70.4352	
穗长 Spike length	公共亲本间 BP	6	0.7778	4.26*	0.1018	0.89
	公共亲本内 WP	14	0.1827		0.1147	
倒1节长 1st internode length	公共亲本间 BP	6	1 226.6321	12.07**	11.9184	2.02
	公共亲本内 WP	14	101.6309		5.8887	
倒2节长 2nd internode length	公共亲本间 BP	6	142.8857	7.68**	0.6366	1.51
	公共亲本内 WP	14	18.6104		0.4216	
倒3节长 3rd internode length	公共亲本间 BP	6	75.6898	5.13**	0.9972	1.59
	公共亲本内 WP	14	14.7575		0.6269	
倒4节长 4th internode length	公共亲本间 BP	6	5.4935	2.62	0.1401	1.02
	公共亲本内 WP	14	2.0976		0.1374	
倒5节长 5th internode length	公共亲本间 BP	6	2.4672	2.47	0.0278	0.42
	公共亲本内 WP	14	0.9982		0.0662	

* 和 ** 分别表示差异达显著 ($P < 0.05$) 和极显著水平 ($P < 0.01$), 下同。

* and ** indicate difference significant at the 5% and 1% levels, respectively. The same are as in the following tables.

BP: between common parents; WP: within common parents.

2.3 亲本显隐性基因的分布及其作用方向

图1~7表明株高及其构成因素符合加性-显性模型的回归直线。依据各亲本在 W_r/V_r 回归图形上的位置,可以推断亲本中显隐性基因的分布。有较多显性基因的亲本具有较低的 W_r 、 V_r 值,位于回归线的左下方,而有较少显性基因的亲本具有较大的 W_r 、 V_r 值,位于回归线的右上方。

从图1可以看出, P1(宁麦8号)、P5(扬麦11)、P2(宁麦9号)和 P4(扬麦9号)具有较多控制株高遗传的隐性基因, P6(苏麦3号)和 P3(扬麦5号)则大约具有等量的控制株高遗传的显性基因和隐性基因,而 P7(望水白)则具有最多控制株高遗传的显性基因。由图2可知, P7(望水白)和 P4(扬麦9号)具有较多控制穗长遗传的显性基因, P1

1: 宁麦 8 号;2: 宁麦 9 号;3: 扬麦 5 号;4: 扬麦 9 号;5: 扬麦 11;6: 苏麦 3 号;7: 望水白。下同。

1: Ningmai 8; 2: Ningmai 9; 3: Yangmai 5; 4: Yangmai 9; 5: Yangmai 11; 6: Sumai 3; 7: Wangshuibai. The same are as in following figures.

图 1 株高 W_r 依 V_r 的回归直线

Fig. 1 Regression of W_r on V_r for plant height

图 2 穗长 W_r 依 V_r 的回归直线

Fig. 2 Regression of W_r on V_r for spike length

图 3 倒一节长 W_r 依 V_r 的回归直线

Fig. 3 Regression of W_r on V_r for first internode length

(宁麦 8 号)、P2(宁麦 9 号)和 P5(扬麦 11)具有较多控制穗长遗传的隐性基因。由图 3 可知,关于倒一节间长,携带较多显性基因的亲本是 P7(望水白)和 P3(扬麦 5 号),P4(扬麦 9 号)和 P5(扬麦 11)具有较多的隐性基因。由图 4 可知,控制倒二节间长,P7(望水白)具有最多的显性基因,P5(扬麦 11)和 P2(宁麦 9 号)具有较多的隐性基因。由图 5 可见,控制倒三节间长,P6(苏麦 3 号)

图 4 倒二节长 W_r 依 V_r 的回归直线

Fig. 4 Regression of W_r on V_r for second internode length

图 5 倒三节长 W_r 依 V_r 的回归直线

Fig. 5 Regression of W_r on V_r for third internode length

图 6 倒四节长 W_r 依 V_r 的回归直线

Fig. 6 Regression of W_r on V_r for fourth internode length

和 P7(望水白)具有较多的显性基因,P1(宁麦 8 号)、P5(扬麦 11)和 P2(宁麦 9 号)具有较多的隐性基因。由图 6 可以看出,控制倒四节间长,P7(望水白)和 P6(苏麦 3 号)具有较多的显性基因,P1(宁麦 8 号)具有最多的隐性基因。由图 7 可知,控制倒五节间长,P4(扬麦 9 号)和 P5(扬麦 11)具有较多的显性基因,P7(望水白)具有最多的隐性基因。在各图中,同一亲本不同性状显隐

麦9号、半矮秆品种宁麦9号、中秆品种扬麦11具有控制株高、倒一、倒二、倒三、倒四节间长较多的隐性基因,因此,这4个品种在降低株高育种中有一定的利用价值。

根据 W_r+V_r 和 Y_r (亲本值) 间相关系数的正负,可以判断显性的方向。当 r 为正值时,高值为隐性,低值为显性;当 r 为负值时,高值为显性,低值为隐性。本试验结果表明,倒五节间长的 W_r+V_r 和亲本 Y_r 呈正相关($r=0.6535$),说明高值受隐性基因控制,低值受显性基因控制,显性基因起减效作用;株高、穗长、倒一、倒二、倒三、倒四节间长的 W_r+V_r 和 Y_r 均呈负相关(r 分别为 -0.8902^{**} , -0.9403^{**} , -0.6515 , -0.7805^* , -0.6267 , -0.8067^*),表明这些性状的遗传表现为高值受显性基因控制,低值受隐性基因控制,显性基因起增效作用。

图7 倒五节长 W_r 依 V_r 的回归直线

Fig. 7 Regression of W_r on V_r for fifth internode length

性基因分布有一定差异,因此在育种实践中应全面权衡亲本各性状,选择适宜的亲本,使得在杂交后代中能获得符合育种目标的个体,以提高育种效率。从本试验结果看,矮秆品种宁麦8号和扬

表4 株高及构成因素的遗传参数估计值

Table 4 Estimate of genetic parameters of plant height and its components

参数 Parameter	株高 Plant height	穗长 Spike length	倒1节长 1st internode length	倒2节长 2nd internode length	倒3节长 3rd internode length	倒4节长 4th internode length	倒5节长 5th internode length
D	519.3928**	1.6458**	84.4828**	25.9370**	16.1613**	5.7654**	5.9880**
F	-74.6724**	0.0556	-3.9771	-7.6749**	-1.0946	-1.3541**	1.2095**
H_1	49.7000**	0.8822**	14.1305**	4.1021**	2.7993**	0.5192**	0.3160**
H_2	44.3294**	0.8084**	10.7588**	3.5266**	2.6308**	0.4618**	0.2180**
$(H_1/D)^{1/2}$	0.3093	0.7321	0.4066	0.2149	0.4162	0.3001	0.2297
$[(4DH_1)^{1/2}+F]/[(4DH_1)^{1/2}-F]$	0.6229	1.0472	0.8918	0.4577	0.8495	0.4375	2.5691
$H_2/4H_1$	0.2230	0.2291	0.1904	0.2149	0.2350	0.2224	0.1725
K	3.5476	0.1803	2.0977	2.7068	0.8554	1.6096	0.1443
$h^2N/\%$	95.08	76.62	93.16	92.66	90.39	93.53	95.08

D :加性方差; F :显性和隐性等位基因的相对频率; H_1 、 H_2 :显性方差; $(H_1/D)^{1/2}$:平均显性度; $[(4DH_1)^{1/2}+F]/[(4DH_1)^{1/2}-F]$:亲本中显性和隐性基因的比例; $H_2/4H_1$:增减效等位基因比例; K :基因组数; $H_2N(\%)$:狭义遗传力

D , additive variance; F frequency of dominant and recessive alleles; H_1 、 H_2 , dominant variance; $(H_1/D)^{1/2}$, average degree of dominance; $[(4DH_1)^{1/2}+F]/[(4DH_1)^{1/2}-F]$, Ratio of dominant to recessive genes in parents; $H_2/4H_1$, proportion of positive and negative alleles in parents; K numbers of alleles; $H_2N(\%)$, narrow sense heritability.

表5 株高及其构成因素间的相关系数

Table 5 Genotypic correlation coefficient of plant height characters

性状 Characters	穗长 Spike length	倒1节长 1st internode length	倒2节长 2nd internode length	倒3节长 3rd internode length	倒4节长 4th internode length	倒5节长 5th internode length
株高 Plant height	0.6847**	0.9486**	0.9735**	0.9562**	0.9707**	0.8495**
穗长 Spike length		0.4666*	0.7224**	0.7221**	0.7234**	0.7850**
倒1节间长 1st internode length			0.9133**	0.8322**	0.8613**	0.6688**
倒2节长 2nd internode length				0.9153**	0.9269**	0.7683**
倒3节长 3rd internode length					0.9917**	0.9261**
倒4节长 4th internode length						0.9395**

2.4 遗传参数的估算

按 Hayman 双列杂交分析方法对株高及其构成因素进行了遗传参数估算(表4),可以看出:(1)株高及构成因素的加性效应方差 D 和显性效应方差 H_1 、 H_2 均达极显著水平,说明加性效应

和显性效应都真实存在,由于 $D>H_1$,说明株高及构成因素的遗传以加性效应更为重要。(2)株高及构成因素的平均显性度 $(H_1/D)^{1/2}<1$,说明显性程度为部分显性,这与回归分析完全一致。(3)株高、倒一、倒二、倒三、倒四节间长的 F 值为

负, $[(4DH_1)^{1/2} + F] / [(4DH_1)^{1/2} - F] < 1$, 表明其亲本所携带的隐性基因比显性基因要多; 而穗长和倒五节长的 F 值为正, $[(4DH_1)^{1/2} + F] / [(4DH_1)^{1/2} - F] > 1$, 说明其亲本所携带的显性基因比隐性基因要多。(4) 株高及构成因素的 $H_2/4H_1$ 值均 < 0.25 , 且株高、倒二、倒四、倒五节长的 F 值达极显著, 表明亲本中这些性状的增减效等位基因频率分布不对称。(5) K 值反映了控制该性状并显示显性的基因组数, 穗长、倒三、倒五节间长可能受 1 对主效基因控制; 倒四节间长可能受 1~2 对主效基因控制; 倒一和倒二节间长可能受 2~3 对主效基因控制; 株高可能受 3~4 对主效基因控制。(6) 狭义遗传力除穗长 $< 80\%$ 以外, 其余性状的狭义遗传力均 $> 90\%$, 说明株高及构成因素的遗传力高, 早代选择有效。

表 6 株高及其构成因素间的通径系数

Table 6 Path analysis of between plant height and its components

性状 Characters	穗长 Spike length	倒 1 节长 1st internode length	倒 2 节长 2nd internode length	倒 3 节长 3rd internode length	倒 4 节长 4th internode length	倒 5 节长 5th internode length
穗长 Spike length	<u>0.0532</u>	0.1930	0.1553	0.1241	0.0688	0.0809
倒 1 节间长 1st internode length	0.0241	<u>0.4258</u>	0.1991	0.1430	0.0812	0.0700
倒 2 节长 2nd internode length	0.0377	0.3870	<u>0.2191</u>	0.1583	0.0879	0.0808
倒 3 节长 3rd internode length	0.0376	0.3472	0.1976	<u>0.1755</u>	0.0950	0.0968
倒 4 节长 4th internode length	0.0379	0.3578	0.1994	0.1725	<u>0.0966</u>	0.0983
倒 5 节长 5th internode length	0.0404	0.2798	0.1662	0.1594	<u>0.0892</u>	0.1065

下划线为直接通径系数。Underline indicates direct path coefficient.

3 讨论

3.1 关于株高及其构成因素基因的数目

一般认为, 小麦株高性状表现为多基因控制的数量性状的遗传特征。Halloran^[13]利用 8 个小麦亲本双列杂交的 28 个 F_1 、 F_2 杂交组合研究了小麦株高的遗传, 结果表明, 高秆为显性, 矮秆为隐性, 株高至少由二组显性基因控制。李泽宇^[5]利用 7 个亲本双列杂交的 28 个 F_1 杂交组合研究了小麦 5 个产量性状的基因组数, 结果表明, 株高、穗长都是由一组基因控制的, 另有一些微效基因起辅助作用。李斯深等^[14]利用重组自交系群体进行质量-数量性状分析表明, 株高是由 2 对连锁的主基因和微效基因共同控制。李俊周等^[15]利用 DH 群体研究表明, 控制株高、穗长和穗下节长的基因数目分别为 5、10 和 6 对。近年来, 许多学者对株高性状的 QTL 进行了定位研究。李文才等^[16]认为与穗长和株高相关的 QTL 分别位于 5D 和 1D 染色体上。Shah 等^[17]以单个染色体重组代换系为材料, 在 3A 和 4A 染色体上发现 2 个

2.5 株高及其构成因素间的相关和通径分析

由表 5 可知, 株高与其 6 个构成因素间均呈极显著正相关, 尤其与倒一、倒二、倒三、倒四节间长的相关系数最大, 说明株高与此 4 个性状关系最密切。此外, 株高构成因素之间也存在显著或极显著的正相关。

为进一步明确株高与其构成因素间的关系, 以株高为依变量, 各株高构成因素为因变量, 进行了通径分析(表 6), 由表 6 可知, 株高构成因素对株高的直接作用为倒一节长(0.4258) $>$ 倒二节长(0.2191) $>$ 倒三节长(0.1755) $>$ 倒五节长(0.1065) $>$ 倒四节长(0.0966) $>$ 穗长(0.0532), 并且穗长和下部各节也通过上部茎节, 尤其是穗下节间的间接效应作用于株高。

与小麦株高有关的 QTL。王竹林等^[18]利用百农 64 \times 京双 16 组合的 $F_{2,3}$ 株系群体检测到 3 个控制株高的 QTL, 分别位于 2B、4D 和 6A 染色体上。周森平等^[19]利用江苏地方品种望水白与墨西哥小麦品种 Alondra 杂交构建的重组自交系群体检测到 4 个影响小麦株高的 QTL, 它们分别位于 1D、2B、4A 和 4D 染色体上。王岩等^[20]利用 IF_2 群体检测到与株高相关的 QTL 7 个, 分别位于染色体 2D、3A、4B、4D、5B 和 6D 上。Zhang 等^[21]利用 168 个双单倍体群体检测到 9 个与小麦株高有关的 QTL, 分布在 3A、4B、4D、5A、6A、7B 和 7D 染色体上。本研究结果表明, 株高的遗传可能涉及 3~4 对主效显性基因控制, 其构成因素可能涉及 1~3 对主效基因控制。笔者认为, 估算主效基因组数的多少可能因试验环境、供试材料和试验设计的不同而有所差异。至于株高及构成因素究竟受多少对主基因控制、是否存在微效基因、以及基因分布在哪几条染色体上还有待进一步研究。

3.2 关于株高的选育

本研究结果表明,小麦株高的遗传受加性效应和显性效应的共同作用,以加性效应为主,显性程度表现为部分显性,遗传力高,这与多数学者的研究结果^[1-4,18]相符。穗长、倒一、倒二、倒三、倒四、倒五节间长的遗传特点与株高完全一致。株高及构成因素以加性效应和显性效应共同控制的遗传方式表明,杂交F₁的性状表达不仅受亲本性状的数值的影响而且也受等位基因间相互作用的影响。因此,在杂交育种中,一方面应注意双亲的株高,尽量避免使用植株偏高的品种作亲本;另一方面株高的高值受显性基因控制,因而杂种早代高秆这一性状就易于表现。笔者在育种实践中也发现,F₁代株高常常表现中间型甚至高于双亲平均值,表现较明显的正向优势。因此,在与矮秆亲本杂交后,株高出现正向优势并不意味着后代不能分离出矮秆的个体。此外,由于株高及构成因素的遗传力高,因此在早代就可以对这些性状进行选择。本研究发现,株高与其构成因素呈极显著的遗传正相关,在株高构成因素中,穗下节间长对株高的作用最大,其次为倒二节间长,因此,通过严格选择穗下节间和倒二节间的长短,可以控制植株的高度。但穗下节间并不是越短越好,穗下节间是穗部重要支撑器官,与形成小麦大穗关系密切。张铁山等^[22]研究认为,小麦穗颈长与群体产量相关密切,对群体产量具有较大的正效应。吴同彦等^[23]认为穗颈节长与穗粒数呈显著正相关。姚金保等^[23]研究表明,穗颈长与每穗粒数、千粒重、单穗粒重和单株产量呈微弱的遗传正相关。所以,育种工作者在进行选种时不能片面只追求穗颈节的长或短,而应和株高统筹考虑,株高在相同前提下选择穗颈较长的材料对产量有一定正向作用。育种实践表明,选择穗下节间长度适中,基部节间短而粗,节间长度配置合理,半矮秆或中秆类型的小麦品种更有利于提高其抗倒性和产量潜力。

参考文献:

[1]胡延吉.小麦数量性状的基因效应分析[J].山东农业大学学报,1991,22(1):17-24.
 [2]张利华,许梅芬.小麦收获指数和其它几个农艺性状的基因效应分析[J].核农学报,1997,11(3):135-140.
 [3]Khan A S,Khan M R,Khan T M,*et al.* Genetic analysis of plant height, grain yield and other traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. International Journal of Agriculture & Biology, 2000, 2(1):1-4.
 [4]Dere S, Yildirim M B. Inheritance of plant height, tiller number per plant, spike height and 1000-kernel weight in a 8×8

diallel cross population of bread wheat [J]. Cereal Research Communications, 2006, 34(2): 965-972.
 [5]李泽宇.春小麦数量性状的遗传模型分析[J].黑龙江农业科学, 1999(3):7-10.
 [6]Saleem M, Chowdhry M A, Kashif M, *et al.* Inheritance pattern of plant height, grain yield and some leaf characteristics of spring wheat [J]. International Journal of Agriculture & Biology, 2005, 7(6): 1015-1018.
 [7]白云凤,唐朝晖,李希陵,等.小麦几个数量性状不同生长时期的基因效应分析[J].华北农学报, 1997, 12(3): 11-16.
 [8]范平,詹克慧,孙建英,等.小麦主要性状的遗传模型分析[J].河南农业大学学报, 1999, 33(3): 231-234.
 [9]Novoselovic D, Baric M, Drezner G, *et al.* Quantitative inheritance of some wheat plant traits [J]. Genetics and Molecular Biology, 2004, 27(1): 92-98.
 [10]杨兆生,阎素红,王俊娟.不同种植方式下小麦株高构成因素的相关研究[J].麦类作物(已更名为“麦类作物学报”), 1999, 19(4): 17-19.
 [11]赵万春,王红.小麦株高及其构成因素的遗传和相关性研究[J].麦类作物学报, 2003, 23(4): 28-31.
 [12]刘来福,毛盛贤,黄远樟.作物数量性状遗传[M].北京:农业出版社, 1984.
 [13]Halloran G M. Genetic analysis of plant height in wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1975, 45: 368-375.
 [14]李斯深,陈茂学,王洪刚.利用重组自交系(RILs)群体进行质量-数量性状的遗传分析-遗传模型和小麦产量性状遗传[J].作物学报, 2001, 27(6): 896-904.
 [15]李俊周,刘艳阳,何宁,等.小麦DH群体数量性状的遗传分析[J].麦类作物学报, 2005, 25(3): 16-19.
 [16]李文才,李涛,赵逢涛,等.小麦D基因组产量性状QTL定位[J].华北农学报, 2005, 20(1): 23-26.
 [17]Shah M M, Gill K S, Baenziger P S, *et al.* Molecular mapping of loci for agronomic traits on chromosome 3A of bread wheat [J]. Crop Science, 1999, 39: 1728-1732.
 [18]王竹林,王辉,孙道杰,等.小麦株高的QTL分析[J].西北农林科技大学学报(自然科学版), 2008, 36(12): 59-63.
 [19]周森平,黄益洪,任丽娟,等.利用重组自交系检测小麦株高的QTL[J].江苏农业学报, 2004, 20(4): 201-206.
 [20]王岩,李卓坤,田纪春.利用永久F₂群体定位小麦株高的QTL[J].作物学报, 2009, 35(6): 1038-1043.
 [21]Zhang K P, Tian J C, Zhao L, *et al.* Mapping QTLs with epistatic effects and QTL×environment interactions for plant height using a doubled haploid population in cultivated wheat [J]. Journal of Genetics and Genomics, 2008, 35(2): 119-127.
 [22]张铁山,韩金梅,韩杰.春小麦穗颈遗传特性及其育种价值[J].内蒙古农业科技, 2000(2): 18-19.
 [23]吴同彦,谢令琴,杨学举,等.小麦株高构成因素与产量及其他性状相关性的研究[J].河北农业大学学报, 2002, 25(3): 10-12, 18.
 [24]姚金保,姚国才,王书文,等.小麦穗颈长的遗传和育种价值[J].南京农专学报, 2003, 19(3): 9-12.