

饲用小黑麦重组自交系群体草产量的相关性状分析

郭蕊,金星娜,常丹丹,杜文华*

(甘肃农业大学草业学院,草业生态系统教育部重点实验室,甘肃省草业工程实验室,中-美草地畜牧业可持续发展研究中心,甘肃 兰州 730070)

摘要:【目的】探究饲用小黑麦草产量的主要影响因素。【方法】以石大1号小黑麦与甘农7号小黑麦构建的重组自交系(RIL)群体为材料,对F₆代273个单株的6个草产量相关性状(株高、分蘖数、旗叶长、旗叶宽、穗下节间长和单株鲜重)进行表型鉴定和统计分析。【结果】6个性状变异系数范围为9.68%~64.10%,其中单株鲜重最大,其次是分蘖数、穗下节间长和株高,最后是旗叶长和旗叶宽;单株鲜重与分蘖数的相关系数最大(0.764),与穗下节间长的相关系数最小(0.052)。【结论】主成分分析将草产量相关性状综合为生物量构成因子和株高构成因子,累积贡献率为70.81%。本研究可为饲用小黑麦新品种选育提供参考。

关键词:小黑麦;RIL群体;草产量相关性状

中图分类号:S816.43 **文献标志码:**A **文章编号:**1009-5500(2024)03-0096-05

DOI:10.13817/j.cnki.cycp.2024.03.012



小黑麦(*×Triticosecale*)是由小麦属(*Triticum*)与黑麦属(*Secale*)基因组组合而成的人工合成物种^[1],它结合了小麦的品质和产量,同时具有黑麦的抗病性、抗逆性和赖氨酸含量高的特点^[2]。饲用小黑麦的优势则表现在生物产量大,营养价值高,生态适应能力强,且加工利用形式灵活多样等方面^[3]。此外,小黑麦的种植还具有成本低、收益大的特点,利用冬闲田与多种作物进行复种,不仅显著增加本地饲草的供应能力,还能够提高植被覆盖率,因而成为调整农业产业结构、农田生态化建设和荒漠化治理的重要作物^[4]。

近年来,由于小黑麦作为一种新型饲料作物的巨大潜力,生物量产量作为育种目标在小黑麦育种计划

中得到了越来越多的关注^[5]。我国小黑麦育种大多采用常规杂交育种方法,对目标性状的选择存在育种年限长,工作量大,选择盲目等问题^[6]。因此,提高草产量相关性状优良基因型选择的效率,是现有小黑麦育种研究的重点。小黑麦的草产量相关性状是由微效多基因控制的数量性状^[7],在自然群体或同一杂交后代群体的不同个体中常表现出数量差异,需要对整个群体进行系统测定和统计分析。由于小黑麦是部分异交物种,株高和分蘖数等重要农艺性状存在广泛遗传变异^[8],通过常规育种手段对其草产量相关的数量性状研究较为困难。QTL(Quantitative Trait Locus)定位是数量性状遗传研究的常用方法^[9],可通过构建遗传连锁图谱实现草产量相关性状遗传信息及等位基因的跟踪和选择。

目前,国内外研究者进行了大量有关小黑麦抗病性^[10-12]、抗倒伏性^[13]、耐盐碱性^[14]等相关性状的研究,但对于草产量相关性状的研究报道较少。朱琳等^[15]对小黑麦材料20个农艺和品质相关性状进行研究,为筛选小黑麦优良品种提供了参考。崔紫霞^[16]对六倍体小黑麦材料的性状遗传进行研究分析,发现旗叶

收稿日期:2022-05-30; **修回日期:**2022-09-08

基金资助:国家重点研发计划(2018YFD0502402-3);国家自然科学基金项目(31760702);甘肃省草地畜牧业可持续发展创新团队项目(2017C-11)

作者简介:郭蕊(1995-),女,甘肃漳县人,硕士研究生。

E-mail:1603688492@qq.com

*通信作者。E-mail:duwh@gsau.edu.cn

宽、旗叶长等性状具有较高的遗传力。王瑞清等^[17]利用农艺性状的加性-显性遗传模型,分析了小黑麦F₁,F₂代几个重要产量性状的遗传表现,表明单株产量、株高和穗下节间长的遗传率达到了显著水平。RIL群体基因型纯合,且重组程度高于F₂群体,能更准确反映小黑麦草产量相关性状的遗传变异。因此本研究拟以石大1号小黑麦(母本)与甘农7号小黑麦(父本)构建的重组自交系(RIL)群体为研究对象,对亲本及RIL群体的273个单株的株高、分蘖数、旗叶长、旗叶宽、穗下节间长和单株鲜重进行表型鉴定和统计分析,为这些数量性状在遗传育种、QTL定位和分子遗传学研究中提供参考,其结果可为高产饲用小黑麦新品种的选育提供理论指导。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料为石大1号小黑麦(母本)和甘农7号小黑麦(父本)及两者杂交构建的F₆代RIL群体。其中石大1号小黑麦是由新疆石河子大学将冬性小黑麦材料中的自然变异株经过连续单株选择培育而成的饲用小黑麦新品种,具有抗寒、耐瘠薄、抗倒伏等特点^[18];甘农7号小黑麦是由甘肃农业大学选育的基因型纯合且稳定性较好饲用小黑麦品种,具有高产、抗锈病、抗旱等优势。

群体构建:2013年秋季将亲本石大1号小黑麦与甘农7号小黑麦播种在临洮县育种基地(103°87' E, 35°37' N),2014年春季通过人工有性杂交方式获得杂种,并于2014年秋季进行播种,2个月后提取材料DNA,利用SSR分子标记进行真假杂种鉴定。自F₁代起连续自交,通过单粒传法,于2019年夏收获F₆代RIL群体籽粒。

1.2 试验方法

2019年10月15日将亲本与F₆代RIL群体同期播种在甘肃农业大学牧草试验站(105°41' E, 34°05' N)。点播种植,播种深度2~3 cm,株行距为15 cm×20 cm,行长3 m,共播种RIL群体14行,亲本各1行。土壤为黄绵土,前茬作物为空闲地,田间水肥管理同当地大田生产。

1.3 田间性状调查

成熟期调查亲本(各20株)及RIL群体273个单

株的草产量相关性状,性状调查参照国家草品种审定技术规程,具体方法见表1。

表1 草产量相关性状的观测

Table 1 Observation of forage yield related traits

草产量相关性状	考察记载方法
株高/cm	单株最高穗尖到地面的自然高度(不包括芒长)
分蘖数	单株株高大于10 cm的枝条数
旗叶长/cm	旗叶叶片叶耳至叶尖的距离
旗叶宽/cm	旗叶叶片最宽处的宽度
穗下节间长/cm	主穗穗基部至穗下第一节的距离
单株鲜重/kg	齐地面刈割后单株称重

1.4 数据分析

采用Microsoft Excel 2019软件整理分析试验数据和编辑图表,用IBM SPSS Statistics 25.0进行表型鉴定和统计分析。

2 结果与分析

2.1 RIL群体草产量相关性状的表型分析

对RIL群体的6个草产量相关性状进行描述性统计分析(表2),结果表明:单株鲜重的变异系数最大,为64.10%,变化范围在0.010~0.370 kg;分蘖数和穗下节间长的变异系数次之,分别为45.05%和34.29%,变化范围分别在1~17个和15.48~78.15 cm;株高和旗叶长的变异系数相对较小,分别为14.85%和10.59%,变化范围分别在65.74~172.76 cm和6.75~21.22 cm;旗叶宽的变异系数最小,为9.68%,变化范围在0.62~1.86 cm。单株鲜重、分蘖数和穗下节间长在RIL群体中的差异较大,表明三者可能具有较高的遗传潜力。与亲本相比,RIL群体的旗叶宽和穗下节间长的平均值大于双亲,株高、分蘖数、旗叶长和单株鲜重的平均值均介于双亲之间。

2.2 RIL群体草产量相关性状的相关分析

RIL群体6个草产量相关性状的相关分析(表3)表明,RIL群体的单株鲜重与其他草产量相关性状正相关($r>0$),其中与株高、分蘖数和旗叶宽极显著正相关($P<0.01$),与旗叶长显著正相关($P<0.05$)。单株鲜重与分蘖数的相关系数是0.764,是各性状与单株鲜重的相关系数中最大的,这说明分蘖数对单株鲜重的影响更大,其后依次是旗叶宽、株高、旗叶长和穗下

表2 亲本和RIL群体草产量相关性状的表现

Table 2 Phenotypic variation of the yield related characteristics in parents and RIL population

性状	亲本		RIL群体					
	石大1号	甘农7号	最大值	最小值	均值	极差	标准差	变异系数/%
株高/cm	88.14	137.85	172.76	65.74	121.38	107.02	18.02	14.85
分蘖数	4	13	17	1	7.42	16	3.34	45.05
旗叶长/cm	14.17	20.62	21.22	6.75	19.46	14.47	2.06	10.59
旗叶宽/cm	0.88	1.54	1.86	0.62	1.55	1.24	0.15	9.68
穗下节间长/cm	23.71	39.53	78.15	15.48	42.18	62.67	14.46	34.29
单株鲜重/kg	0.033	0.135	0.370	0.010	0.078	0.360	0.05	64.10

节间长,分别为0.364、0.163、0.139和0.052。单株鲜重是饲用小黑麦常规育种中一个极为重要的育种目标,因此在饲用小黑麦育种实践中可以把分蘖数、旗叶长、旗叶宽这3个直观性状作为其选择指标。此外,分蘖数与株高、穗下节间长极显著负相关($P<0.01$),相关系数分别为-0.208、-0.226,与旗叶长、旗叶宽

均显著正相关($P<0.05$),相关系数分别为0.155、0.136。穗下节间长与株高极显著正相关($P<0.01$),相关系数为0.791,与旗叶宽呈极显著负相关($P<0.01$),相关系数为-0.210,与旗叶长显著负相关($P<0.05$),相关系数为-0.157,由此可见,各草产量相关性状之间是相互影响的。

表3 RIL群体中草产量相关性状之间的相关分析

Table 3 Correlation coefficients of the yield related characteristics in the RIL population

性状	株高	分蘖数	旗叶长	旗叶宽	穗下节间长
分蘖数	-0.208**				
旗叶长	-0.063	0.155*			
旗叶宽	0.005	0.136*	-0.047		
穗下节间长	0.791**	-0.226**	-0.157*	-0.210**	
单株鲜重	0.163**	0.764**	0.139*	0.364**	0.052

注:*,**分别表示在0.05,0.01水平上显著相关。

2.3 RIL群体草产量相关性状的主成分分析

为了更充分地揭示草产量相关性状中起主导作用的综合指标,对6个性状进行了主成分分析(表3),依据特征值大于1的主成分提取原则,共提取出2个主成分,累积贡献率达70.811%,这2个主成分可以概括绝大部分相关信息。

第1主成分的特征值为2.342,贡献率为39.029%,对应的特征向量中以单株鲜重、分蘖数、旗叶长、旗叶宽的分量值较高,因此第1主成分可称为生物量构成因子。以此向量作为线性组合系数而得到的综合指标越大,则对应的小黑麦材料的生物量越大,越有利于小黑麦草产量的提高,因此在饲用小麦的高产育种中,应考虑该主成分的适当加大;第2主成分的特征值为1.907,贡献率为31.782%,对应的特征向量中以株高和穗下节间长的分量值较高,因此第2主成分可称为株高构成因子。此外,单株鲜重、分蘖

数和旗叶宽对第2主成分有负向作用,以此向量作为线性组合系数而得到的综合指标越大,则表现出株高越高,但单株鲜重、分蘖数和旗叶宽反而会降低,考虑到单株鲜重、分蘖数和旗叶宽的降低会影响小黑麦的草产量,因此在小黑麦育种时,该主成分不易过大。综上,在饲用小黑麦的高产育种中,应注意第1主成分适量加大,第2主成分尽量减小的综合考虑。

3 讨论

饲用小黑麦的应用主要在于生物量,为满足生产,育种工作者通常把草产量相关性状作为饲用小黑麦种质资源鉴定评价的重要依据。郭建文等^[19]对饲用小黑麦杂交 F_1 代进行研究分析,发现 F_1 代群体的株高、分蘖数和单株生物量表现出明显的杂种优势。刘晶等^[7]研究表明,饲用小黑麦杂交 F_2 代群体的株高、分蘖数和单株生物量均具有超亲现象。本研究以饲用

表4 各主成分贡献率和累积百分率

Table 4 Principal component contribution rate and cumulative percentage

性状	第1主成分/%	第2主成分/%
株高	0.203	0.909
分蘖数	0.771	-0.336
旗叶长	0.710	0.220
旗叶宽	0.670	-0.181
穗下节间长	0.120	0.938
单株鲜重	0.860	-0.084
贡献率	39.029	31.782
累计贡献率	39.030	70.810
特征值	2.342	1.907

小黑麦F₆代RIL群体为材料,发现株高、分蘖数和单株鲜重的平均值介于双亲之间。由于麦类作物较长的旗叶宽能够促进植株光合作用和碳水化合物的合成^[20-22],而较长的穗下节间长有利于光能利用和同化物向穗部转运^[23],本研究中旗叶宽和穗下节间长的平均值大于双亲,表明整个群体中这2个性状存在正向超亲优势。在育种工作中,种质资源群体的变异潜力是新品种选育的关键,其形态性状的变异系数越高,筛选出优良材料的潜力就越大^[24]。孙铭等^[25]对15份多花黑麦草的形态性状综合评价表明,多花黑麦草的草产量相关性状的变异系数为10.28%~39.15%,其中单株鲜重和单株干重的变异系数最高,分别为39.15%和36.59%。杨浩^[26]研究表明,105份六倍体野生燕麦的分蘖数、旗叶长、旗叶宽的变异系数均大于20%。本研究中6个性状的变异系数范围为9.68%~64.10%,其中单株鲜重、分蘖数和穗下节间长的变异系数较高,分别为64.10%、45.05%和34.29%,表明这3个性状在小黑麦RIL群体中可能具有较高的变异潜力,可作为初步筛选具有较高产草潜能材料的目标性状。

相关分析表明,饲用麦类作物产量性状间相互关系复杂,各性状间存在不同程度的相关性。张玥等^[27]研究表明,多花黑麦草的单株鲜重与株高的相关性最高($r=0.490$),与分蘖数的相关性相对较小($r=0.365$)。陶红等^[28]利用大麦高代品系进行饲草利用性能的研究,发现其鲜草产量与株高、分蘖数均呈极显著正相关。李冬梅等^[29]研究发现,小黑麦F₂代群体的单株鲜重与分蘖数的相关性最高($r=0.772$),与株

高的相关性相对较小($r=0.545$)。本研究表明,单株鲜重与分蘖数的相关性最高($r=0.764$),其次是旗叶宽($r=0.364$)、株高($r=0.163$)、旗叶长($r=0.139$)和穗下节间长($r=0.052$),这与李冬梅等^[30]的研究结果基本一致。本研究中小黑麦的分蘖数与旗叶长、旗叶宽呈显著正相关,因此在饲用小黑麦育种实践中分蘖数、旗叶长、旗叶宽这3个直观性状可作为单株鲜重的选择指标。根据以上研究发现,多花黑麦草和饲用大麦等作物的株高对单株鲜重的影响大于分蘖数,小黑麦则相反,其原因可能与自身遗传特性有关。

为进一步挖掘信息,本研究通过主成分分析法将6个草产量相关性状综合为2个主因子,其中生物量构成因子对饲用小黑麦单株鲜重的影响最大,具体由分蘖数、旗叶长、旗叶宽等形态性状指标表达,这与伍文丹^[30]等对于饲草型高羊茅的研究结果相似。通过这些性状对育种中间材料进行早期评价选择,有利于育种选择效率的提高。由于主成分排序对性状的作用大小不一致,且表型预测能力取决于目标性状的遗传结构^[31],因此在饲用小黑麦育种研究中还需结合分子标记和基因工程等现代分子育种手段。

4 结论

通过对小黑麦RIL群体F₆代273个单株的田间数据分析结果表明,在与草产量相关的6个性状中,变异系数由大到小依次为单株鲜重、分蘖数、穗下节间长、株高、旗叶长和旗叶宽;单株鲜重与分蘖数、旗叶宽和株高存在极显著正相关关系;主成分分析将草产量相关性状综合为生物量构成因子和株高构成因子。本研究初步探讨了小黑麦重组自交系群体草产量相关性状之间的关系,有助于育种选择效率的提高。

参考文献:

- [1] Kneeland J, Li C, Basarab J, *et al.* Identification and fine mapping of quantitative trait loci for growth traits on bovine chromosomes 2, 6, 14, 19, 21, and 23 within one commercial line of *Bos taurus* [J]. *Journal of animal science*, 2004, 82(12):3405-3414.
- [2] Alheit K V, Reif J C, Maurer H P, *et al.* Detection of segregation distortion loci in triticale (\times *Triticosecale* Wittmack) based on a high-density DArT marker consensus genetic linkage map [J]. *BMC genomics*, 2011, 12(1):

- 1—14.
- [3] 杨燕燕,孙宇,吴春会,等.应用CNCPS体系比较饲用小黑麦和燕麦草的营养价值组分[J].草地学报,2022,30(4):931—935.
- [4] 王兆凤,柏杉杉,姜彩霞,等.鲁北地区饲用小黑麦不同品种生产性能比较研究[J].山东农业科学,2020,52(8):36—40.
- [5] 何鹏亮,汪娅梅,揭红东,等.不同刈割期对饲用小黑麦草产量和营养品质的影响[J].草地学报,2021,29(11):2609—2614.
- [6] 李雪,李冬梅,田新会,等.饲草型小黑麦草产量相关性状QTL定位[C]//中国草学会第九次全国会员代表大会暨学术讨论会论文集,2016:142—153.
- [7] 刘晶,赵方媛,李冬梅,等.饲用型小黑麦遗传图谱构建及草产量相关性状QTLs初步定位[J].草地学报,2019,27(1):219—226.
- [8] Kuleung C, Baenziger P S, Dweikat I. Transferability of SSR markers among wheat, rye, and triticale[J]. Theoretical and Applied Genetics,2004,108(6):1147—1150.
- [9] 周利君,于超,常笑,等.月季F₁代群体表型性状变异分析[J].植物研究,2019,39(1):131—138.
- [10] Losert D, Maurer H P, Leiser W L, *et al.* Defeating the Warrior: genetic architecture of triticale resistance against a novel aggressive yellow rust race [J]. Theoretical and applied genetics,2017,130(4):685—696.
- [11] 赵方媛,李冬梅,田新会,等.饲草型小黑麦遗传图谱的构建及抗条锈QTL定位[J].农业生物技术学报,2018,26(4):576—584.
- [12] Wen A, Jayawardana M, Fiedler J, *et al.* Genetic mapping of a major gene in triticale conferring resistance to bacterial leaf streak [J]. Theoretical and applied genetics,2018,131(3):649—658.
- [13] Würschum T, Liu W, Busemeyer L, *et al.* Mapping dynamic QTL for plant height in triticale [J]. BMC genetics,2014,15(1):1—8.
- [14] 谢楠,赵海明,李源,等.饲用小黑麦品种全生育期耐盐性评价[J].草原与草坪,2013,33(3):62—68.
- [15] 朱琳,周镇磊,李云,等.小黑麦种质资源农艺与品质性状的分析与评价[J/OL].分子植物育种:1—13[2024-07-11]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220303.0901.002.html>.
- [16] 崔紫霞.六倍体小黑麦材料创制与重要性状遗传研究[D].杨凌:西北农林科技大学,2018.
- [17] 王瑞清,曹连蕾,李诚,等.小黑麦F₁、F₂产量性状的遗传率和群体杂种优势分析[J].麦类作物学报,2008,28(6):956—59.
- [18] 李诚,孔广超,艾尼瓦尔,等.冬性饲草型小黑麦新品种——石大1号小黑麦[J].麦类作物学报,2010,30(2):400.
- [19] 郭建文,李冬梅,田新会,等.小黑麦杂交F₁代鉴定及ISSR多态性分析[C]//中国草学会第九次全国会员代表大会暨学术讨论会论文集,2016:217—226.
- [20] 段娜宁,王伟,徐成体,等.高寒地区8种小黑麦生产性能比较研究[J].青海畜牧兽医杂志,2021,51(4):24—28,33.
- [21] 崔紫霞,张传量,冯洁,等.六倍体小黑麦重要性状的改良潜力探究[J].麦类作物学报,2018,38(8):914—921.
- [22] 王芳,宋艳红,阳文龙,等.小麦旗叶宽相关基因TaNAL1-5的克隆与功能分析[J].分子植物育种,2016,14(5):1037—1048.
- [23] 张秋红.植物营养器官变态漫谈[J].生物学教学,2005(1):55—56.
- [24] 郝峰,徐柱,李平,等.雀麦属13种植物形态遗传多样性研究[J].中国草地学报,2011,33(2):17—24.
- [25] 孙铭,符开欣,范彦,等.15份多花黑麦草优良引进种质的表型变异分析[J].植物遗传资源学报,2016,17(4):655—662.
- [26] 杨浩.以色列野生燕麦种质资源性状评价及SSR遗传多样性分析[D].贵阳:贵州大学,2021.
- [27] 张玥.多花黑麦草重要农艺性状和SSR分子标记的遗传多样性分析[D].雅安:四川农业大学,2018.
- [28] 陶红,沈会权,孙雪辉,等.二棱饲用大麦产量及其与主要构成因素的相关分析[J].大麦与谷类科学,2018,35(1):18—22,52.
- [29] 李冬梅.饲草型小黑麦的遗传图谱构建及草产量和抗锈病相关基因的QTL定位[D].兰州:甘肃农业大学,2016.
- [30] 伍文丹,雷雄,赵文达,等.饲草型高羊茅引进品种的表型变异分析[J].草业科学,2019,36(10):2622—2630.
- [31] Zhu X, Maurer H P, Jenz M, *et al.* The performance of phenomic selection depends on the genetic architecture of the target trait [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2022,135(2):653—665.

The dissolved inorganic phosphorus contents of eight bacterial strains were between 329.39 and 479.09 $\mu\text{g}/\text{mL}$ after culturing in PKO liquid medium for 10 d, of the eight strains, strain MPD4 had the highest amount of dissolved phosphorus. All eight bacterial strains belonged to the genus *Pseudomonas*. 【Conclusion】 The plant inoculation test showed that compared with the blank control, the eight strains could effectively promote the growth and development of ryegrass. This study provides an excellent strain resource for the further exploration of the growth-promoting effect of *Pseudomonas* phosphate-solubilizing bacteria and the production of microbial fertilizers.

Key words: *Pseudomonas*; phosphorus-dissolving bacteria; ryegrass; growth-promoting effect

(责任编辑 靳奇峰)

(上接100页)

Analysis on correlation characters of grass yield in recombinant inbred lines of forage triticale

GUO Rui, JIN Xing-na, CHANG Dan-dan, DU Wen-hua*

(College of Grassland Science, Gansu Agricultural University, Key Laboratory for Grassland Ecosystem, Ministry of Education, Grassland Engineering Laboratory of Gansu Province, Sino-U. S. Centers for Grazing Land Ecosystem Sustainability, Lanzhou 730070, China)

Abstract: 【Objective】 In order to explore the main influencing factors of the yield of forage-type triticale. 【Method】 The recombinant inbred line (RIL) population constructed from 'Shida No. 1' triticale and 'Gannong No. 7' triticale was used as the research object and the phenotypic identification and statistical analysis of 6 grass yield-related traits (plant height, tiller number, flag leaf length, flag leaf width, internode length under panicle and fresh weight per plant) of 273 plants of F6 generation were carried out. 【Result】 The results showed that the coefficient of variation ranged from 9.68% to 64.10%. The coefficient of variation of the fresh weight per plant was the largest, followed by those of the number of tillers, the length of the internodes under the panicle, the height of the plant, and the length of the flag leaf. And the coefficient of variation of the width of the flag leaf was the smallest. The correlation coefficient between fresh weight per plant and the number of tillers was the largest (0.764), the correlation coefficient with internode length below spike is the smallest (0.052). 【Conclusion】 By principal component analysis, the grass yield-related traits were integrated into biomass components and plant height components, and the cumulative contribution rate reached 70.81%. This study could provide a reference for the selection and breeding of new varieties of forage triticale.

Key words: triticale; RIL population; forage yield related traits

(责任编辑 刘建荣)