

胡麻 RIL 群体苗期抗旱性状的主基因+多基因遗传分析

王 斌¹, 王利民¹, 张建平^{1,2}, 谢亚萍¹, 牛早霞², 赵 利¹

(1. 甘肃省农业科学院作物研究所, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃农业大学农学院, 甘肃 兰州 730070)

摘 要:以抗旱品种定亚 17 号与抗旱敏感品种天亚 3 号构建的重组自交系群体为材料, 采用数量性状的主基因+多基因遗传模型分析方法对胡麻苗期株高、根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重、根长、叶干重、叶鲜重等 8 个性状的抗旱系数进行遗传模型分析。结果表明, 株高、根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重的最适遗传模型为 2MG-Inhibiting, 受 2 对抑制性主基因+加性多基因控制。根长、叶干重的最适遗传模型为 3MG-CEA, 受 3 对独立主基因+加性多基因控制。叶鲜重的最适遗传模型为 4MG-CEA, 受 4 对独立主基因控制。8 个性状主基因遗传率在 9.59%~50.96% 之间。

关键词:胡麻; 重组自交系群体; 苗期抗旱性; 主基因+多基因遗传模型; 遗传分析

中图分类号:S332.1 **文献标志码:**A

Genetic analysis of drought resistance using major gene plus polygene methods of oil flax RILs population at seedling stage

WANG Bin¹, WANG Li-min¹, ZHANG Jian-ping^{1,2}, XIE Ya-ping¹, NIU Zao-xia², ZHAO Li¹

(1. Crop Research Institute, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou, Gansu 730070, China;

2. College of Agronomy, Gansu Agricultural University, Lanzhou, Gansu 730070, China)

Abstract: The recombinant inbred lines (RILs) constructed by Dingya No.17 and Tianya No.3. Major gene plus polygene mixed inheritance model was explored to perform genetic analysis of eight traits with the RILs. The results indicated that optimal genetic model of plant height, root fresh weight, shoot fresh weight, root dry weight and shoot dry weight was 2MG-Inhibiting, controlled by two inhibiting major genes plus additive polygene mixed inheritance. The optimal genetic model of root length and leaf dry weight was 3MG-CEA, controlled by three independent major genes plus additive polygene mixed inheritance. The optimal genetic model of fresh leaf weight was 4MG-CEA, controlled by four independent major genes. In RILs populations, the major gene heritability of eight traits was at 9.59%~50.96%.

Keywords: oil flax, recombinant inbred lines, drought resistance, major gene plus polygene, genetic analysis

胡麻(*Linum usitatissimum* L.)是北方地区重要的油料作物,胡麻油含有对人体有益的 α -亚麻酸、胡麻籽富含木酚素和膳食纤维含量等多种营养保健成分。随着社会经济的发展和生活水平的提高,人们越来越注重食物中营养元素和功能性膳食纤维,胡麻籽独特的营养保健作用,受到人们越来越多的重视。胡麻主要分布在我国西北和华北地区干旱贫瘠的地区,该地区年降水量一般 400~500

mm,北部只有 200~300 mm,属于干旱半干旱农业生产区,干旱是造成胡麻产量低而不稳的最主要因素^[1]。胡麻生产面临着种植效益低,农民种植积极性下降,全国胡麻种植面积持续下滑等诸多问题。改良胡麻品种,提高胡麻抗旱性和产量是胡麻产业持续稳定发展的急需解决的问题。

目前,胡麻抗旱性研究主要针对成株期和萌发期,苗期抗旱性研究比较少。祁旭升等对胡麻种质

收稿日期:2017-05-24

修回日期:2017-06-29

基金项目:国家自然科学基金地区基金(31760397,31660368);国家特色油料产业体系胡麻种质资源评价与创新(CARS-14-1-03);甘肃省农业科学院中青年基金(2017GAAS70)

作者简介:王斌,男,助理研究员,主要从事胡麻遗传育种研究。E-mail:315261903@qq.com

通信作者:张建平,男,研究员,硕士,主要从事胡麻遗传育种研究。E-mail:401101917@qq.com

资源成株期抗旱性进行了评价并进行抗旱指标的筛选^[2,3]。罗俊杰等对胡麻主要育成品种成株期抗旱性进行了评价^[4,5]。石仓吉通过水、旱地对 15 个品种的 11 个性状进行了抗旱性鉴定^[6]。何丽等研究了干旱对胡麻现蕾期光合特性及产量的影响^[7]。吴文荣,李娜,张延军,姚玉波,王宗胜等对胡麻萌发期抗旱性进行了评价^[8-12]。赵利等对胡麻苗期抗旱性的生理指标进行了研究^[13],而对胡麻苗期抗旱性相关农艺性状的研究比较少。

作物抗旱性属于复杂的数量性状,受环境影响比较大。有关胡麻抗旱机理和抗旱遗传研究国内外报道比较少,研究基础比较薄弱。盖钧镒、章元明等提出的主基因+多基因混合遗传模型在统计分析植物数量性状的应用比较广泛^[14,15]。Hu 等用此方法对东乡野生稻 BILs 群体苗期抗旱性的农艺性状进行了遗传分析^[16]。在胡麻上,利用该方法对胡麻农艺、产量和品质性状,胡麻温敏雄性不育产量相关性状,脂肪酸含量和粗脂肪等数量性状进行了研究^[17-21]。在胡麻上还没有利用主基因+多基因模型分析抗旱性状的报道。本研究以抗旱品种定亚 17 号为母本,抗旱敏感品种天亚 3 号为父本,采用一粒传法构建 RIL 群体,利用数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法,研究胡麻苗期抗旱相关性状的遗传机制,明确胡麻苗期相关性状抗旱的遗传因素和环境变异,为胡麻抗旱育种提供理论指导。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以抗旱品种定亚 17 号为母本(P₁)、抗旱敏感品种天亚 3 号为父本(P₂),于 2012 年 12 月份在云南元谋杂交,采用一粒传法在兰州和元谋两地连续自交 7 代构建了 F₇代 139 个株系的 RIL 群体。试验用 RIL 群体和两个亲本群体进行遗传分析。

1.2 试验方法

试验在甘肃省农业科学院智能温室进行抗旱性鉴定。试验设置干旱胁迫和对照(正常灌水)2 个处理,出苗后进行干旱胁迫,正常灌水 CK(田间最大持水量的 80%),干旱胁迫(田间最大持水量的 50%)。每个处理 3 次重复,小区按 2 m 行长、20 cm 行距、3 行区种植,每行播种 300 粒。土壤水分数据采用 EM50(Decagon Device. USA)数据采集器(采集时间间隔为 1h)进行采集,埋在不同处理 0~30

cm 深的土壤中实时监测土壤中的水分动态,根据水分的实际情况确定灌水量。田间最大持水量用环刀法测定。

4 月 20 号播种,6 月初取样。每小区取样 10 株,挖出根后用水冲洗干净,带回实验室,用直尺测定主根长和株高;用万分之一天平测定根茎叶鲜重。然后于 105℃烘干箱内杀青 1h,再在 80℃恒温下烘 6~8h 至恒重,测定其干重。共考察根长(Root length, RL)、株高(Plant height, PH)、叶鲜重(Fresh leaf weight, FLW)、叶干重(Leaf dry weight, LDW)、根鲜重(Fresh root weight, FRW)、根干重(Root dry weight, RDW)、茎鲜重(Fresh shoot weight, FSW)、茎干重(Fresh shoot weight, FSW)8 个性状,计算抗旱系数。

$$DC = X_i / CK_i$$

式中,X_i、CK_i分别表示干旱、对照处理条件下性状测定值。

1.3 数据分析

采用盖钧镒、章元明^[14,15]等提出的数量性状主基因+多基因混合遗传分离分析方法,对两个亲本群体和 RIL 群体的 8 个苗期性状的抗旱系数进行遗传模型分析,运行 SEA-G₃DH 分析软件进行数据处理。首先,计算不同性状遗传模型的极大似然函数值(Max-likelihood-values, MLV)和 AIC(Akaike's information criterion)值。根据 AIC 筛选方法,首先选定 AIC 值最小的 3 个模型作为备选模型,通过对备选模型进行适合性检验,有 5 个统计量:U₁₂、U₂₂、U₂₃(均匀性检验)、W²(Smirnov 检验)和 D_n(Kolmogorov 检验),然后选择的最优模型为 AIC 值比较小且统计量达到显著水平个数最少的模型。在此基础上,采用最小二乘法估计遗传模型的一阶、二阶遗传参数,包括主基因加性、显性、上位性效应,多基因的加性和显性效应,主基因和多基因方差及遗传率等^[22]。

$$\text{主基因遗传率 } h_{mg}^2(\%) = \delta_{mg}^2 / \delta_p^2 \times 100\% ;$$

$$\text{多基因遗传率 } h_{pg}^2(\%) = \delta_{pg}^2 / \delta_p^2 \times 100\% ;$$

其中,δ_p²为表型方差,δ_{mg}²为主基因方差,δ_{pg}²为多基因方差。

2 结果与分析

2.1 不同群体相关性状抗旱系数的分布

两个亲本群体及 RIL 群体 8 个性状抗旱系数平

均值的统计值和正态性检验值列于表 1。从变异系数看,根鲜重、茎鲜重、根干重和茎干重的变异系数较大(42.54~48.39%),株高和根长的变异系数相对较小(18.37%和 16.93%)。8 个性状抗旱系数的平均值均呈连续性分布,其分布特征函数偏度和峰度绝对值都小于 1,其中株高呈左偏离正态分布,其它性状呈右偏离正态分布;根鲜重呈平顶峰分布,其它性状呈尖顶峰分布(图 1)。株高,根长和茎干重的正态性检验 $P_{0.05}$ 值均大于 0.05,其它性状的正态性检验 $P_{0.05}$ 值都小于 0.05。表明这些性状分布近似呈正态分布,可能受主效基因和微效多基因效应共同控制。

2.2 不同性状遗传模型选择及适合性检验

利用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型,对 RIL 群体和两个亲本群体的 8 个性状的抗旱系数进行模型分析,运行 SEA-G₃DH 分析软件,得到不同性状的不同模型极大对数似然值(MLV)和 AIC 值(表 2)。

根据 AIC 值最小原则进行模型初选,从中选择 AIC 值最小的模型,同时选择与其接近的两个模型作为备选模型。从表 2 可以看出,株高 AIC 值最小的模型为 2MG-Duplicate(-245.609),与其接近的模型为 3MG-CEA(-270.594)和 2MG-Inhibiting(-281.128);分别对这 3 个模型的 3 个群体进行适合性检验(表 4),包括均匀性检验(U_{12} 、 U_{22} 、 U_{32}),Smirnov 检验(${}_nW^2$)和 Kolmogorov 检验(D_n),从 3 个模型中选择统计量达到显著水平个数最少的模型为最优模型。株高 3 个备选模型的 3 个群体共

15 个统计量中达到显著水平的统计量个数分别是 13、11、11,因此株高的最适遗传模型为 2MG-Inhibiting,受 2 对抑制性主基因+加性多基因模型控制(表 3)。同样,根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重的最适遗传模型为 2MG-Inhibiting。根长、叶干重的最适遗传模型为 3MG-CEA,受 3 对独立主基因+加性多基因模型控制;叶鲜重的最适遗传模型为 4MG-CEA,受 4 对独立主基因控制,没有多基因效应。胡麻苗期 8 个抗旱相关性状有 5 个受 2 对主基因+多基因遗传控制,2 个受 3 对主基因+多基因遗传控制,1 个受 4 对独立主基因控制。有 5 个性状的主基因遗传效应为抑制性作用,3 个性状为独立主基因;7 个性状的多基因遗传效应为加性作用。

2.3 遗传参数估计

采用最小二乘法估计 8 个性状抗旱系数最适遗传模型的一阶、二阶遗传参数(表 4)。株高、根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重、根长、叶干重 7 个性状受主基因+多基因遗传控制,叶鲜重只有主基因效应,没有多基因效应。株高、根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重的 2 对主基因为抑制效应,多基因效应为加性效应,只有根鲜重的加性效应值是负向,其它的都为正向;这 5 个性状的主基因遗传率分别是 19.61%、41.67%、37.58%、9.59%、50.96%。根长、叶干重的 3 对独立主基因效应完全相等,而且效应值全是负向;多基因为加性效应;这两个性状的主基因遗传率分别是 41.97%和 34.73%。叶鲜重的 4 对独立主基因效应完全相等,效应值全是负向;没有多基因效应,这个性状的主基因遗传率为 46.35%。

表 1 不同性状抗旱系数的统计值和正态性检验

Table 1 Statistic analysis and normal distribution test of different traits drought resistance coefficient

性状 Trait	亲本 Parents		RIL 群体 RILs population							
	P ₁	P ₂	均值 Mean	极差 Range	标准差 SD	变异系数 CV/%	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	W	P _{0.05}
株高 PL	0.61	0.42	0.68	0.58	0.12	18.37	-0.15	-0.30	0.99	0.47
根长 RL	0.75	0.86	0.85	0.73	0.14	16.93	0.17	-0.12	0.98	0.13
根鲜重 FRW	0.30	0.43	0.32	0.66	0.15	48.39	0.85	0.17	0.93	0
茎鲜重 FSW	0.22	0.41	0.32	0.60	0.14	42.54	0.46	-0.37	0.97	0.01
叶鲜重 FLW	0.32	0.44	0.38	0.54	0.12	33.20	0.43	-0.17	0.97	0.01
根干重 RDW	0.17	0.50	0.34	0.63	0.15	44.92	0.48	-0.59	0.96	0
茎干重 SDW	0.30	0.45	0.37	0.67	0.16	43.61	0.06	-0.72	0.99	0.15
叶干重 LDW	0.37	0.54	0.50	0.82	0.20	39.85	0.29	-0.73	0.98	0.01

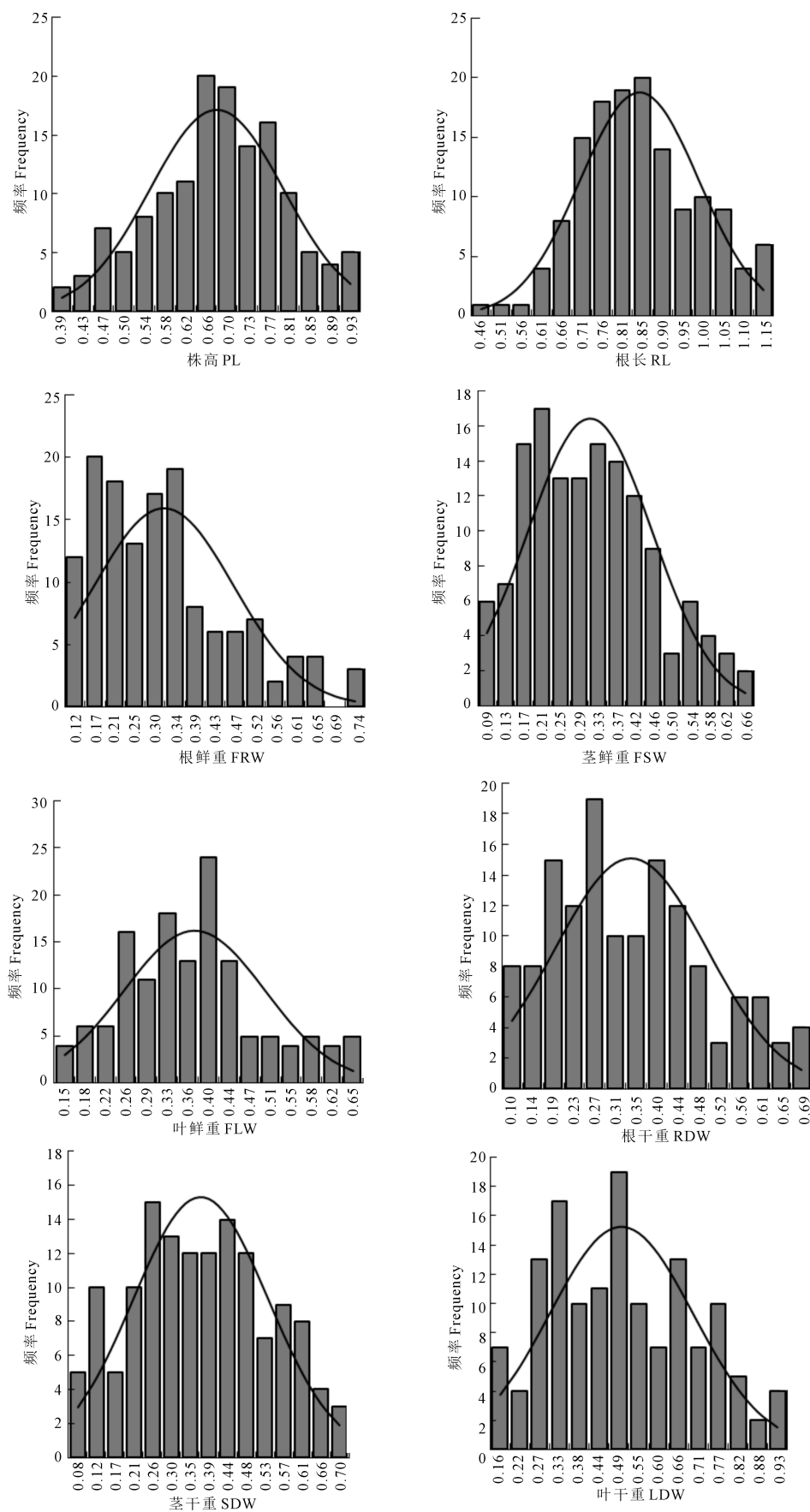


图 1 不同性状抗旱系数次数分布图

Fig.1 Frequency distribution of different traits drought resistance coefficient

表 2 不同性状抗旱系数在不同遗传模型下的极大似然函数值和 AIC 值

Table 2 Max-likelihood - values and AIC values under various genetic models of different traits drought resistance coefficient							
性状 Trait	模型 Model	MLV	AIC	性状 Trait	模型 Model	MLV	AIC
株高 PL	2MG-Duplicate	125.8043	-245.609	叶鲜重 FLW	2MG-Complementary	149.8452	-293.69
	3MG-CEA	138.2968	-270.594		4MG-CEA	150.6439	-295.288
	2MG-Inhibiting	143.5638	-281.128		2MG-EA	154.3779	-302.756
根长 RL	3MG-CEA	151.2112	-296.422	根干重 RDW	2MG-Inhibiting	82.3791	-158.758
	4MG-CEA	151.4511	-296.902		2MG-Complementary	141.0559	-276.112
	2MG-Duplicate	154.4795	-302.959		2MG-Duplicate	148.6461	-291.292
根鲜重 FRW	2MG-Inhibiting	142.9818	-279.964	茎干重 SDW	2MG-Inhibiting	107.9913	-209.983
	2MG-Complementary	145.6641	-285.328		4MG-CEA	115.1758	-224.352
	4MG-A	149.8224	-289.645		3MG-CEA	116.8511	-227.702
茎鲜重 FSW	2MG-Inhibiting	146.1885	-286.377	叶干重 LDW	3MG-CEA	79.2027	-152.406
	4MG-CEA	179.1726	-352.345		4MG-CEA	82.1814	-158.363
	3MG-CEA	184.2264	-362.453		2MG-Duplicate	82.7113	-159.423

表 3 不同性状抗旱系数遗传模型的适合性检验

Table 3 Test for fitness of genetic models on different traits drought resistance coefficient							
性状 Trait	模型 Model	世代 Generation	U ₁₂ (p)	U ₂₂ (p)	U ₃₂ (p)	nW ₂₂ (p)	D _n (p)
株高 PL	2MG-Inhibiting	P1	74.71(0.00)	44.98(0.00)	44.21(0.00)	8.36(0.01)	0.79(0.00)
		P2	5.99(0.01)	1.35(0.24)	23.28(0.00)	1.71(0.00)	0.21(0.054)
		RILs	9.67(0.00)	6.39(0.01)	3.74(0.053)	1.30(0.00)	0.02(1.00)
根长 RL	3MG-CEA	P1	0.80(0.37)	5.77(0.02)	37.72(0.00)	1.60(0.00)	0.37(0.00)
		P2	14.62(0.00)	21.44(0.00)	13.78(0.00)	2.82(0.00)	0.50(0.00)
		RILs	0.89(0.34)	2.08(0.15)	4.48(0.03)	0.20(0.26)	0.01(1.00)
根鲜重 FRW	2MG-Inhibiting	P1	17.07(0.00)	23.06(0.00)	10.28(0.00)	2.93(0.00)	0.52(0.00)
		P2	23.11(0.00)	16.98(0.00)	4.56(0.03)	3.45(0.00)	0.14(0.41)
		RILs	2.22(0.14)	1.06(0.30)	2.76(0.10)	0.61(0.02)	0.01(1.00)
茎鲜重 FSW	2MG-Inhibiting	P1	23.32(0.00)	27.08(0.00)	4.46(0.03)	3.49(0.00)	0.51(0.00)
		P2	56.29(0.00)	66.09(0.00)	11.97(0.00)	6.65(0.01)	0.06(1.00)
		RILs	1.88(0.17)	0.93(0.33)	2.10(0.15)	0.30(0.15)	0.01(1.00)
叶鲜重 FLW	4MG-CEA	P1	0.79(0.37)	0.36(0.55)	33.96(0.00)	1.32(0.00)	0.28(0.00)
		P2	2.42(0.12)	8.73(0.00)	33.53(0.00)	1.67(0.00)	0.40(0.00)
		RILs	1.75(0.19)	1.25(0.26)	0.41(0.52)	0.37(0.09)	0.01(1.00)
根干重 RDW	2MG-Inhibiting	P1	50.73(0.00)	40.06(0.00)	5.15(0.02)	6.56(0.01)	0.74(0.00)
		P2	62.03(0.00)	75.65(0.00)	18.38(0.00)	7.52(0.01)	0.07(0.98)
		RILs	1.40(0.24)	1.54(0.22)	0.15(0.70)	0.29(0.15)	0.00(1.00)
茎干重 SDW	2MG-Inhibiting	P1	8.00(0.00)	15.69(0.00)	23.93(0.00)	2.24(0.00)	0.48(0.00)
		P2	44.28(0.00)	45.35(0.00)	1.35(0.24)	5.90(0.00)	0.11(0.74)
		RILs	1.75(0.19)	0.81(0.37)	2.31(0.13)	0.22(0.24)	0.00(1.000)
叶干重 LDW	3MG-CEA	P1	10.89(0.00)	19.08(0.00)	22.02(0.00)	2.89(0.00)	0.53(0.00)
		P2	32.15(0.00)	32.98(0.00)	1.02(0.31)	4.90(0.00)	0.65(0.00)
		RILs	6.64(0.01)	10.63(0.00)	9.40(0.00)	0.80(0.01)	0.01(1.00)

表 4 不同性状抗旱系数遗传模式的遗传参数估计值

Table 4 Estimates of genetic parameters from different traits drought resistance coefficient												
性状 Trait	一阶参数						二阶参数					
	1 st order genetic parameter						2 nd order genetic parameter					
	<i>m</i>	<i>d_a</i>	<i>d_b</i>	<i>d_c</i>	<i>d_d</i>	<i>i</i>	σ_p^2	σ_{pg}^2	σ_{mg}^2	σ_e^2	h_{pg}^2	h_{mg}^2
株高 PL	0.67					0.1	0.02	0	0	0.01	19.61	0
根长 RL	0.83	-0.02	-0.02	-0.02			0.02	0.01	0	0.01	41.97	0
根鲜重 FRW	0.28					-0.08	0.02	0.01	0	0.01	41.67	0
茎鲜重 FSW	0.37					0.08	0.02	0.01	0	0.01	37.58	0
叶鲜重 FLW	0.38	-0.02	-0.02	-0.02	-0.02		0.02	0.01	0	0.01	46.35	0
根干重 RDW	0.39					0.07	0.03	0	0	0.02	9.59	0
茎干重 SDW	0.46					0.12	0.03	0.02	0	0.02	50.96	0
叶干重 LDW	0.45	-0.03	-0.03	-0.03			0.04	0.01	0	0.03	34.73	0

注:*m*:世代群体平均值;*d_a*:主基因*a*的加性效应值;*d_b*:主基因*b*的加性效应值;*d_c*:主基因*c*的加性效应值;*d_d*:主基因*d*的加性效应值;*i*:两个主基因的加性×加性效应值; δ_p^2 :群体表型方差; δ_{mg}^2 :主基因方差; δ_{pg}^2 :多基因方差; δ_e^2 :环境方差; h_{mg}^2 :主基因遗传率; h_{pg}^2 :多基因遗传率。
Note:*m*: Population mean; *d_a*: Additive effect of the major gene a; *d_b*: Additive effect of the major gene b; *d_c*: Additive effect of the major gene c; *d_d*: Additive effect of the major gene d; *i*: Additive effect plus additive effect of the two major genes; δ_p^2 : Phenotypic variance; δ_{pg}^2 : Polygenic variance; δ_{mg}^2 : Major gene variance; δ_e^2 : Environmental variance; h_{pg}^2 : Polygene heritability; h_{mg}^2 : Major gene heritability.

3 讨 论

相关研究表明,胡麻数量性状的遗传受加性和非加性(显性、上位性)基因效应共同控制^[17,18]。本研究结果表明,株高、根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重受 2 对抑制性主基因+加性多基因控制,根长、叶干重受 3 对独立主基因+加性多基因控制,叶鲜重受 4 对独立主基因控制,没有多基因效应。从主基因的遗传效应大小及方向看,不同性状存在差异比较大。从主基因遗传效率来看,8 个性状主基因遗传率在 9.59%~50.96%之间,株高和根干重遗传率比较低,说明环境对这两个性状影响比较大。胡标林等对东乡野生稻 BILs 群体苗期抗旱性遗传分析显示受 2 对独立主基因+多基因控制^[23],刘莹等对大豆耐旱种质相关根系性状的遗传分析显示,耐旱相关根系性状主要由 2 对主基因和加性多基因控制,与本研究结果相近^[24]。闫艳等研究认为,小麦苗期根长、根鲜重、茎干重、根干重等性状在干旱条件下受 1 对加性显性主基因控制,茎鲜重受 2 对加性显性主基因控制,苗高无主基因,与本研究结果不同^[25]。朱猛等分析表明,干旱胁迫下玉米苗期主根长和根鲜重的遗传模型为 1 对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因控制^[26]。说明不同作物抗旱性数量性状比较复杂,不同的试验结果可能与试验材料、试验环境、选择的指标等差异有关。根的生长是作物在干旱胁迫下所需观察的重要性状,苗期根系性状应该作为一项重要的参考指标,但在大田进行根性状的调查误差比较大^[27]。周晓果等对小麦 DH 群体苗期根系性状的研究表明,有 3 个加性效应 QTL 和 3 对上位性效应 QTL 控制最大根长,2 个加性效应 QTL 和 2 对上位性效应 QTL 控制根鲜重,2 个加性效应 QTL 和 3 对上位性效应 QTL 影响根干重。控制这些性状的主基因数目和本文研究结果相同,但主基因效应不同^[28]。翟荣荣等在不同水分条件下水稻苗期根系性状的 QTL 分析显示,在干旱胁迫条件下检测到 14 个 QTL,影响根长的 QTL 有 2 个,影响根鲜重的 QTL 有 3 个^[29]。Tuberosa 等^[30]在玉米抗旱研究中和周蓉等^[31]在大豆抗旱性研究中都发现根植株抗旱性与产量性状存在连锁关系。水稻上研究表明根系性状对植株抗旱性^[32,33],地上部生长和产量形成起着重要作用^[34-36],说明根系性状与作物抗旱性密切相关。本研究显示,根长、根鲜重、叶鲜重和茎干重的主基因遗传率比较高,可以作为胡麻苗期抗旱的鉴定指标。根鲜重、茎鲜重、根干重和茎干重的变异系数

最大,说明 4 个性状存在较广泛的变异,并且存在超亲优势,选择优势株系进行新品种选育的潜力比较大。

4 小 结

胡麻 RIL 群体 8 个性状的抗旱系数存在广泛变异,部分性状表现超亲分离现象,其分布近似为正态分布。通过主基因+多基因遗传模型分析表明胡麻 RIL 群体苗期抗旱性的 8 个性状中有 7 个为主基因+多基因混合遗传模型,株高、根鲜重、茎鲜重、根干重、茎干重受 2 对抑制性主基因+加性多基因控制,根长、叶干重受 3 对独立主基因+加性多基因控制,叶鲜重受 4 对独立主基因控制。从主基因的遗传效应大小及方向看,不同性状存在差异比较大。总体来看,抑制性和独立基因主基因,加性多基因在抗旱相关性状的遗传中起重要作用。从主基因遗传效率来看,根长、根鲜重、叶鲜重和茎干重可以作为胡麻苗期抗旱鉴定指标。

参 考 文 献:

[1] 赵利,党占海,张建平,等.不同类型胡麻品种资源品质特性及其相关性研究[J].干旱地区农业研究,2008,26(5):6-9.

[2] 祁旭升,王兴荣,许军,等.胡麻种质资源成株期抗旱性评价[J].中国农业科学,2010,43(15):3076-3087.

[3] 祁旭升,王兴荣,张彦军,等.胡麻成株期抗旱指标筛选与种质抗性鉴定[J].核农学报,2015,29(08):1596-1606.

[4] 罗俊杰,欧巧明,叶春雷,等.重要胡麻栽培品种的抗旱性综合评价及指标筛选[J].作物学报,2014,40(7):1259-1273.

[5] 罗俊杰,欧巧明,叶春雷,等.主要胡麻品种抗旱相关指标分析及综合评价[J].核农学报,2014,28(11):2115-2125.

[6] 石仓吉.亚麻品种抗旱性评价研究[J].干旱地区农业研究,2008,26(05):1-5.

[7] 何丽,杜彦斌,张金,等.干旱对胡麻现蕾期光合特性及产量的影响[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2017,45(04):59-64.

[8] 吴文荣,刘晓艳,吴桂丽,等.不同干旱胁迫对胡麻种子萌发特性的影响[J].作物杂志,2012,(02):134-137.

[9] 李娜,罗俊杰,张仁陟,等.持续模拟干旱胁迫对胡麻萌发特性影响及品种抗旱性评价研究[J].核农学报,2016,30(02):379-387.

[10] 张彦军,苟作旺,王兴荣,等.胡麻种质萌发期抗旱性综合评价[J].植物遗传资源学报,2015,16(03):520-527.

[11] 姚玉波.不同品种亚麻种子萌发期抗旱性鉴定[J].核农学报,2015,29(10):2033-2039.

[12] 王宗胜,张建平,米君,等.PEG 胁迫下不同胡麻品种种子萌发期抗旱性鉴定[J].干旱地区农业研究,2016,34(04):118-124.

[13] 赵利,党占海,牛俊义,等.水分胁迫下不同抗旱类型胡麻苗期生理生化指标变化[J].干旱地区农业研究,2015,33(04):206-211.

