

谷子重组自交系主要农艺性状和品质性状相关分析

陈慢慢¹, 田翔², 陈凌², 王海岗², 刘思辰², 李志江⁵, 马金丰⁵, 乔治军³, 刁现民⁴

(¹山西农业大学农学院, 晋中 030801; ²山西农业大学农业基因资源研究中心, 太原 030031; ³农业部黄土高原作物基因资源与种质创制重点实验室, 太原 030031; ⁴中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; ⁵黑龙江农业科学院作物品种资源研究所, 哈尔滨 150086)

摘要:通过对谷子主要农艺性状遗传变异分析, 探讨影响谷子直链淀粉和黄色素含量的主要因素, 筛选出综合性状优良的株系, 为谷子遗传改良和创造新种质提出理论依据。本研究以嫩选 15 和黄金苗杂交获得的重组自交系群体为材料, 于 2020 年和 2021 年种植于山西农业大学东阳示范基地, 对籽粒直链淀粉、黄色素 2 个品质性状和株高、穗长、叶面积、茎粗、穗粗、茎节数、单穗重、穗粒重 8 个主要农艺性状进行了遗传变异分析、相关性分析和回归分析。综合两年试验结果表明: 亲本之间黄色素含量、直链淀粉含量、叶面积和穗粗存在显著差异; RIL 群体所调查性状变异丰富, 分布近似符合正态分布, 表现双向超亲分离。各个性状的变异系数范围为 7.78%~35.32%, 综合分析 2 年数据可知, 单穗重和穗粒重变异系数较高, 茎粗和直链淀粉含量的变异系数较低。黄色素含量与直链淀粉、株高、茎节数呈极显著正相关, 与单穗重、穗粒重呈显著正相关, 与叶面积呈极显著负相关。直链淀粉含量与叶面积、茎粗、穗长极显著负相关, 和茎节数呈极显著正相关。进一步回归分析可知, 叶面积、株高和穗长是影响黄色素含量的最主要因素, 叶面积、穗长对直链淀粉含量存在负向的影响作用, 单穗重、穗粗、茎节数对直链淀粉含量存在正向的影响作用。

关键词: 谷子; RIL 群体; 遗传变异; 相关分析; 回归分析

Correlation Analysis of Key Agronomic Traits and Food Quality Using A Foxtail Millet Recombinant Inbred Lines

CHEN Man-man¹, TIAN Xiang², CHEN Ling², WANG Hai-gang², LIU Si-chen², LI Zhi-jiang⁵, MA Jin-feng⁵, QIAO Zhi-jun³, DIAO Xian-min⁴

(¹College of agriculture, Shanxi Agricultural university, Jinzhong 030801; ²Center for Agricultural Genetic Resources Research, Shanxi Agricultural university, Taiyuan, 030031; ³Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement on Loess Plateau of Ministry of Agriculture, Taiyuan 030031; ⁴Institute of crop science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; ⁵Institute of crop variety resources, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086)

Abstract: To provide the theoretical basis for germplasm innovation and breeding in foxtail millet, disclosing the genetic variation of the key agronomic traits, exploration of the genetic factors affecting the content of amylose and yellow pigment in grain, and identification of the new lines with excellent performances become of significant interest. In this study, the recombinant inbred lines derived from 'Nenxuan 15' crossed with 'Huangjinmiao' were planted in the experimental field located in Dongyang county of Shanxi province, P.R. China (2020 and 2021). Genetic variation analysis, correlation analysis, and regression analysis were carried out on two food quality traits (amylose and yellow pigment in grain), and eight quantitative traits including plant height, panicle length, leaf area, stem diameter, panicle diameter, stem node number, single panicle weight, and panicle grain weight. The significant

收稿日期: 2022-08-21

修回日期: 2022-09-09

网络出版日期:

URL:

第一作者研究方向为旱作栽培与作物生理, E-mail: 1765907334@qq.com

通讯作者: 乔治军, 研究方向为旱作栽培与作物生理, E-mail: qiaozhijun@sxau.edu.cn;

刁现民, 研究方向为品种资源和谷子遗传育种, email: diaoxianmin@caas.cn

项目基金: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-06-14.5-A16)

Foundation Project: China modern agricultural industrial technology system (CARS-06-14.5-A16)

differences on yellow pigment content, amylose content, leaf area, and panicle diameter between parents were observed. The RIL population lines showed comprehensive variations with (close to) normal distributions at these traits, showing two-way super parental separation. The coefficient of variation in each character ranged from 7.78% to 35.32%. According to the comprehensive analysis of the two-year data, the coefficient of variation on single panicle weight and grain weight per panicle were high, whereas the coefficient of variation on stem diameter and amylose content were low. The content of yellow pigment was positively correlated with amylose, plant height, number of stem nodes, single panicle weight, and grain weight, whereas it was negatively correlated with leaf area. Amylose content was negatively correlated with leaf area, stem diameter, and panicle length, whereas positively correlated with the number of stem nodes. Furthermore, regression analysis showed that leaf area, plant height, and panicle length were the most important factors affecting yellow pigment content. Leaf area and panicle length had a negative effect on amylose content, whilst single panicle weight, panicle diameter, and stem node number had a positive effect on amylose content.

Key words: Foxtail Millet; RIL group; Genetic variation; correlation analysis; regression analysis

谷子 (*Setaria italica*) 是起源于中国的作物, 被驯化成为农耕文化的主栽作物, 目前的种植面积和产量占世界 80% 以上^[1-3]。谷子脱壳后为小米, 是公认的营养食品。与小麦粉和稻米等主粮相比, 小米不仅富含蛋白质、脂肪、膳食纤维、维生素等营养物质^[4], 而且含有丰富的活性成分, 如酚类、活性肽、类胡萝卜素等, 具有降血糖、降血脂、降血压等多种保健功能^[5,6]。小米味美好吃, 易消化, 营养丰富配比均衡, 在中国北方备受农民喜爱, 也是城镇居民主要的杂粮选择之一^[7]。它是一种很好的营养品, 体弱多病和产妇食用具有较好的滋补、强身作用。小米除焖饭、煮粥等直接食用外, 还可加工成煎饼、发糕、小米酥等系列产品 and 营养调味食品。谷子作为食用作物, 营养丰富的同时, 优质的外观和良好的口感也非常重要。小米的米色直接反映品质, 是消费者选购小米的直观标准。王玉文等^[8]研究表明, 不同米色谷子品种, 其营养品质差异明显, 小米的米色与其蒸煮后米饭的色泽、香味、适口性呈极显著正相关, 即米色越黄越亮, 米饭的色泽、香味、适口性越好。多数谷子品种的籽粒为黄色, 黄色的主要来源为黄色素。小米黄色素主要组分为天然类胡萝卜素, 主要含有叶黄素、玉米黄素以及少量的隐黄质、 β -胡萝卜素等, 这些类胡萝卜类素不仅具有保护视觉与上皮细胞的作用, 而且可以提高人体免疫力, 淬灭体内过多自由基, 预防多种癌症, 同时对口腔溃疡、皮肤病等都有很好的疗效^[9]。淀粉是植物界最主要的储能物质, 也是为人类提供机体能量的生物聚合物^[14]。淀粉作为一种来源丰富、生物可降解、生物相容性好和易被修饰的生物基材料, 已被广泛应用于食品、医药、纺织、石油和造纸等行业^[10-13]。天然淀粉一般由直链淀粉和支链淀粉组成, 而直链淀粉含量是衡量淀粉的糊化、流变、老化和消化等功能性质的重要指标之一^[14-15]。例如, 稻米中的直链淀粉含量影响着稻米的晶体结构、热力学性能、糊化程度、老化 (回生) 特性等淀粉功能特征, 对稻米品质起着决定性的作用。直链淀粉含量越高, 淀粉越容易发生老化, 淀粉消化率也越低, 从而提高了其抗消化能力^[16]。一般中到低含量的直链淀粉制成的米饭较软, 适口性更好, 饭粒光泽度较好, 而高直链淀粉的米饭较硬, 适口性较差, 但有预防糖尿病和肥胖症等方面的作用^[17,18]。直链淀粉含量是影响品种食味品质最关键的因素。因此, 直链淀粉含量的测定对谷子副食品的精深加工和产业化具有重要的意义。但黄色素和直链淀粉含量在生产和育种中不能直观的观测到, 通过分析其与易观测的农艺性状之间的相关关系, 从侧面反映黄色素和直链淀粉含量的高低, 对田间目标品质性状株系的快速选择具有重要的参考意义。重组自交系(RIL) 群体是两个亲本杂交后获得的纯系后代, 具有相对一致的遗传背景和丰富的自然变异, 是研究性状表型的遗传变异规律及其与环境间互作的理想材料^[19]。本研究利用“嫩选 15”和“黄金苗”进行杂交获得的 RIL 群体

重复两年对籽粒黄色素、直链淀粉含量和株高、穗长、叶面积等 8 个主要农艺性状进行鉴定，分析重组后代主要农艺性状和目标品质性状的遗传变异，并通过相关性分析和进一步回归分析挖掘影响籽粒品质的农艺性状，筛选后代株系的有利变异，为优质谷子的选育提供参考依据，也为开展谷子重要籽粒品质性状的 QTL 定位奠定基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料

以“嫩选 15”为母本，“黄金苗”为父本杂交后，得到杂种 F₁，F₁ 代单株自交获得 F₂，通过 F₂ 代单粒传法获得含有 400 个株系的重组自交系群体（RILs）为供试材料。“嫩选 15”是黑龙江齐齐哈尔育成的优质品种，具有高产、抗倒伏、中矮秆、中熟、抗病等特点，但同时也具有适口性不好和色泽差等缺点。“黄金苗”是市场上的优质品种之一，产于内蒙古赤峰，米色鲜黄、适口性好、不回生、适宜煮粥和焖饭等优点，但是具有晚熟、不抗倒伏、秆高不高产、区域适应性差等缺点。两个亲本不仅生态类型不同，而且株高、穗型等多个农艺性状的差异也较大^[20]。

1.2 试验设计

供试材料分别于 2020 年和 2021 年的 5 月播种于山西农业大学东阳示范基地(37.6°N, 112.7°E)，供试土壤为黄色土，中等肥力。田间试验按照随机区组设计，小区面积 6 m×2 m，行距 33 cm，每个小区种 6 行。于 8 月中旬进行田间性状调查，9 月下旬收获并考种。

1.3 测定指标及方法

1.3.1 农艺性状 测定株高、叶面积、茎粗、穗长、穗粗、茎节数、单穗重、穗粒重 8 个主要农艺性状，均参照《谷子种质资源描述规范和数据标准》^[21]。每个株系取外观相似的三株测量相应农艺性状数据取平均值。

1.3.2 黄色素 参照杨延兵等^[22]方法测定谷子籽粒黄色素含量。每个株系做三次重复取平均值。

1.3.3 直链淀粉 参照高嘉^[23]碘比色法测定直链淀粉含量。每个株系做三次重复取平均值

1.4 数据处理

用 Excel2019 统计分析数据，用 SPSS26 进行方差分析及回归分析，用 Origin2022 进行正态分布检验和相关性分析。

2 结果与分析

2.1 亲本及后代群体主要性状变异分析

亲本主要性状方差分析可知（表 1），2020 年父本（黄金苗）的黄色素、叶面积显著高于母本（嫩选 15），直链淀粉、株高、茎粗、穗粗、单穗重、穗粒重均显著高于母本，父本穗长高于母本，但差异不明显；2021 年父本的叶面积显著高于母本，黄色素、直链淀粉、穗长、穗粗显著高于母本，父本的株高、茎粗、单穗重、穗粒重也都高于母本，但不显著；两年的茎节数在父母本中差异都不显著。综合两年数据可知，试验所测数据父本（黄金苗）均高于母本（嫩选 15）。RIL 群体中各个性状存在较大差异（表 1）。2020 年和 2021 年单穗重的变幅分别为 7.18~38.30 g 和 8.09~52.03 g，平均值分别为 19.11 g 和 22.22 g；穗

粒重的变幅分别为 3.05~28.98 g 和 4.46~41.07 g，平均值分别为 14.87 g 和 16.73 g；黄色素含量变幅分别为 15.27~35.72 μg/g 和 15.82~40.33 μg/g，平均值分别为 23.04 μg/g 和 27.10 μg/g；直链淀粉含量变幅分别为 5.01~11.54 mg/g 和 6.66~122.04 mg/g，平均值分别为 8.27 mg/g 和 9.27 mg/g；株高变幅分别为 70.24~129.93 cm 和 69.27~133.03 cm，平均值分别为 129.89 cm 和 116.32 cm；叶面积变幅分别为 27.63~65.48 cm² 和 15.80~65.41 cm²，平均值分别为 45.03 cm² 和 34.81 cm²；茎粗变幅分别为 4.71~11.12 mm 和 4.72~9.81 mm，平均值分别为 7.21 mm 和 7.17 mm；穗长变幅分别为 17~35.87 cm 和 17~41 cm，平均值分别为 25.29 cm 和 26.05 cm；穗粗变幅分别为 17.41~48.25 mm 和 21.07~50.65 mm，平均值分别为 30.34 mm 和 30.42 mm；茎节数变幅分别为 8.33~14 节和 8~14 节，平均值分别为 10.77 节和 11.29 节。

2020 年穗粒重的变异系数最大，为 32.15%，其次是单穗重，为 29.11%，茎节数的变异系数最小，为 8.05%；2021 年所测性状的变异系数均高于 10%，叶面积超过 20%，为 23.64%，单穗重和穗粒重超过 30% 分别为 35.32%和 33.47%；两年的黄色素、直链淀粉、株高、茎粗、穗长、穗粗、单穗重、穗粒重变异系数差异不大，2021 年叶面积、茎节数的变异系数明显高于 2020 年。2020 年所有性状的偏度和峰度绝对值均小于 1，2021 年株高峰度绝对值大于 1，其余性状的偏度和峰度绝对值均小于 1，根据图 1 和图 2 所示，所有性状基本呈现出正态分布规律，表明所有调查性状均为数量性状，且均出现超亲分离现象（后代出现高于高值亲本和低于低值亲本的个体）。根据表 2 可知，2020 年黄色素含量高于高值亲本的株系有 7 个，最高的是第 261 个株系，为 35.72μg/g，2021 年黄色素含量高于高值亲本的有 79 个株系，最高的是第 13 个株系，为 40.33μg/g，第 261 个株系含量排第二，为 39.88μg/g。2020 年直链淀粉含量高于高值亲本的株系有 9 个，含量最高的是第 21 个株系，为 11.54mg/g，2021 年直链淀粉含量高于高值亲本的株系有 37 个，最高的是第 94 个株系，为 12.04mg/g。综合两年数据分析，叶面积、茎粗这 2 个农艺性状 2021 年均值低于 2020 年。黄色素含量、直链淀粉含量、株高、茎节数、穗长、穗粗、单穗重、穗粒重这 8 个性状 2021 年均值均高于 2020 年。结合两年所测性状的平均值可以看出，黄色素含量、直链淀粉含量、叶面积、茎节数年度间变化大，株高、茎粗、穗长、穗粗、单穗重、穗粒重受年度影响较小。

表 1 亲本和重组自交系主要性状变异分析

Table 1 Variation Analysis of main characters of parents and recombinant inbred lines

性状 Trait	年份 Year	亲本 Parent			重组自交系 RIL				
		嫩选 15 Nenxuan15	黄金苗 Huangjinmiao	F	变异范围 Range	平均值±标准差 Mean±SD	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	变异系数 CV(%)
黄色素 YP (μg/g)	2020	20.03	30.13	8.954**	15.27~35.72	23.04±3.17	0.416	0.598	13.76
	2021	22.48	29.70	3.274*	15.82~40.33	27.10±3.61	0.354	0.854	13.32
直链淀粉 AL (mg/g)	2020	8.95	10.36	6.027*	5.01~11.54	8.27±1.10	0.066	-0.451	13.30
	2021	8.56	10.75	3.457*	6.66~12.04	9.27±1.09	-0.032	-0.807	11.76
株高 PH (cm)	2020	137.83	143.3	3.546*	70.24~129.93	100.47±10.06	0.083	0.491	10.01
	2021	101.30	112.17	0.761	69.27~133.03	102.98±10.79	0.293	-1.150	10.48
叶面积 LA (cm2)	2020	40.37	62.33	10.65**	27.63~65.48	45.03±6.74	-0.073	-0.06	14.97
	2021	31.62	50.13	5.45**	15.80~65.41	34.81±8.23	0.306	0.359	23.64
茎粗 PD (mm)	2020	5.85	7.00	3.45*	4.71~11.12	7.21±0.90	0.309	0.667	12.50
	2021	7.66	8.14	2.43	4.72~9.81	7.17±0.72	0.147	0.449	10.04
茎节数 SNN (节)	2020	11	11	0.22	8.33~14	10.77±0.867	0.263	0.455	8.05
	2021	11	12	2.19	8~14	11.29±1.86	-0.165	0.460	16.47
穗长 PL	2020	21.83	28.13	2.44	17.00~35.87	25.29±3.52	0.233	-0.341	13.92

(cm)	2021	23	21.8	4.66*	17.00~41.00	26.05±4.23	0.414	-0.07	16.25
穗粗 PD	2020	30.84	38.54	3.62*	17.41~48.25	30.34±5.30	0.532	0.531	17.47
(mm)	2021	32.48	38.07	3.18*	21.07~50.65	30.42±5.46	0.941	0.847	17.95
单穗重 PW	2020	15.11	25.95	3.08*	7.18~38.30	19.11±5.54	0.46	0.404	29.11
(g)	2021	25.50	30.25	2.52	8.09~52.03	22.11±7.81	0.799	0.933	35.32
穗粒重 SGW	2020	11.18	20.67	3.12*	4.46~41.07	14.87±4.78	0.261	-0.215	32.15
(g)	2021	21.01	22.54	2.50	14.87~4.78	16.73±5.60	0.639	0.864	33.47

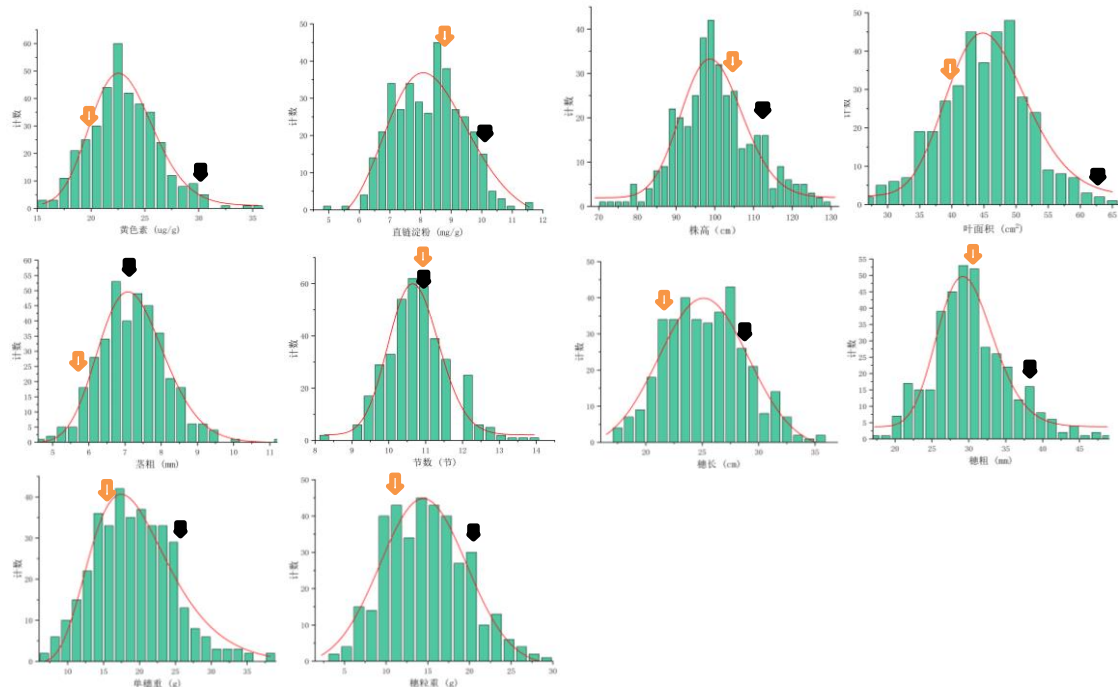
注：“*”和“**”分别表示两亲本间同一性状差异达到 0.05 和 0.01 显著水平。

Note: “*”and “** ” respectively indicate that the difference of the same trait between the two parents reaches 0.05 and 0.01 significant levels.

表 2 2020 年和 2021 年调查性状超亲分离统计

Table 2 Statistics of super parent segregation of investigated characters in 2020 and 2021

	年份 Year	黄色素 YP	直链淀粉 AL	株高 PH	叶面积 LA	茎粗 SD	节数 SNN	穗长 PL	穗粗 PD	单穗重 PW	穗粒重 SGW
高于高值 亲本个数	2020	7	9	59	1	211	111	77	27	36	41
	2021	79	37	72	12	45	36	24	34	39	49
低于低值 亲本个数	2020	65	272	267	90	22	260	65	220	96	88
	2021	29	106	166	125	274	176	95	256	268	293



注：↘代表母本嫩选 15，↙代表父本黄金苗

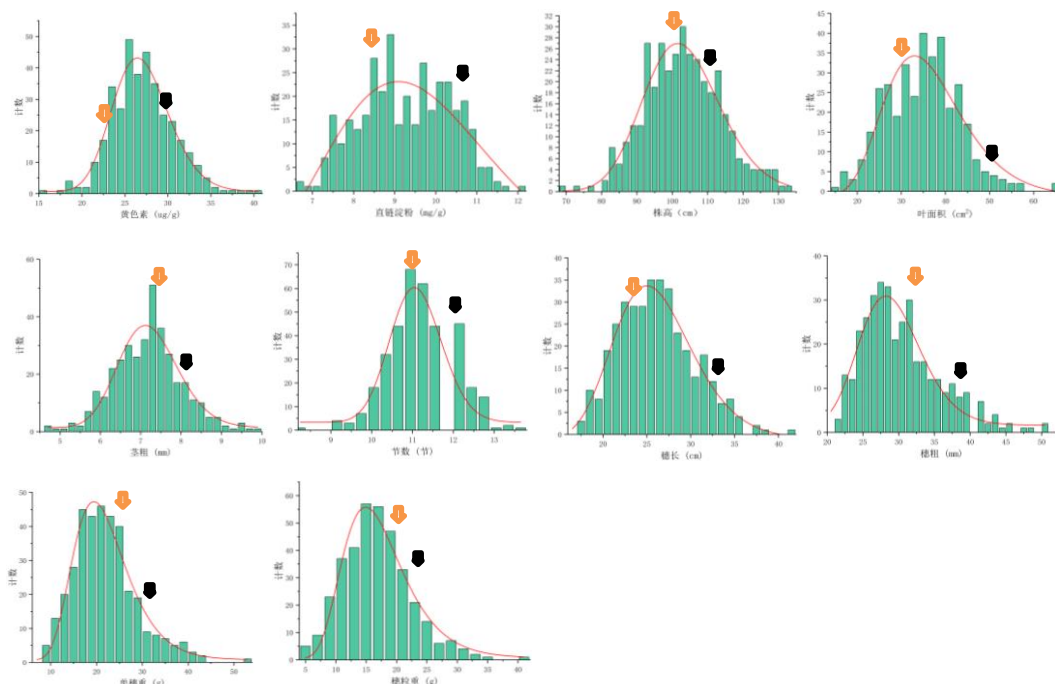
Note: ↘ represents female parent tender selection 15, ↙ represents male parent golden seedling

图 1 2020 年调查性状频率分布

Figure 1 Frequency distribution of investigated characters in 2020

2.2 RIL 群体品质性状与主要农艺性状的相关性分析

由 RIL 群体品质性状和主要农艺性状相关性分析可知（图 3），黄色素含量和直链淀粉含量、株高、茎节数极显著正相关，和单穗重、穗粒重显著正相关，和叶面积极显著负相关。直链淀粉含量和叶面积、茎粗、穗长均呈现极显著负相关，和茎节数极显著正相关。主要农艺性状之间几乎都呈现出正向的相关关系。

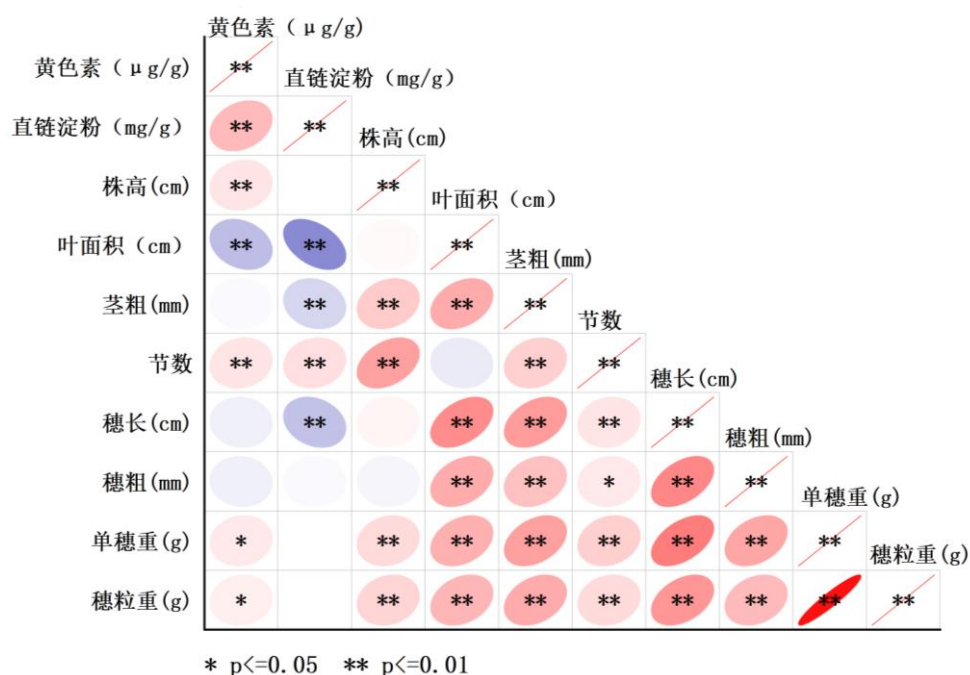


注：↘代表母本嫩选15，↙代表父本黄金苗

Note: ↘ represents female parent tender selection 15, ↙ represents male parent golden seedling

图 2 2021 年调查性状频率分布

Figure 2 Frequency distribution of investigated characters in 2021



注：蓝色表示负相关，红色表示正相关；*代表显著相关，**代表极显著相关；椭圆越扁颜色越深表示相关系数越大。

Note: Blue indicates negative correlation, red indicates positive correlation; * Represents significant correlation, ** represents extremely significant correlation;

The flatter the ellipse and the darker the color, the greater the correlation coefficient.

图 3 RIL 群体品质性状和主要农艺性状相关性分析

Fig. 3 Correlation analysis of quality traits and main agronomic traits in RIL population

2.3 籽粒品质性状对农艺性状的逐步回归分析

为验证上述结果，分别以黄色素含量(X)、直链淀粉含量(Y)为因变量，以株高(Z₁)、叶面积(Z₂)、茎粗(Z₃)、穗长(Z₄)、穗粗(Z₅)、茎节数(Z₆)、单穗重(Z₇)、穗粒重(Z₈)8个农艺性状为自变量进行多元逐步回归分析，去除回归参数不显著的农艺性状，根据回归分析输出结果（表3）可得到,VIF值全部小于5，意味着运算结果准确可靠。P值均小于0.01，说明株高、叶面积、穗长和黄色素之间存在极显著的影响关系。基于以上分析可得出黄色素含量的线性回归方程：

黄色素含量方程： $X=25.398+0.042Z_1+0.058Z_2-0.178Z_4$ 。说明株高、叶面积每增加一单位，黄色素含量分别增加0.042和0.058μg/g，穗长每增加一单位，黄色素含量减少0.178 μg/g。

根据表4可知，VIF值全部小于5，表明叶面积、单穗重、穗长、穗粗、茎节数这5个农艺性状之间不存在混杂干扰，P值均小于0.05，表明与直链淀粉含量均存在显著的影响关系。其最优线性回归方程为：

直链淀粉含量方程： $Y=9.699-0.039Z_2+0.023Z_7-0.086Z_4+0.052Z_5+0.097Z_6$ 。说明叶面积、穗长每增加一个单位，直链淀粉含量分别减少0.039、0.086 mg/g，单穗重、穗粗、茎节数每增加一个单位，直链淀粉含量分别增加0.023、0.052、0.097 mg/g。

表3 黄色素对农艺性状的多元回归分析

Table 3 Multiple regression analysis of yellow pigment on Agronomic Characters

自变量	偏回归系数 PRC	标准误差 SE	t	P	VIF
(常量)	25.398	1.528	16.620	0.000	
株高	0.042	0.012	3.426	0.001	1.015
叶面积 LA	0.058	0.021	2.804	0.005	1.687
穗长	-0.178	0.04	-4.417	0.000	1.691

表4 直链淀粉对农艺性状的多元回归分析

Table 4 Multiple regression analysis of Amylose on Agronomic Characters

自变量 IV	偏回归系数 PRC	标准误差 SE	t	P	VIF
(常量)	9.699	0.563	17.243	0.000	
叶面积 LA	-0.039	0.006	-6.452	0.000	1.951
单穗重 PW	0.023	0.007	3.384	0.001	1.749
穗长 PL	-0.086	0.012	-7.243	0.000	1.951
穗粗 PD	0.052	0.008	6.725	0.000	1.386
茎节数 SNN	0.097	0.045	2.141	0.033	1.004

3 讨论

遗传分离群体后代极易产生双向超亲现象，成为具有良好综合性状的个体，是育种过程中筛选优质和目标育成种质的有效资源。谷子的表型之间存在极其复杂的相关关系，所以在生产实践中，选择单一的性状作为目标育种性状十分困难，需要结合实际，对多个相关性状进行综合考虑，既对主要的目的性状选择严格把关，又要兼顾其他优良性状^[20]。

育种工作者为了满足生产需求而创造遗传变异，遗传参数的变异系数可以在一定程度上反映性状的多样性，一般来说，变异系数越大，多样性程度就越高。通常变异系数大于10%时，则能说明该性状遗传多样性丰富^[24]，在育种进程中，农艺性状和品质性状是种质资源鉴定评价的重要依据。赵芳等^[25]在对224个

谷子品种的农艺性状分析中表明单穗重、穗粒重、茎粗、穗粗、穗长、颈长等变异系数均大于 20%，表明这些性状的变异程度大。任芹勇等^[26]对 65 份谷子品种的农艺性状进行了变异分析，农艺性状的变异范围为 11.66%~49.79%，各农艺性状的变异程度由大到小依次分别为单穗粒重、单穗重、千粒重、穗长、穗粗、株高、节数。刘晓辉等^[27]对谷子 8 个组合 F₂ 代的 6 个性状遗传变异进行分析，F₂ 群体普遍存在超亲遗传现象，其单穗重、千粒重和株高等性状分离均呈单峰曲线，近似于正态分布。本研究中谷子 RILs 群体的亲本黄色素含量、直链淀粉含量、叶面积和穗粗存在显著差异。重组后代 8 个主要农艺性状和 2 个品质性状变异丰富，分布规律均近似符合正态分布，后代也都表现出双向超亲分离现象，表明所调查性状均是受微效多基因控制的数量性状。后代主要农艺性状和目标品质性状的变异幅度为 7.78%~35.32%。变异系数较大的是单穗重和穗粒重，较小的是茎节数，与刘思辰等^[28]调查的 212 份山西谷子资源的单穗重变异系数（24.74%）和穗粒重的变异系数（26.87%）存在一定差异，其他性状近似。与赵利蓉等^[29]在对不同生态区谷子品种农艺性状和品质分析中测得的单穗重变异系数 32.61%、穗粒重 31.79%、穗长 16.06%、穗粗 14.48% 也都近似，但直链淀粉是 7.63% 与本试验中的 13.3% 和 11.76% 存在差异，可能是供试材料本身存在差异。

目前科研工作者对黄色素和直链淀粉含量的研究颇多，Wx 基因是控制稻米直链淀粉含量合成的关键基因^[30]，近年来，也有很多研究者利用基因编辑创制新的 Wx 等位变异来改变稻米的淀粉含量，从而改良稻米品质^[31-33]。小麦第七同源染色体组上存在控制黄色素含量的主效基因位点^[34]，He 等^[35]开发了分子功能标记 YP7A 和 YP7A-2 用来检测 Psy-A1a、Psy-A1b 和 Psy-A1c 等位基因，其中等位基因 Psy-A1a 控制高黄色素含量，等位基因 Psy-A1b 控制低黄色素含量，等位基因 Psy-A1c 控制高黄色素含量。株高、穗长等主要农艺性状也由相应的基因控制^[36]。表型主要由基因和环境两个因素决定，但数量性状由多个基因控制，基因之间也会存在连锁关系，所以各个表型之间也可能存在相应的相关关系。李猛等^[37]研究表明倒 3 节间长与整精米率与直链淀粉含量呈极显著正相关。凡迪等^[38]所测小麦籽粒的营养性状和农艺性状之间均存在显著的负相关关系。本试验测定的黄色素含量和直链淀粉含量、株高、茎节数极显著正相关，和单穗重、穗粒重显著正相关，和叶面积极显著负相关。直链淀粉含量和叶面积、茎粗、穗长均呈现极显著负相关，和茎节数极显著正相关。

黄色素和直链淀粉含量作为评价小米品质的重要标准，与农艺性状之间的遗传关系极其复杂，不能单凭相关系数的大小来判断他们之间的影响。本研究中分析的主要农艺性状与品质性状的相关关系不能直接说明他们之间的相关关系，但农艺性状可以作为田间目标品质性状初步选择的参考，可为后续检测试验节省大量的成本和时间。也为后续定位控制黄色素、直链淀粉含量和主要农艺性状的 QTL 位点奠定基础。

参考文献

- [1] 刁现民. 禾谷类杂粮作物耐逆和栽培技术研究新进展. 中国农业科学, 2019, 52(22): 3943-3949.
DIAO X M. Progresses in stress tolerance and field cultivation studies of orphan cereals in China. Scientia Agricultura Sinica, 2019, 52(22): 3943-3949 (in Chinese)
- [2] Yang Xiaoyan, Wan Zhiwei, Perry Linda, Lu Houyuan, Wang Qiang, Zhao Chaohong, Li Jun, Xie Fei, Yu Jincheng, Cui Tianxing, Wang Tao, Li Mingqi, Ge Quansheng. Early millet use in northern China. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2012, 109(10).

- [3] 李会霞, 田岗, 王玉文, 刘鑫, 刘红. 谷子杂交种与亲本性状的遗传相关性. 中国农业科学, 2020, 53(02): 239-246
Li Huixia, Tian Gang, Wang Yuwen, Liu Xin, Liu Hong. Genetic correlation between millet hybrids and their parents. Chinese agricultural science, 2020, 53 (02): 239-246
- [4] Nithiyanantham S, Kalaiselvi, P, Mahomoodally, MF, Zengin G, Abirami, A, Srinivasan, G. Nutritional and functional roles of millets-A review. Food Biochem. 2019; 43: e12859
- [5] 刘建垒, 常柳, 段晓亮, 王文娟, 孙辉. 谷子的生产概况及其保健功能与机理研究进展. 食品工业科技, 2022, 43(5), 389-395
LIU J L, CHANG L, DUAN X L, WANG W J, SUN H. Foxtail millet: production status, advances on health benefits and its mechanism. Science and Technology of Food Industry, 2022, 43(5), 389-395.
- [6] Kaur, P., Purewal, S.S., Sandhu, K.S. et al. Millets: a cereal grain with potent antioxidants and health benefits. Food Measure 13, 793–806 (2019)
- [7] 郑楠楠, 蔡文涛, 王春玲, 贞婷婷, 么杨, 任贵兴. 不同品种谷子营养成分及功能活性成分差异化分析. 粮油食品科技, 2018, 26(02): 34-39
Zheng Nannan, Qi Wentao, Wang Chunling, Yu Tingting, Yao Yang, Ren Guixing. Differential analysis of nutritional components and functional active components of different varieties of millet. Grain, oil and food science and technology, 2018, 26 (02): 34-39
- [8] 王玉文, 李会霞, 田岗, 孙美荣, 史琴香, 郭二虎. 小米外观品质及淀粉 RVA 谱特征与米饭适口性的关系. 山西农业科学, 2008(07): 34-39
Wang Yuwen, Li Huixia, Tian Gang, sun Meirong, Shi Qinxian, Guo erhu. Relationship between appearance quality of millet and RVA spectrum characteristics of starch and palatability of rice. Shanxi Agricultural Science, 2008 (07): 34-39
- [9] 杨延兵, 张涵, 王润丰, 邓立刚, 秦岭, 陈二影, 管延安. 谷子籽粒小米黄色素含量的测定. 中国粮油学报, 2019, 34(03): 121-125
Yang Yanbing, Zhang Han, Wang Runfeng, Deng Ligang, Qin Ling, Chen Erying, Guan Yan'an. Determination of Millet Yellow Pigment Content in Millet. Chinese Journal of grain and oil, 2019, 34 (03): 121-125
- [10] 丁振, 冯朵, 曹盼盼, 李恩鹏, 李松南. 淀粉中直链淀粉含量检测技术的研究进展. 美食研究, 2022, 39(01): 87-94
Ding Zhen, Feng duo, Cao Panpan, Li enpeng, Li Songnan. Research progress of amylose content detection technology in starch. Food research, 2022, 39 (01): 87-94
- [11] 陈严双. 天然淀粉改性机制及应用概述. 化工设计通讯, 2021, 47(07): 165-166
Chen Yanshuang. Overview of modification mechanism and application of natural starch. Chemical engineering design communication, 2021, 47 (07): 165-166
- [12] 龚波. 水稻淀粉精细结构决定其热力学性质和消化特性. 扬州大学, 2020.
Gong Bo. The fine structure of rice starch determines its thermodynamic and digestive properties. Yangzhou University, 2020
- [13] 易拓, 黄娟, 雷雅杰, 宋勇. 木薯食品研究进展. 美食研究, 2019, 36(02): 23-27
Yi Tuo, Huang Juan, Lei Yajie, song Yong. Research progress of cassava food. Food research, 019, 36 (02): 23-27
- [14] 胡桂仙, 王建军, 王小骊, 董秀金, 朱加虹. 稻米食味品质检测评价技术的研究现状及展望. 中国农学通报, 2010, 26(19): 62-65
Hu Guixian, Wang Jianjun, Wang Xiaoli, Dong Xiujin, Zhu Jiahong. Research status and Prospect of rice taste quality detection and evaluation technology. Chinese agronomy bulletin, 2010, 26 (19): 62-65
- [15] 钱建亚, 吴秋艳, 张良. 脉冲电场对甘薯淀粉理化性质的影响. 美食研究, 2017, 34(04): 55-59
Qian Jianya, Wu Qiuyan, Zhang Liang. Effect of pulsed electric field on physical and chemical properties of sweet potato starch. Food research, 2017, 34 (04): 55-59
- [16] Li, L., Liu, Z., Zhang, W., Xue, B., Luo, Z. Production and Applications of Amylose-Lipid Complexes as Resistant Starch: Recent Approaches. Starch-Stärke 2021, 73, 2000249
- [17] 徐妙云, 邢利娟, 杨明雨, 张凌萱, 王磊, 刘悦萍. 高直链淀粉禾谷类作物种质创新与利用研究进展. 生物技术通报, 2022, 38(04): 20-28
Xu Miaoyun, Xing Lijuan, Yang Mingyu, Zhang lingxuan, Wang Lei, Liu Yueping. Research progress on germplasm innovation and utilization of high amylose cereal crops. Biotechnology bulletin, 2022, 38 (04): 20-28
- [18] 李部, 潘立旭, 杨勇, 朱霁晖, 陈飞, 李钱峰, 刘巧泉, 张昌泉. 高直链淀粉含量水稻品种间淀粉消化特性的差异分析. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2021, 42(02): 18-25
Li Bu, pan Lixu, Yang Yong, Zhu Jihui, Chen Fei, Li Qianfeng, Liu Qiaoquan, Zhang Changquan. Analysis of differences in starch digestion characteristics among rice varieties with high amylose content. Journal of Yangzhou University (agricultural and Life Sciences Edition), 2021, 42 (02): 18-25
- [19] 梁雪, 吴春红, 宫晓平, 郭营, 李斯深, 李絮花, 孔凡美. 不同钾处理下小麦重组自交系群体主要农艺性状的表型变异及其相关分析. 中国生态农业学报, 2012, 20(05): 520-528
Liang Xue, Wu Chunhong, Gong Xiaoping, Guo Ying, Li Shishen, Li Xuhua, Kong FanMei. Phenotypic variation and correlation analysis of main agronomic characters of wheat recombinant inbred lines under different potassium treatments. Chinese Journal of ecological agriculture, 2012, 20 (05):

- [20] 马金丰, 李志江, 李延东. 谷子嫩选 15×大金苗 F-2 群体农艺性状评价. 黑龙江农业科学, 2019(09): 4-8
Ma Jinfeng, Li Zhijiang, Li Yandong. Millet tender selection 15 × Evaluation of agronomic characters of dajinmiao F-2 population. Heilongjiang Agricultural Science, 2019 (09): 4-8
- [21] 陆平. 谷子种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006.
Lu Ping. Description specification and data standard of Millet Germplasm resources Beijing: China Agricultural Press, 2006
- [22] 杨延兵, 张涵, 王润丰, 邓立刚, 秦岭, 陈二影, 管延安. 谷子籽粒小米黄色素含量的测定. 中国粮油学报, 2019, 34(03): 121-125
Yang Yanbing, Zhang Han, Wang Runfeng, Deng Ligang, Qinling, Chen Erying, Guan Yan'an. Determination of Millet Yellow Pigment Content in Millet. Chinese Journal of grain and oil, 2019, 34 (03): 121-125
- [23] 高嘉安. 淀粉与淀粉制品工艺学. 北京: 中国农业出版社, 2001: 339.
Gao Jiaan. Starch and starch product technology [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2001: 339
- [24] 杜荣骞. 生物统计学. 4 版. 北京: 高等教育出版社, 2014.
Du rongqian. Biostatistics. 4th Edition Beijing: Higher Education Press, 2014
- [25] 赵芳, 魏玮, 张晓磊, 宋国亮, 王小明, 赵治海, 赵春慧. 224 个谷子品种农艺性状聚类和相关性分析. 种子, 2022, 41(01): 74-83
Zhao Fang, Wei Wei, Zhang Xiaolei, Song Guoliang, Wang Xiaoming, Zhao Zhihai, Zhao Chunhui. Clustering and correlation analysis of 224 millet varieties' agronomic characters. Seed, 2022, 41 (01): 74-83
- [26] 任芹勇, 樊巧利, 李涛, 郭世华. 65 份谷子品种农艺性状聚类和相关性. 分子植物育种, 2017, 15(12): 5178-5188
Ren QinYong, Fan Qiaoli, Li Tao, Guo Shihua. Clustering and correlation of agronomic traits of 65 millet varieties. Molecular plant breeding, 2017, 15 (12): 5178-5188
- [27] 刘晓辉. 谷子杂交育种研究II, F2 代遗传及选择效果的研究. 吉林农业科学, 1991(3): 12-16
Liu Xiaohui. Studies on Millet cross breeding II. Studies on the inheritance and selection effect of F2 generation. Jilin Agricultural Science, 1991 (3): 12-16
- [28] 刘思辰, 曹晓宁, 温琪汾, 王海岗, 田翔, 王君杰, 陈凌, 秦慧彬, 王纶, 乔治军. 山西谷子地方品种农艺性状和品质性状的综合评价. 中国农业科学, 2020, 53(11): 2137-2148
Liu sichen, Cao Xiaoning, Wen Qifen, Wang Haigang, Tian Xiang, Wang Junjie, Chen Ling, Qin Huibin, Wang Lun, Georgijun. Comprehensive evaluation of Agronomic and quality characteristics of Shanxi millet local varieties. Chinese Agricultural Sciences, 2020, 53 (11): 2137-2148
- [29] 赵利蓉, 马珂, 张丽光, 汤沙, 原向阳, 刁现民. 不同生态区谷子品种农艺性状和品质分析. 作物杂志, 2022(02): 44-53
Zhao Lirong, Ma Ke, Zhang Liguang, Tang Sha, Yuan Xiangyang, Diao Xianmin. Analysis of agronomic characteristics and quality of millet varieties in different ecological areas. Crop journal, 2022 (02): 44-53
- [30] Wang Z Y, Zheng F Q, Shen G Z, Gao J P, Snustad D P, Li M G, Zhang J L, Hong M M. The amylose content in rice endosperm is related to the post-transcriptional regulation of the waxy gene. The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology, 1995, 7(4): 613-622
- [31] Jinshan Zhang, Hui Zhang, Jos Ramón Botella, Jian-Kang Zhu. Generation of new glutinous rice by CRISPR/Cas_9-targeted mutagenesis of the Waxy gene in elite rice varieties. Journal of Integrative Plant Biology, 2018, 60(05): 369-375
- [32] Huang L C, Li Q F, Zhang C C, Chu R, Gu Z W, Tan H Y, Zhao D S, Fan X L, Liu Q Q. Creating novel Wxalleles with fine-tuned amylose levels and improved grain quality in rice by promoter editing using CRISPR/Cas9 system. Plant Biotechnol Journal, 2020, 18(11): 2164-2166
- [33] Zeng D C, Liu T L, Ma X L, Wang B, Zheng Z Y, Zhang Y L, Xie X R, Yang B W, Zhao Z, Zhu Q L, Liu Y G. Quantitative regulation of Waxy expression by CRISPR/Cas9-based promoter and 5'UTR-intron editing improves grain quality in rice. Plant Biotechnology Journal, 2020, 18(12), 2385-2387
- [34] Catherine Ravel, Mireille Dardevet, Fanny Leenhardt, Jacques Bordes, Jean Louis Joseph, Marie Reine Perretant, Florence Exbrayat, Charles Poncet, François Balfourier, Elisabeth Chanliaud, Gilles Charmet. Improving the yellow pigment content of bread wheat flour by selecting the three homoeologous copies of Psy1. Molecular Breeding, 2013, 31(1)
- [35] HE X Y, ZHANG Y L, HE Z H, et al. Characterization of a phytoene synthase1 gene (Psy1) located on common wheat chromosome 7A and development of a functional marker. Theor Appl Genet, 2008, 116(2): 213-221
- [36] 贾龙, 王洁, 王素华, 陈红霖, 程须珍, 杜吉到, 王丽侠. 绿豆 11 个农艺性状相关基因的 QTL 定位. 植物遗传资源学报, 2022, 23(02): 442-449
Jia long, Wang Jie, Wang Suhua, Chen Honglin, Cheng, uzhen, Du Jizhi, Wang Lixia. QTL mapping of 11 agronomic traits related genes in mung bean. Journal of plant genetic resources, 2022, 23 (02): 442-449
- [37] 李猛, 郭晓红, 周健, 胡月, 姜红芳, 吕艳东, 姜凯铭, 解宁宁. 寒地早粳稻农艺性状与品质性状的相关性分析[J]. 中国稻米, 2018, 24(06): 83-86

Li Meng, Guo Xiaohong, Zhou Jian, Hu Yue, Jiang Hongfang, LV Yandong, Jiang Kaiming, Xie Ningning . Correlation analysis between Agronomic Traits and quality traits of Early Japonica Rice in cold regions . Chinese rice, 2018, 24 (06): 83-86

[38] 凡迪,薛文韬,严俊,赵钢,FAHIMA Tzion,程剑平 . 四倍体小麦籽粒多组分营养物质含量的 QTL 定位及相关性分析 .麦类作物学报,2014,34(12): 1611-1618

Fan Di, Xue W, entao, Yan Jun, Zhao Gang, fahima tzion, Cheng Jianping . QTL mapping and correlation analysis of multicomponent nutrient content in grain of tetraploid wheat . Journal of wheat crops, 2014, 34 (12): 1611-1618