

文章编号:1000-8551(2012)02-0280-07

玉米雄穗主轴长度和分枝数的主基因 + 多基因遗传分析

王铁固 马娟 张怀胜 陈士林

(河南科技学院生命科技学院,河南新乡 453003)

摘要:以 PH4CV/昌 7-2(组合 I)和 PH6WC/7873(组合 II)的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 和 B_2 六世代群体为材料,用主基因 + 多基因六世代联合分离分析方法,研究了春播和夏播环境下雄穗主轴长度和雄穗分枝数的遗传规律。结果表明:2 个组合雄穗主轴长在春播环境下均符合 E-1 模型。夏播环境下,组合 I 雄穗主轴长符合 C-0 模型,组合 II 雄穗主轴长符合 E-3 模型。在 2 个环境下,组合 I 的雄穗分支数符合 D-2 模型,组合 II 的雄穗分支数符合 D-3 模型。春播环境下,组合 I 雄穗分支数表现为主基因遗传或以主基因遗传为主,主基因和多基因对 2 个组合雄穗主轴长的影响相当,可以采用单交重组或简单回交转育进行改良。夏播环境下,2 个组合雄穗主轴长和组合 II 雄穗分支数表现为多基因遗传或以多基因遗传为主,可以采用聚合回交或轮回选择累积增效基因的方法,以提高育种效率。

关键词:玉米;雄穗;主基因 + 多基因;遗传分析

**GENETIC ANALYSIS OF BRANCH NUMBER AND SPINDLE LENGTH
OF MAIZE TASSEL BY MAJOR GENES PLUS POLYGENES MODEL**

WANG Tie-gu MA Juan ZHANG Huai-sheng CHEN Shi-lin

(School of Life Science and Technology, Henan Institute of Science and Technology, Henan Xinxiang 453003)

Abstract: The joint segregation analysis of major genes plus polygenes mixed inheritance model was conducted to study the genetics of branch number and spindle length of maize tassel. The 6 generations (P_1 , P_2 , F_1 , B_1 , B_2 , and F_2) of 2 crosses, PH4CV/Chang 7-2 (cross I) and PH6WC/7873 (cross II), were grown in spring and summer seasons. Results suggested that in spring sowing environment, the branch number of tassel could be explained by genetic model E-1 in both 2 crosses. In summer season, the optimal model was C-0 for cross I, and E-3 for cross II. In both environments, the spindle length of tassel was governed by model D-2 in cross I, but by model D-3 in cross II. In spring season, branch number of tassel in two crosses were controlled or mainly controlled by major genes. The effect of major genes on spindle length of tassel was equal to that of polygenes. In order to improve the efficiency of maize breeding, single cross or simple backcross could be adopted. In summer season, spindle length of tassel in two crosses and branch number of tassel in cross II were controlled or mainly controlled by major genes. In order to improve the efficiency of maize breeding, repeated backcross or recurrent selection to cumulate positive alleles could be adopted.

Key words: maize; tassel; major genes plus polygenes; genetic analysis

决定理想玉米株型的雄穗性状主要包括雄穗大小、雄穗分枝数、花粉量大小等。目前,国内常用父本材料黄改系有雄穗大,花粉量充足等特点。Galinat^[1]

从玉米进化过程中株型的变化趋势,提出未来的超级玉米雄穗不宜太大。蔡一林等^[2]研究认为雄穗分枝数与穗粒性状基本不相关。丰光等^[3]的研究表明,雄

收稿日期:2011-12-05 接受日期:2012-01-17

基金项目:河南省科技攻关项目(102102110165),河南科技学院博士启动基金(2009012)。

作者简介:王铁固(1971-),男,河南伊川人,博士,讲师,主要从事玉米遗传育种工作。Tel:0373-3040337;E-mail: tieguwang@163.com

穗分支数与产量呈极显著负相关。刘元芝等^[4]也得出雄穗分枝数与单位面积产量间呈显著负相关。玉米杂交种及其亲本自交系,应在满足授粉条件下,尽量减少雄穗分枝数,以避免分枝过多既遮光又消耗养分,从提高净光合产物比率来提高产量。玉米品种先玉335及其亲本的选育为玉米雄穗性状的遗传改良指出了新的方向^[5]。

目前,许多学者已对玉米雄穗主要性状的分子生物学基础进行了研究,高世斌等^[6]、Mickelson等^[7]对玉米雄穗的主轴长和分支数进行了QTL定位,检测到若干该性状的QTL位点。分子标记辅助选择育种还有待于更多重要标记的发掘和应用,目前在常规育种手段中,一些重要性状的遗传模型分析还发挥着重要的指导作用。徐德林等^[8]对玉米雌穗扁平性状进行了遗传模型分析。而对玉米雄穗分枝数和雄穗主轴长的遗传模型研究少有报道。本试验利用主基因 + 多基因混合遗传模型,对玉米雄穗主轴长和分支数的基因效应进行分析,进一步研究其遗传规律,为选育理想雄穗株型玉米新品种提供参考。

1 材料和方法

1.1 试验材料与田间设计

2010年4月在河南科技学院玉米育种试验田春播种植PH4CV(先玉335母本)/昌7-2(组合I)、PH6WC(先玉335父本)/7873(组合II)的亲本P₁、P₂,并组配F₁。2010年冬在海南三亚播种其F₁及亲本,利用F₁和P₁、P₂组配回交群体B₁、B₂,F₁自交得到F₂,并利用P₁和P₂重新组配F₁。2011年4月20日(春播)和6月15日(夏播)在河南科技学院试验田播种P₁、P₂、F₁、B₁、B₂、F₂六个世代。春播和夏播条件下,均采用随机区组试验设计,行长6m,行距0.60m,株距0.33m,3次重复。P₁、P₂、F₁均每小区种植4行,B₁、B₂和F₂每小区分别种植6行、6行和8行。

1.2 性状调查

雄穗主轴长为雄穗最下一个分支的节点到主轴顶点的距离。雄穗分支数统计调查植株的所有雄穗分支,无论其分支长短和有有着生小花。

春播和夏播条件下,根据田间玉米植株生长情况,授粉结束后调查雄穗主轴长和雄穗分枝数。P₁、P₂和F₁分别调查20,20,25株,春播环境下B₁、B₂、F₂世代分别调查195,195,295株,夏播环境下B₁、B₂、F₂世代分别调查180,180,270株。

1.3 数据分析

利用盖钧镒等^[9~11]提出的P₁、P₂、F₁、B₁、B₂和F₂六世代联合分析法,通过比较24个遗传模型的AIC值(Akaike's information criterion)以及适合性测验,包括均匀性检验(U₁²、U₂²、U₃²)、Smirnov检验(_nW²)和Kolmogorov检验(D_n)结果,以AIC值小和适合性测验中统计量显著个数少为依据,确定最适模型,然后根据最适模型的分析结果,估计相应的主基因和多基因效应值、方差等遗传参数。

主基因遗传率:

$$h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$$

多基因遗传率:

$$h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$$

其中 σ_p^2 为群体的表型方差; σ_{mg}^2 为群体主基因遗传方差; h_{mg}^2 为群体主基因遗传率; σ_{pg}^2 为群体多基因遗传方差; h_{pg}^2 为群体多基因遗传率。

主基因 + 多基因六世代联合分离分析软件由南京农业大学章元明教授提供。当多基因模型存在上位性效应时,其一阶遗传参数采用Gamble^[12]提出的六参数模式计算。

2 结果分析

2.1 各世代雄穗主轴长和分支数的性状表现

春播和夏播环境下,2个组合雄穗主轴长和分支数各世代的均值、非分离世代的标准误和分离世代的方差结果列于表1。由表1可以看出,不同环境下,2个组合各亲本间雄穗主轴长和分支数差异均达到极显著水平,F₁均表现出超亲优势。分离世代均有一个较大的方差,表明分离世代有一个较大的变异范围。

2个组合分离世代雄穗主轴长在春播环境下的次数分布结果如图1所示。由图1可以看出,春播环境下,组合I和组合II雄穗主轴长在B₁世代均表现为单峰正态分布,B₂和F₂世代均表现为单峰偏态分布,说明可能存在主基因效应。

2个组合分离世代雄穗主轴长在夏播环境下的次数分布结果图2所示。由图2可以看出,夏播环境下,组合I的雄穗主轴长均表现为单峰正态分布,组合II的雄穗主轴长在B₁和B₂世代均表现为单峰正态分布,在F₂世代出现双峰分布。2个环境下雄穗主轴长均表现出不同程度的超亲分离。

2个组合分离世代雄穗分支数在春播环境下的次数分布结果如图3所示。由图3可知,春播环境下组合I雄穗分支数在B₁和F₂世代表现为双峰分布,B₂

世代表现为单峰偏态分布。组合 II 的雄穗分支数在 B₁ 世代表现为单峰正态, B₂ 和 F₂ 世代表现为多峰分布, 说明春播环境下 2 个组合均可能存在主基因。

表 1 雄穗主轴长和分支数 6 世代的表现

Table 1 Performance of spindle length and branch number of tassel in 6 generations

世代 generation	雄穗主轴长 tassel spindle length				雄穗分支数 tassel branch number			
	春播 spring sowing		夏播 summer sowing		春播 spring sowing		夏播 summer sowing	
	组合 I cross I	组合 II cross II	组合 I cross I	组合 II cross II	组合 I cross I	组合 II cross II	组合 I cross I	组合 II cross II
P ₁	29.88 ± 0.22A	30.88 ± 0.43A	35.95 ± 0.21A	28.11 ± 0.20A	5.60 ± 0.42A	9.55 ± 0.42B	6.85 ± 0.31A	8.75 ± 0.31B
P ₂	21.37 ± 0.28B	15.39 ± 0.35B	19.61 ± 0.21B	18.92 ± 0.29B	15.45 ± 0.73B	2.40 ± 0.32A	16.15 ± 0.68B	2.95 ± 0.23A
F ₁	33.84 ± 0.21	35.80 ± 0.33	31.69 ± 0.24	30.70 ± 0.22	16.72 ± 0.54	7.56 ± 0.32	16.48 ± 0.33	7.08 ± 0.26
B ₁	32.85 ± 10.3	27.85 ± 21.73	32.34 ± 5.24	25.90 ± 8.24	10.02 ± 11.93	10.75 ± 8.00	11.04 ± 6.44	8.69 ± 4.08
B ₂	28.22 ± 7.92	33.86 ± 15.99	25.60 ± 8.75	30.55 ± 10.43	19.32 ± 17.57	4.67 ± 2.09	16.34 ± 7.39	5.08 ± 2.86
F ₂	29.89 ± 13.37	31.47 ± 19.83	29.08 ± 7.77	27.85 ± 11.56	14.87 ± 20.24	6.96 ± 7.19	14.31 ± 0.27	6.54 ± 4.76

注: 同列数字后不同大写字母表示在 0.01 水平差异显著。

Note: Dates in the same column with different capital letters mean sifferent difference at 0.01 level.

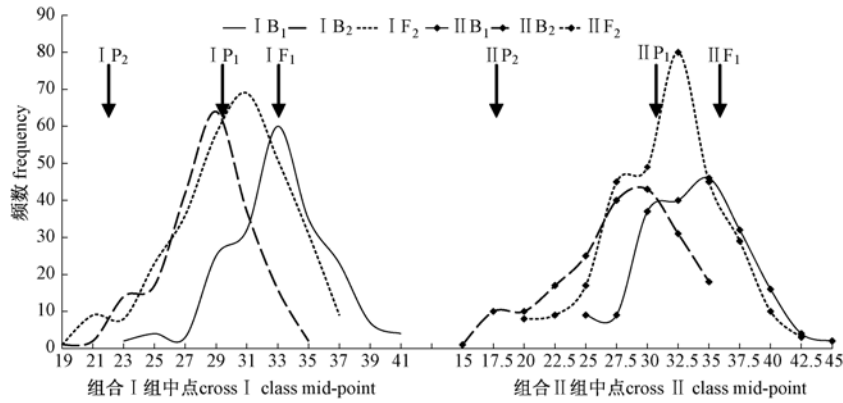


图 1 春播雄穗主轴长分离世代的次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of tassel spindle length of segregating generation in spring sowing

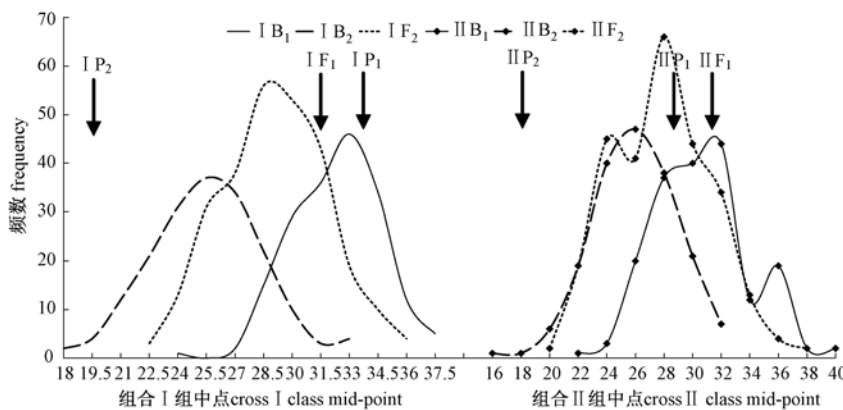


图 2 夏播雄穗主轴长分离世代的次数分布

Fig. 2 Frequency distribution of tassel spindle length of segregating generation in summer sowing

2 个组合分离世代雄穗分支数在夏播环境下的次数分布结果如图 4 所示。由图 4 可知, 夏播环境下组

合 I 雄穗分支数的分离世代均表现为多峰分布, 组合 II 的雄穗分支数在 B₁ 世代表现为单峰偏态分布, B₂

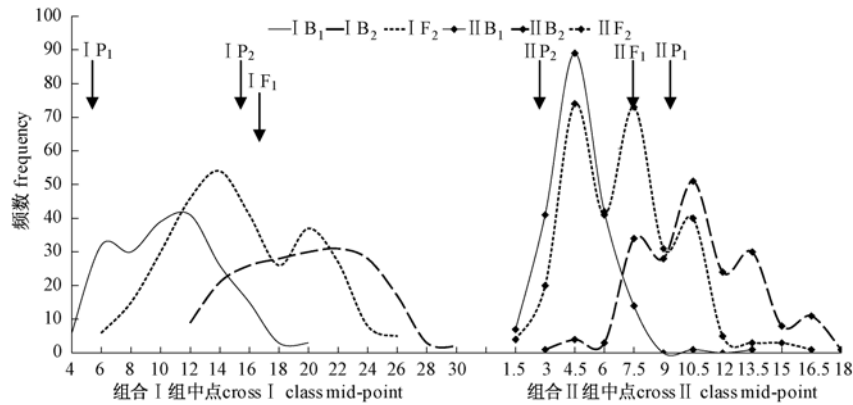


图3 春播雄穗分枝数分离世代的次数分布

Fig. 3 Frequency distribution of tassel branch number of segregating generation in spring sowing

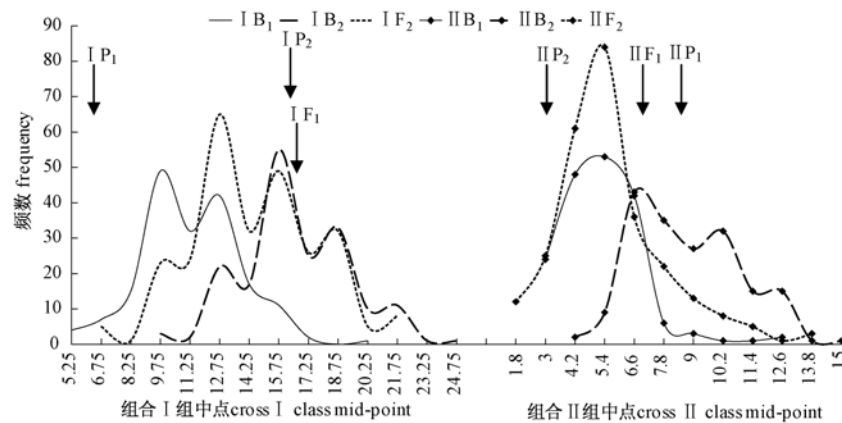


图4 夏播雄穗分枝数分离世代的次数分布

Fig. 4 Frequency distribution of tassel branch number of segregating generation in summer sowing

世代出现双峰分布, F_2 世代表现为单峰正态分布。2 个组合的分离世代在春播和夏播环境下均表现出不同程度的超亲分离。

2.2 雄穗主轴长和分枝数的最适模型及遗传参数估算

春播和夏播环境下 2 个组合的雄穗主轴长 AIC 值分析结果如图 5 所示。选取 AIC 值相对较小的 3 或 4 个遗传模型进行适合性检验。检验结果表明, 春播环境下, 雄穗主轴长组合 I 和组合 II 的最适模型均为 E-1。夏播环境下, C-0 为组合 I 雄穗主轴长的最适模型, 组合 II 雄穗主轴长符合 E-3 模型。

春播和夏播环境下 2 个组合的雄穗分枝数 AIC 值分析结果如图 6 所示。选取 AIC 值相对较小的 3 至 4 个遗传模型进行适合性检验。检验结果表明, 组合 I 和组合 II 的雄穗分枝数在春播环境下分别符合 D-2 和 D-3 模型。夏播环境下, 组合 I 和组合 II 的雄穗分枝数的最适模型分别为 D-2 和 E-3 模型。

春播和夏播环境下组合 I 雄穗主轴长的最适模型和遗传参数估算结果列于表 2。春播组合 I 雄穗主轴长检测到存在 2 对主基因, 最适模型为 E-1。2 对主基因的加性效应均为正向, 显性效应一正一负。1 对主基因表现为部分显性, 1 对为负向部分显性。上位性效应中显性 \times 显性效应最大, 为负向, 上位性效应累计为负向。多基因的加性和显性效应均为正向, 显性效应较大, 显性势小于 1。多基因的遗传率在 B_1 世代最大, 达到 73.11%, 主基因遗传率在 F_2 世代达到最大, 为 72.24%。春播组合 I 雄穗主轴长以主基因遗传为主。夏播环境下, 组合 I 没有检测到主基因, 是典型的多基因遗传模型 (C-0)。多基因的加性和显性效应均为正向, 多基因上位性效应累计为正向。多基因的遗传率在 B_2 世代最大, 为 87.99%。

春播和夏播环境下组合 II 雄穗主轴长的最适模型和遗传参数估算结果列于表 3。夏播组合 II 雄穗主轴长符合 E-3 模型。2 对主基因的加性效应一正一负,

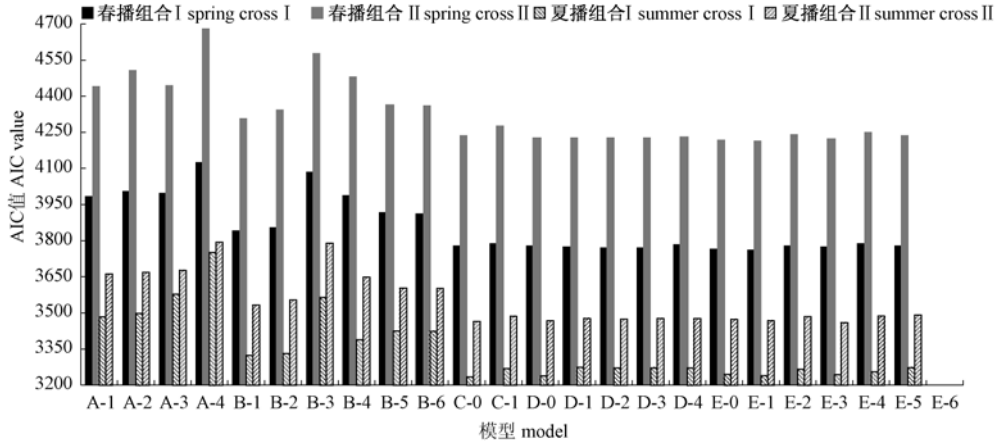


图 5 雄穗主轴长 24 个遗传模型的 AIC 值结果比较

Fig. 5 AIC values comparison of tassel spindle length of 24 genetic models

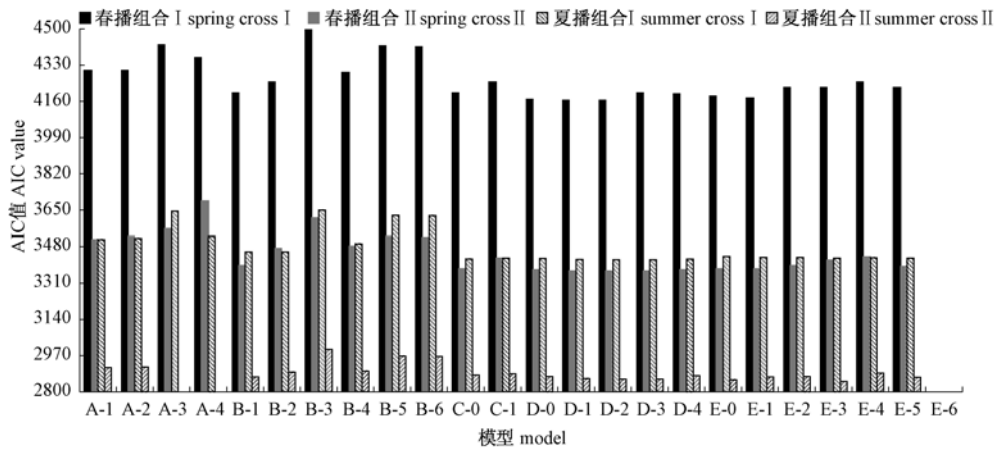


图 6 雄穗分支数 24 个遗传模型的 AIC 值结果比较

Fig. 6 AIC values comparison of tassel branch number of 24 genetic models

表 2 组合 I 雄穗主轴长的最适模型及遗传参数估算

Table 2 Estimates of genetic model and parameters of spindle length of tassel for cross I

环境 environment	模型 model	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	二阶参数 2nd-order parameters	估计值 estimate		
							B ₁	B ₂	F ₂
春播 spring sowing	E - 1	m	23.17	j _{ab}	-0.73	h ² _{pg} (%)	73.11	38.86	19.41
		d _a	2.88	j _{ba}	1.32	h ² _{mg} (%)	16.06	47.05	72.24
		d _b	0.83	l	-5.65	σ ² (%)	10.83	14.09	8.34
		h _a	4.73	[d]	0.58				
		h _b	-2.43	[h]	6.82				
		i	2.43						
夏播 summer sowing	C - 0	m	29.08	[i]	-0.48	h ² _{pg} (%)	79.96	87.99	86.50
		[d]	6.74	[j]	-1.43	σ ² (%)	20.04	12.01	13.50
		[h]	3.44	[l]	3.55				

第 2 对主基因的加性效应较大。多基因的加性和显性效应均为正。B₂ 世代具有较高的多基因遗传率 (87.99%), 主基因遗传率在 B₁ 世代最大, 为 44.70%。夏播环境下, 组合 II 雄穗主轴长以多基因遗传

传为主。春播组合 II 雄穗主轴长的最适模型为 E - 1。2 对主基因的加性效应一正一负, 显性效应也是一正一负。1 对主基因表现为正向超显性, 1 对表现为部分显性。加性 × 加性效应在上位性效应最大, 上位性效

应累计为正向。多基因的加性和显性均为正向。3 个分离世代的多基因遗传率在 26.55% ~ 45.35%。多基因遗传率在 F_2 世代最大(59.43%)。

表 3 组合 II 雄穗主轴长最适模型及遗传参数估算

Table 3 Estimates of genetic model and parameters of spindle length of tassel for cross II

环境 environment	模型 model	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	二阶参数 2nd-order parameters	估计值 estimate		
							B_1	B_2	F_2
春播 spring sowing	E-1	m	25.49	j_{ab}	-1.05	h_{pg}^2 (%)	45.35	31.10	26.55
		d_a	3.58	j_{ba}	19.72	h_{mg}^2 (%)	37.26	56.10	59.43
		d_b	-0.97	l	-4.32	σ^2 (%)	17.39	12.80	14.03
		h_a	0.87	[d]	0.79				
		h_b	-2.96	[h]	13.52				
夏播 summer sowing	E-3	i	25.49						
		m	24.04	[d]	3.81	h_{pg}^2 (%)	44.04	68.94	61.25
		d_a	-0.47	[h]	7.70	h_{mg}^2 (%)	44.70	16.81	28.70
		d_b	1.27			σ^2 (%)	11.26	14.25	10.05

根据确定的最适模型,组合 I 在春播和夏播环境下雄穗分支数的遗传参数估算结果列于表 4。春播环境下,组合 I 雄穗分支数符合 D-2 模型,存在 1 对主基因。一对主基因的加性效应为负向,多基因的加性效应也为负值,显性效应为正向。多基因遗传率在 B_1 和 F_2 世代均为 0, B_2 世代的多基因值较小,为 4.81%。主基因遗传率在 F_2 世代最大为 71.11%。环境的遗传率在 3 个分离世代均较大,分别为 49% ,33.28% ,

28.89%。春播组合 I 雄穗分支数以主基因遗传为主,环境次之,多基因对其影响较小。夏播环境下,组合 I 雄穗分支数也符合 D-2 模型。1 对主基因和多基因的加性效应均为负向,多基因的显性效应为正向。多基因的遗传率为 31.98% ,38.50% 和 32.46%。主基因的遗传率在 F_2 最大为 28.63%。环境的误差较大,在 B_1, B_2, F_2 分别为 66.26% ,58.47% 和 38.91%。

表 4 组合 I 雄穗分支数的最适模型及遗传参数估算

Table 4 Estimates of genetic model and parameters of tassel branch number for cross I

环境 environment	模型 model	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	二阶参数 2nd-order parameters	估计值 estimate		
							B_1	B_2	F_2
春播 spring sowing	D-2	m	10.92	[d]	-0.40	h_{pg}^2 (%)	0	4.81	0
		d	-5.38	[h]	6.80	h_{mg}^2 (%)	51.00	61.91	71.11
						σ^2 (%)	49.00	33.28	28.89
夏播 summer sowing	D-2	m	11.47	[d]	-3.31	h_{pg}^2 (%)	31.98	38.50	32.46
		d	-1.62	[h]	5.08	h_{mg}^2 (%)	1.77	3.04	28.63
						σ^2 (%)	66.26	58.47	38.91

根据确定的最适模型,组合 II 在春播和夏播环境下雄穗分支数的遗传参数估算结果列于表 5。春播环境下,组合 II 雄穗分支数也检测到存在 1 对主基因,最适模型为 D-3。1 对主基因的加性效应为负向,多基因的加性效应亦为负向,显性效应为正向。多基因遗传率在 B_2 世代最大为 67.66%。主基因的遗传率较小。环境的影响较大,尤其是在 B_1 世代高达 96.24%。夏播环境下,组合 II 雄穗分支数的最适模型亦为 D-3 模型。主基因和多基因的加性效应均为负向,多基因的显性效应为正向。多基因遗传率在 B_2 世代最大为 63.06%。主基因遗传率在 B_1 和 B_2 世代较

小,不到 1%, F_2 世代的主基因遗传率为 48.87%。环境对夏播组合 II 的影响较大,在 B_1 世代最高为 51.95%。夏播组合 II 雄穗分支数以多基因遗传为主。

3 讨论

玉米雄穗主轴长和雄穗分支数一般认为是典型的数量性状。现代统计工具和分子生物学的成果表明,控制数量性状的基因在大小上存在差异,在 DNA 结构上没有差别,一般把效应值大的称为主基因,把效应值小的称为多基因,主基因 + 多基因控制的性状更为普

表5 组合II雄穗分支数的最适模型及遗传参数估算

Table 5 Estimates of genetic model and parameters of tassel branch number for cross II

环境 environment	模型 model	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	一阶参数 1st-order parameters	估计值 estimate	二阶参数 2nd-order parameters	估计值 estimate		
							B ₁	B ₂	F ₂
春播 spring sowing	D-3	m	6.37	[d]	-3.36	h_{pg}^2 (%)	0.00	67.66	23.07
		d	-1.01	[h]	3.05	h_{mg}^2 (%)	3.76	0.49	41.48
						σ^2 (%)	96.24	31.85	35.45
夏播 summer sowing	D-3	m	6.08	[d]	-2.17	h_{pg}^2 (%)	47.51	63.06	19.94
		d	-0.93	[h]	2.38	h_{mg}^2 (%)	0.54	0.55	48.87
						σ^2 (%)	51.95	36.39	31.19

遍。主基因+多基因遗传体系的提出和完善^[9]为研究这类性状提供重要的理论支撑。本试验以玉米雄穗主轴长和雄穗分支数差异比较大的4个亲本组配2个玉米杂交组合,构建了2个六世代群体材料,用主基因+多基因六世代联合分离分析方法,对春播和夏播环境下玉米雄穗主轴长度和雄穗分枝数的遗传规律进行了探讨。

结果表明,春播和夏播环境下,组合PH4CV/昌7-2雄穗分支数均为D-2模型,组合PH6WC/7873的雄穗分支数均为D-3模型,2个组合均检测到存在1对主基因。吴建宇等^[13]研究中,检测到雄穗分支数符合D-1模型,还检测到其符合典型的多基因遗传模型。彭静等^[14]也检测到雄穗分支数符合多基因遗传模型。汤华等^[15]采用分子标记和QTL定位方法,检测到雄穗分支数存在一个较大的主效QTL,这与本文的研究结果吻合。组合PH4CV/昌7-2春播环境下,在F₂世代检测到存在一个较大的主基因遗传率为71.11%,以主基因遗传为主。夏播环境下,没有明显的主基因和多基因遗传率,这可能是由环境误差较大所致。组合PH6WC/7873在春播环境下,环境误差的遗传率较大。夏播环境下,雄穗分支数以多基因遗传为主,由于环境的影响较大,也可能由于夏播条件下,基因效应变小的原因,利用主基因+多基因混合遗传模型分析,没有发现较大的主基因或多基因效应。

组合PH4CV/昌7-2在春播环境下,雄穗主轴长的最适模型为E-1模型,以主基因遗传为主,在B₁世代存在一个较大的多基因遗传率为73.11%,F₂世代存在一个较大的主基因遗传率为72.24%。夏播环境下没有检测到主基因的存在,属于典型的多基因模型C-0,多基因遗传率在分离世代均较大,为79.96%~87.99%。组合PH6WC/7873在春播环境下,雄穗主轴长亦受E-1模型控制,不存在较大的主基因和多基因遗传率,以主基因遗传为主。夏播环境下,最适模型为E-3模型,以多基因遗传为主。总之,春播环

境下,2个组合雄穗主轴长均以主基因遗传为主,主基因和多基因对2个组合雄穗主轴长的影响相当,可以采用单交重组或简单回交转育的方法来提高育种效率。夏播环境下,组合PH4CV/昌7-2受典型的多基因模型控制,组合PH6WC/7873以多基因遗传为主,通过轮回选择和早代选择可提高雄穗主轴长的育种效率。

参考文献:

- [1] Galinat W C. Supermaize research [J]. Maize Genetics Cooperation News Letter, 1998, 72:82-83
- [2] 蔡一林,王久光,孙海燕,王国强. 玉米几个株型性状的遗传模型及其与穗粒性状的典型相关分析[J]. 作物学报, 2002, 28(6): 829-834
- [3] 丰光,刘志芳,李妍妍,景希强,邢锦丰,黄长玲. 中国不同时期玉米单交种的产量变化[J]. 中国农业科学, 2010, 43(2): 277-285
- [4] 刘元芝,谢甫绵,张洪钧,肖万欣. 不同肥力下玉米杂交种及其亲本雄穗性状与产量关系研究[J]. 玉米科学, 2010, 18(3): 31-36
- [5] 李妍妍,景希强,丰光,黄长玲. 我国不同时期玉米主要农艺性状与产量变化分析[J]. 玉米科学, 2010, 18(3): 37-42
- [6] 高世斌,赵茂俊,兰海,张志明. 玉米雄穗分枝数与主轴长的QTL鉴定[J]. 遗传, 2007, 29(8): 1013-1017
- [7] Mickelson S M, Stuber C S, Senior L, et al. Quantitative trait loci controlling leaf and tassel traits in a B73 x Mo17 population of maize [J]. Crop Sci, 2002, 42(6): 1902-1909
- [8] 徐德林,蔡一林,刘志斋,王久光,王国强,陈天青,吕学高. 玉米雌穗扁平性状的遗传研究[J]. 核农学报, 2007, 21(6): 557-561
- [9] 盖钧镒,章元明,王建康. QTL混合遗传模型扩展至2对主基因+多基因时的多世代联合分析[J]. 作物学报, 2000, 26(4): 385-391
- [10] 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
- [11] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of QTL model and effects [J]. Theor Appl Genet, 1998, 97:1162-1168
- [12] Gamble E E. Gene effects in corn (*Zea mays* L.) I. Separation and relative importance of gene effects for yield [J]. Plant Sci, 1962,

42: 339 - 348

[13] 吴建宇, 陈彦惠, 席章营, 夏宗良, 吴连成, 常胜合, 胡树军. 玉米雄穗性状主基因 - 多基因遗传的初步研究[J]. 河南农业大学学报, 2000, 34(2): 107 - 109

[14] 彭 静, 蔡一林, 徐德林, 王国强. 玉米株型性状多世代联合遗

传分析[J]. 生物数学学报, 2009, 24(1): 149 - 156

[15] 汤 华, 严建兵, 黄益勤, 郑用琰, 李建生. 玉米 5 个农艺性状的 QTL 定位[J]. 遗传学报, 2005, 32(2): 203 - 209

(责任编辑 王媛媛)

农业部公益性行业科研专项“核技术在高效、低碳农业中的应用” 项目执行交流会、中国原子能农学会八届五次常务理事会议及《核农学报》编委会会议在河南郑州同期召开

2012 年 4 月 11 - 12 日, 由中国原子能农学会主办, 河南省科学院同位素研究所有限责任公司承办的农业部公益性行业科研专项“核技术在高效、低碳农业中的应用”项目执行交流会、中国原子能农学会八届五次常务理事会议及《核农学报》编委会会议在河南省郑州市龙源大酒店成功召开。共有包括项目参加单位负责人及相关学者、学会常务理事会议成员及《核农学报》编委在内的 90 余位代表分别出席了会议。河南省科学院院长郭新和、纪委书记李海现、河南省科技厅政策法规与基础研究处处长杨梦琳及河南省农学会秘书长冯天福出席大会开幕式并致辞。

项目执行交流会上, 项目首席专家、浙江大学华跃进教授对 2011 年项目启动以来总体进展及阶段性成果向大家进行了介绍。随后, 各课题组负责人分别组织子课题专家进行了分组讨论, 并在会上向与会代表集中汇报了各课题研究进展、阶段性成果及 2012 年工作计划。会议就项目及下属课题管理过程中暴露出的问题进行了分析与讨论, 制定出解决和完善方案, 并要求各项目参与单位落实。为该项目下一阶段的有效推进, 本次会议特别邀请了江苏省里下河地区农业科学研究所陈秀兰所长及河南省科学院同位素研究所有限责任公司范家霖所长就本单位在科研管理、成果转化、开发应用等方面的宝贵经验进行了分享。华跃进教授在会上对大家这一年多来为该项目执行做出的贡献表示感谢, 并希望大家能够继续团结协作、克服困难、共同努力, 推动项目的进展, 为国家农业发展贡献更大的力量。

中国原子能农学会八届五次常务理事会议由学会常务副理事长华跃进教授主持, 理事长王志东研究员致辞, 共有 25 位常务理事出席了会议, 部分学会理事也积极参与并发言。学会秘书长哈益明教授先后作了 2011 年学会工作总结及 2012 年工作计划报告。会上, 代表们一致认为核农学科研工作者应时刻牢记学科的悠久历史和文化遗产, 2011 年学会应在继续开展学术交流、为广大核农学科技工作者提供服务的同时, 重点加强学会建设, 包括恢复使用中国原子能农学会徽标、组织老中青工作者交流活动、筹备 2014 年徐冠仁院士诞辰 100 周年纪念等工作, 并将这些活动作为长期性工作开展下去。以通过这些活动, 使处于科研一线的青年人充分了解核农学历史、追忆老一辈科技工作者革命精神、传承经过几十年风雨历练而继承下来的优秀的核农文化。会议责成学会秘书处继续修订 2012 年工作计划, 并按计划充分做好相关筹备工作。

《核农学报》2012 年编委会会议由编委会主任王志东研究员主持, 主编华跃进教授致辞, 24 位编委出席了会议。会上, 高美须副主编汇报了 2011 年学报工作情况, 与会编委针对学报目前存在的问题及未来发展交换了意见。编委们一致认为, 学报是国内核农学科研工作者交流的平台, 应不断提高其影响因子, 提高论文学术质量及应用价值, 力争将其发展成为核农学研究、应用和产业沟通的纽带, 并使之成为我国面向国际展示核农学发展的窗口。会议号召编委及编辑部工作人员共同努力, 携手使学报发展更上层楼。

本次三项会议, 对体现我国核农学整体科研实力、凝聚学科人才力量、增加学科影响力度起到至关重要的作用。所有核农学工作者将继续发扬团结一致、积极向上、努力拼搏的精神, 为推动我国农业科技进步、提高农民生活水平和农村经济贡献更大的力量。