

甜高粱茎秆含糖量相关性状的遗传分析

卢峰^{1,2} 邹剑秋² 段有厚² 吕香玲^{1*}

(1. 沈阳农业大学 农学院, 沈阳 110866; 2. 辽宁省农业科学院 高粱研究所, 沈阳 110161)

摘要 为探讨甜高粱茎秆含糖量相关数量性状的遗传基础,以粒用高粱品系 LR625(P_1)和甜高粱品系 Rio(P_2)为亲本杂交构建的一组包含 4 个世代的遗传群体(P_1 、 P_2 、 F_1 、 $F_{2,3}$),采用数量性状主基因+多基因混合遗传模型,对茎秆含糖量(混合锤度)、出汁率和茎秆鲜重性状进行了遗传分析。结果表明:茎秆含糖量符合 E-1 模型,性状是由两对主基因+多基因遗传模型控制的,主基因作用方式包括加性、显性和上位性 3 种效应。其中多基因效应高于主基因效应,遗传率分别为 48.89%和 39.52%。环境效应较小,占总表型方差的 11.59%;出汁率性状符合 B-5 模型,即性状表现受 2 对主基因遗传控制,基因作用方式为完全显性作用。遗传力决定了出汁率表型变异的 75.3%,环境因素影响 24.7%,该性状的表现受遗传因素和环境因素共同影响;茎秆鲜重符合 E-2 模型即两对加性-显性主基因+加性-显性多基因遗传模型,无上位性效应,性状的主基因效应大于多基因效应,主基因遗传率为 58.85%,多基因遗传率为 17.63%,环境因素影响占 23.52%。

关键词 甜高粱; 茎秆含糖量; 出汁率; 茎秆鲜重; 遗传分析

中图分类号 S 566.5

文章编号 1007-4333(2012)06-0111-06

文献标志码 A

Genetic analysis of stalk sugar content related traits in sweet sorghum (*Sorghum bicolor*)

LU Feng^{1,2}, ZOU Jian-qiu², DUAN You-hou², LÜ Xiang-ling^{1*}

(1. College of Agronomy, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China;

2. Sorghum Research Institute, Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110161, China)

Abstract A genetic segregation analysis of stalk sugar content related traits was made with the parents of LR625, a grain sorghum variety (P_1), Rio, a sweet sorghum variety (P_2) and their F_1 and $F_{2,3}$ populations by using the mixed major gene plus poly-gene inheritance model. The results suggested that the genetic control of the stalk sugar content (brix) is consistent with E-1 model, the trait is controlled by two major genes with additive-dominant-epistatic effects and poly-genes. The poly-genes effects were higher than major gene effects, and the heritability of major genes and poly-genes were 48.98% and 39.52%, respectively. Environmental effects accounted for 11.59% of total phenotypic variance. Juice ratio was consistent with B-5 model, the trait is controlled by two major genes with dominant effects. Heritability account for 75.3% of phenotypic variation, and environmental factors accounted for 24.7%. Stalk fresh weight was consistent with E-2 model, the trait was controlled by two major genes with additive-dominant effects and poly-genes with additive-dominant effects. Heritability of major genes was 58.85%, and heritability of poly-genes was 17.63%, environmental factor effects accounted for 23.52%.

Key words sweet sorghum; stalk sugar content; juice ratio; stalk fresh weight; genetic analysis

甜高粱是重要的能源作物,是生产燃料乙醇的理想原料,培育适宜的甜高粱新品种是甜高粱燃料

乙醇产业化的重要基础。国内外甜高粱育种的主要目标:1)提高生物学产量;2)增加茎秆汁液含糖

收稿日期: 2012-05-13

基金项目: 农业部现代农业产业技术体系项目(CARS-06);国际合作项目(CFC/FIGG/41);948项目(2012-Z54)

第一作者: 卢峰,研究员,博士研究生,主要从事高粱育种研究, E-mail:lufeng740202023@163.com

通讯作者: 吕香玲,副教授,主要从事作物遗传育种教学与科研工作, E-mail:lvxiangling521@yahoo.com.cn

量^[1]。甜高粱茎秆含糖量是一个比较复杂的性状,它受单株秆重、茎秆出汁率和茎汁液含糖锤度等性状的影响^[2],因此对这些性状进行遗传分析,对甜高粱的育种改良具有重要意义。

对甜高粱茎汁含糖锤度的研究较多,研究认为,茎汁含糖锤度为多基因决定的数量性状,以基因的加性效应为主且低含糖锤度基因存在部分显性遗传^[3-5]。综合比较已有的 QTL 定位研究结果,多数研究检测到 2 个以上与含糖锤度相关的 QTL,但在不同的研究间 QTL 位置差异较大^[6-11]。引起该差异的原因可能与选材和含糖锤度指标的表型鉴定有关。以上研究对茎汁液糖锤度的测定多数是只取一个点而代表全局,取样点的位置差异易造成较大表型误差。甜高粱茎秆不同茎节之间的锤度有明显的差异,自上而下各节段的锤度呈现出低—高一—低的变化趋势。甜高粱不同节段锤度对主茎秆混合锤度的影响,在不同地区、不同品种上的表现是不同的,个别茎节的锤度不能准确地反映出主茎秆的混合锤度^[12-15]。因此选择合适的研究试材,采用合适的方法减少测定指标的试验误差,对正确揭示甜高粱遗传基础十分必要。

本研究选用低含糖量粒用高粱品系 LR625 与高含糖量甜高粱品系 Rio 组配杂交组合构建了遗传分离群体,在含糖锤度的测定上以全茎秆榨汁的混合锤度作为指标。以盖钧镞等^[16-18]提出的植物数量性状主基因+多基因遗传体系的 4 世代联合分析方法,检测甜高粱中含糖量相关性状主基因与多基因及其基因效应与遗传力等参数。通过研究旨在明确所研究材料中茎秆含糖量基因的数目、作用方式及大小,揭示甜高粱茎秆含糖量相关性状的数量遗传规律,为甜高粱的育种改良提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为茎秆含糖量(锤度)较低的粒用高粱恢复系 LR625(P₁),茎秆含糖量(锤度)较高的甜高粱品系 Rio(P₂),P₁ 与 P₂ 杂交产生的 F₁ 和 F_{2,3} 群体。材料构建方法:2008 年,在辽宁省农业科学院高粱试验田以 LR625 为母本,Rio 为父本进行去雄杂交;2008 年 11 月-2009 年 3 月在海南三亚试验基地种植 F₁ 代,自交获得 F₂;2009 年春季于辽宁省农业科学院高粱试验田种植 F₂ 代,随机标记 250 份样本单株并套袋自交。

1.2 田间种植方法

试验于 2010 年在辽宁省农业科学院高粱试验田进行。同时种植 P₁、P₂、F₁ 和 F_{2,3} 群体。试验小区行长 3 m,行距 60 cm,株距 15 cm,2 个亲本及 F₁ 各种植 5 行区、F_{2,3} 代每个样本种植 3 行,2 次重复。

1.3 项目测定方法

根据每个单株生育期记载情况结合田间植株生长表现,在高粱蜡熟期对各性状进行测量,尽量在最短时间内完成测量,以保证数据的准确性,测量了茎秆鲜重、出汁率、茎汁液混合锤度等主要性状。茎秆鲜重为摘除穗子、叶片、叶鞘和根后的茎秆重量;称重后的茎秆用立式电动甘蔗榨汁机(广东产)榨汁 2 遍,榨出的汁液重量与茎秆重量比为出汁率;用 PAL-1 型手持糖度测量仪(日本产)测量茎秆汁液混合锤度;每个亲本各测量 10 株,F₁ 代测量 5 株,F_{2,3} 代每个家系取中间行测量 10 株。

1.4 数据分析方法

利用 SPSS 软件对数据进行统计分析。从南京农业大学生物统计与田间试验精品课建设网站(<http://jpkc.njau.edu.cn/swtj/show.asp?classid=35&classtype=26>)下载植物数量性状主基因+多基因混合模型四世代(F_{2,3})软件,进行主基因与多基因的存在及基因效应分析。首先对建立的 1 对主基因(A),2 对主基因(B),多基因(C),1 对主基因+多基因(D)和 2 对主基因+多基因(E)5 类 24 种遗传模型求取极大似然函数值和 AIC 值,根据 AIC 值最小的原则及一组适合性测验(包括均匀性检验、Smirnow 检验和 Kolmogorov 检验)结果,选择最佳模型。如果存在 2 个以上模型,可以通过似然比检验(LRT,检验模型间的差异性),确定一个最优遗传模型。之后,根据入选模型的全部一阶、二阶分布参数极大似然估计值,估计出一阶遗传参数,再通过对群体表型方差的剖分估计二阶遗传参数^[18]。

2 结果与分析

2.1 P₁、P₂、F₁ 和 F_{2,3} 4 世代茎秆含糖量相关性状的表型分析

将茎汁混合锤度、出汁率和茎秆鲜重性状的 P₁、P₂、F₁ 和 F_{2,3} 群体测定结果进行统计,结果列于表 1。结果可见,两个亲本间在茎汁混合锤度和茎秆鲜重性状上达到了极显著差异,在出汁率性状上达到了显著差异,说明该亲本组合适合组建用于研究茎秆含糖量的群体。

表 1 群体平均数等参数分析

Table 1 Analysis of stalk sugar content related traits of two sorghum lines and their progeny

群 体	性状平均值		
	茎汁混合 锤度 Brix/%	出汁率/ %	茎秆鲜重/ g
P ₁	11.18	31.00	163.20
P ₂	18.37	27.48	246.94
P ₁ -P ₂	7.19**	3.52*	83.74**
中亲值	14.78	29.24	205.07
F ₁	13.50	27.65	523.00
F _{2,3}	12.20	38.99	404.13
F _{2,3} 超高亲个体数	6	208	196

注：** 代表达到 0.01 显著水平，* 代表达到 0.05 显著水平。

LR625 平均锤度为 11.18%，Rio 的平均锤度为 18.37%，F₁ 平均锤度为 13.5%，F_{2,3} 平均锤度为 12.2%。亲本中亲值为 14.78%，F₁ 和 F_{2,3} 均偏向于低含糖亲本，这表明对于 LR625/Rio 组合来说低含糖锤度对高含糖锤度表现为部分显性。F_{2,3} 群体中含糖锤度呈连续分布，并有明显的超亲现象，说明该性状受多基因控制。

LR625 平均出汁率为 31%，Rio 的平均出汁率为 27.48%，F₁ 平均出汁率为 27.65%，F_{2,3} 平均出汁率为 38.99%。亲本中亲值为 29.24%，F₁ 偏向

于低值亲本。F_{2,3} 群体中有 208 个家系出汁率高于高值亲本，14 个家系低于高值亲本，经卡方检测符合 1 : 15 的分离比例，说明该性状主要受两对主基因控制。由于 F_{2,3} 群体中个别家系出汁率远远高于高值亲本，说明该性状也受到一定数目的多基因控制。

LR625 平均茎秆鲜重为 163.20 g, Rio 平均茎秆鲜重为 246.94 g, F₁ 平均茎秆鲜重为 523.00 g, F_{2,3} 平均茎秆鲜重为 404.13 g。亲本中亲值为 205.07 g, F₁ 表现出明显的杂种优势, F_{2,3} 优势有所降低。说明该性状属于典型的数量性状。

2.2 茎秆含糖量相关性状的遗传分析

2.2.1 最适遗传模型的确定

利用 4 世代联合分析方法对组合 LR625/Rio 茎汁混合锤度、出汁率和茎秆鲜重进行分析。分别获得 3 类 15 种、4 类 19 种和 3 类 15 种遗传模型的极大似然函数值和 AIC 值。

从表 2 可见，对茎汁混合锤度性状，B-1、E-0 和 E-1 模型的 AIC 值较小，分别为 142.497、133.995 和 140.114，对以上 3 个遗传模型进行适合度检验，B-1 有 2 个统计量达到显著水平，E-1 有 1 个统计量达到显著水平，而 E-0 没有统计量达到显著，因此将 E-0 模型确定为锤度性状的最适遗传模型。该遗传模型可解释为性状表现受 2 对主基因和多基因混合遗传控制，且主基因与多基因的基因作用方式均表现为加性、显性、上位性作用。

表 2 各遗传模型下的极大似然值和 AIC 值

Table 2 The Max-likelihood values and Akaike's information criterion values under various genetic models

模 型	茎汁混合锤度		出汁率		茎秆鲜重	
	最大似然值	AIC	最大似然值	AIC	最大似然值	AIC
A-1			-124.443	256.886		
A-2			-127.580	261.1606		
A-3			-130.879	267.757		
A-4			-125.858	257.717		
B-1	-61.249	142.497	-97.972	215.944	-221.208	462.416
B-2	-116.528	245.055	-99.658 9	211.318	-227.423	466.847
B-3	-110.511	229.022	-111.837	231.673	-221.754	451.507
B-4	-128.247	264.495	-129.087	266.173	-250.281	508.562
B-5	-112.060	234.121	-101.396	212.792	-240.132	490.263
B-6	-108.126	224.251	-128.132	264.264	-258.055	524.111

续表

模型	茎汁混合锤度		出汁率		茎秆鲜重	
	最大似然值	AIC	最大似然值	AIC	最大似然值	AIC
C-0	-67.209	146.417	-103.784	219.567	-212.218	436.437
C-1	-80.937	171.875	-104.574	219.148	-213.06	436.120
E-0	-52.997	133.995	-100.764	229.527	-207.504	443.009
E-1	-57.057	140.114	-99.848	225.695	-201.507	429.014
E-2	-64.487	146.973	-100.974	217.949	-205.119	428.239
E-3	-80.937	175.875	-104.261	222.521	-213.059	440.118
E-4	-80.937	173.875	-104.573	221.146	-213.06	438.120
E-5	-80.941	175.881	-102.309	218.618	-212.959	439.918
E-6	-80.938	173.876	-104.209	220.417	-213.059	438.117

对出汁率性状, B-1、B-2、B-5 的 AIC 值较小, 分别为 215.944、211.318、和 212.792, 对以上 3 个遗传模型进行适合度检验, B-1 有 4 个统计量达到显著水平, B-2 有 2 个统计量达到显著水平, B-5 没有统计量达到显著水平, 因此将 B-5 模型确定为出汁率性状的最适遗传模型。该遗传模型可解释为性状表现受 2 对主基因遗传控制, 基因作用方式为完全显性作用。

对茎秆鲜重性状, C-0、C-1、E-1 和 E-2 的 AIC 值较小, 分别为 436.437、436.120、429.014 和 428.239, 进行适合度检验, 这些模型均只有 1 个统计量达到显著水平, 而 E-2 模型 $F_{2,3}$ 各成分概率分布值最大, AIC 值最小, 因此将 E-2 模型确定为茎秆鲜重性状的最适遗传模型。该遗传模型可解释为性

状表现受 2 对主基因和多基因混合遗传控制, 且主基因与多基因的基因作用方式均表现为加性、显性作用。

2.2.2 遗传参数的估计

遗传参数包括一阶参数和二阶参数两类。根据入选模型的全部一阶、二阶分布参数极大似然估计值, 估计出一阶遗传参数, 通过对群体表型方差的剖分估计二阶遗传参数, 即性状主基因遗传力及多基因遗传力。

从表 3 可见, 在控制锤度的 2 对主效基因中, 第 1 对主基因的加性效应 (d_a)、显性效应 (h_a) 和显性度 (h_a/d_a) 分别为 2.7、-2.85 和 -1.06, 第 2 对主基因的加性效应 (d_b)、显性效应 (h_b) 和显性度 (h_b/d_b) 分别为 1.75、-0.4 和 -0.22。其中 $|d_a| > |d_b|$,

表 3 $F_{2,3}$ 群体茎秆含糖量相关性状的遗传参数估计值Table 3 The estimates of genetic parameters of stalk sugar content related traits of the $F_{2,3}$ population

一阶参数	估计值			二阶参数	估计值		
	茎汁混合锤度	出汁率	茎秆鲜重		茎汁混合锤度	出汁率	茎秆鲜重
m	14.88	41.4	343.70	表型方差 σ_p^2	18.90	97.20	31 876.00
d_a	2.70	-0.01	40.84	主基因方差 σ_{mg}^2	7.47	73.19	18 759.60
d_b	1.75	-0.01	31.96	多基因方差 σ_{pg}^2	9.24		5 619.09
h_a	-2.85	6.30	-402.95	环境方差 σ_e^2	2.19	24.01	7 497.31
h_b	-0.40	16.90	-320.16	主基因遗传率 $h_{mg}^2/\%$	39.52	75.30	58.85
$i_{(d)}$	1.43	-4.08	94.44	多基因遗传率 $h_{pg}^2/\%$	48.89		17.63
$j_{ab(b)}$	-1.05	-32.71	948.74				
j_{ba}	-2.02						
l	-0.01						

$|h_a| > |h_b|$ 说明第1对主基因的加性作用和显性作用均大于第2对主基因的作用;前者显性度大于1,后者的显性度小于1,说明控制锤度性状的两对主基因一个以显性效应为主一个以加性效应为主。从主基因间的互作分析结果来看,两对主基因加性 \times 加性及显性 \times 显性的互作效应绝对值均小于主基因加性效应,但是大于第二主基因的显性效应,说明这两种互作效应对选择有一定的影响。锤度性状的二阶参数分析结果,主基因遗传力为39.52%,多基因遗传力为48.89%,主基因+多基因决定了锤度表型变异的88.41%,仅有11.59%是由环境因素决定的。这说明该锤度性状的表现主要受遗传因素的影响。但主基因遗传力小于多基因的遗传力,这说明锤度性状除了受两对主基因的作用外,其他微效基因的影响也比较大。

在控制出汁率的2对主效基因中,第1对主基因的加性效应(d_a)、显性效应(h_a)和显性度(h_a/d_a)分别为-0.01、6.30和-630,第2对主基因的加性效应(d_b)、显性效应(h_b)和显性度(h_b/d_b)分别为-0.01、16.9和-1690。2对主基因的加性作用近于0,说明控制出汁率性状的两对主基因均以显性效应为主。其中 $|h_a| < |h_b|$,说明第2对主基因的显性作用大于第1对主基因的作用。该性状的二阶参数分析结果,主基因遗传力决定了出汁率表型变异的75.3%,有24.7%是由环境因素决定的。这说明该性状的表现受遗传因素和环境因素共同影响。

在控制茎秆鲜重的2对主效基因中,第1对主基因的加性效应(d_a)、显性效应(h_a)和显性度(h_a/d_a)分别为40.84、-402.95和-9.87,第2对主基因的加性效应(d_b)、显性效应(h_b)和显性度(h_b/d_b)分别为31.96、-320.16和-10.02。其中 $|d_a| > |d_b|$, $|h_a| > |h_b|$ 说明第1对主基因的加性作用和显性作用均大于第2对主基因的作用;二者显性度均大于1,说明控制该性状的两对主基因以显性效应为主。性状的二阶参数分析结果,主基因遗传力为58.85%,多基因遗传力为17.63%,主基因遗传力远大于多基因的遗传力,这说明该性状主要受两对主基因的作用。主基因+多基因决定了茎秆鲜重表型变异的76.48%,有23.52%是由环境因素决定的,这说明该性状的表现受遗传因素和环境因素共同影响。

3 讨论

甜高粱茎秆含糖量的研究一直是甜高粱研究工

作的重点内容之一。本研究通过对甜高粱 Rio 和粒用高粱 LR625 为亲本杂交构建的一组包含 4 个世代的遗传群体(P_1 、 P_2 、 F_1 、 $F_{2,3}$)的茎秆含糖量(混合锤度)、出汁率和茎秆鲜重性状进行主基因+多基因混合遗传模型分析,探讨了甜高粱茎秆含糖量相关数量性状的遗传基础。

3.1 茎汁含糖锤度的遗传

马鸿图^[3]和李胜国^[4]的研究表明高粱茎汁含糖锤度表现负向杂种优势,茎汁含糖锤度为微效多基因决定的数量性状,以基因的加性效应为主且低含糖锤度基因存在部分显性遗传,广义遗传力为92.7%,狭义遗传力为87.7%。而 Mall 等^[19]的研究则表明,高糖含量组合 F_1 倾向高糖亲本,高糖锤度是显性性状,为多基因控制,且加性和显性效应均显著。管延安等^[20]利用 P_1 、 P_2 、 F_1 和 F_2 共 4 个世代联合分析表明, F_1 代糖锤度具有正向杂种优势,糖锤度的遗传受 1 对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型控制,控制主基因的加性效应为-4.501,显性效应较小为 0.237。主基因遗传率为 65.72%,多基因遗传率为 20.43%。王黎明等^[21]通过对低含糖量与高含糖量组合的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 BC_1 和 BC_2 共 6 个世代的含糖量进行基因效应分析表明,杂交后代的含糖量介于双亲之间,且偏向于高含糖量的父本。含糖量的遗传符合加性遗传模型,加性效应估值为负值。

本研究利用粒用高粱品系 LR625(P_1)和甜高粱品系 Rio(P_2)为亲本构建的一组包含 4 个世代的遗传群体(P_1 、 P_2 、 F_1 、 $F_{2,3}$),采用数量性状主基因+多基因混合遗传模型进行分析,结果表明, F_1 和 $F_{2,3}$ 茎秆含糖锤度均偏向于低含糖亲本,茎秆含糖锤度性状符合 E-1 模型,即性状是由两对主基因+多基因控制的,主基因作用方式包括加性、显性和上位性 3 种效应。基因效应决定了锤度表型变异的 88.41%,环境效应较小,占总表型方差的 11.59%。其中多基因效应高于主基因效应,遗传率分别为 48.89%和 39.52%。

3.2 出汁率的遗传

在甜高粱茎秆出汁率方面的研究较少,曹文伯等对 8 个甜高粱品种糖产量构成因子的遗传力和遗传变异系数进行研究估算,结果表明出汁率的遗传变异幅度小,遗传力最低,易受环境条件的影响;马鸿图^[3]和李胜国^[4]的研究表明出汁率是受多基因作用的数量性状遗传,其杂种优势为负值,出汁率的遗

传力相对含糖锤度低,更易受到环境的影响。研究表明甜高粱茎秆出汁率的高低与其质地有密切的关系。据 Hilson 的研究,用干茎秆高粱品种与有汁液的甜高粱品种杂交,干茎秆为显性,甜茎秆为隐性;马鸿图^[3]和李胜国^[4]利用粒用高粱与甜高粱杂交获得的 F₁ 和 F₂ 进行研究,结果表明高粱茎秆质地干涸和多汁型杂交 F₁ 表现为干涸型, F₂ 出现 3:1 的分离。高粱茎秆质地性状遗传受一对等位基因控制,茎秆多汁类型为隐性性状,干涸类型为显性性状。

本研究表明 F₁ 出汁率偏向于低值亲本, F_{2,3} 群体中有较多家系出汁率出现超亲遗传,出汁率性状符合 B-5 模型,即性状表现受 2 对主基因遗传控制,基因作用方式为完全显性作用。遗传力决定了出汁率表型变异的 75.3%,环境因素影响 24.7%,该性状的表现受遗传因素和环境因素共同影响。

3.3 茎秆鲜重的遗传

在甜高粱茎秆鲜重方面的研究较少,而在茎秆株高方面研究较多,植株高低对茎秆产量有较大影响。多数研究认为株高的遗传力高,主要以加性效应为主。管延安等^[20]分析表明,株高遗传为两对完全显性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型,主基因遗传率为 74.4%,多基因遗传率为 22.1%。Murray 等^[10]研究表明株高性状存在 3 个主效 QTL。

本研究表明 F₁ 茎秆鲜重存在较大杂种优势。符合 E-2 模型即两对加性-显性主基因+加性-显性多基因遗传模型,且两对主基因以显性效应为主。主基因遗传力为 58.85%,多基因遗传力为 17.63%。主基因+多基因决定了茎秆鲜重表型变异的 76.48%,有 23.52%是由环境因素决定的,该性状的表现受遗传因素和环境因素共同影响。

参 考 文 献

- [1] 高士杰,刘晓辉,李玉发,等. 中国甜高粱资源与利用[J]. 杂粮作物,2006,26(4):273-274
- [2] 卢峰,吕香玲,邹剑秋,等. 甜高粱茎秆含糖量遗传研究进展[J]. 作物杂志,2011,141(2):8-12
- [3] 马鸿图,徐希德. 高粱茎秆含糖量遗传研究[J]. 辽宁农业科学,1989(4):15-20
- [4] 李胜国,马鸿图. 高粱茎秆含糖量遗传研究[J]. 作物杂志,1993(1):18-21
- [5] 卞云龙,邓德祥,徐向阳,等. 高粱茎秆中糖分含量的变化[J]. 杂粮作物,2004,24(5):282-283
- [6] Bian Y L, Seiji Y, Maiko I, et al. QTLs for sugar content of stalk in sweet sorghum (*Sorghum bicolor* L Moench)[J]. Agric Sci China, 2006,5(10):736-744
- [7] Natoli A, Gorni C, Chegdani F, et al. Identification of QTLs associated with sweet sorghum quality[J]. Maydica, 2002, 47: 311-322
- [8] Ritter K B, Jordan D R, Chapman S C, et al. Identification of QTL for sugar-related traits in a sweet × grain sorghum (*Sorghum bicolor* L Moench) recombinant inbred population [J]. Molecular Breeding, 2008, 22(3): 367-384
- [9] Murray S C, Sharma A, Rooney W L, et al. Genetic improvement of sorghum as a biofuel feedstock I: Quantitative loci for stem sugar and grain nonstructural carbohydrates[J]. Crop Science, 2008, 48(6): 2165-2179
- [10] Murray S C, Rooney W L, Hamblin M T, et al. Sweet sorghum genetic diversity and association mapping for brix and height [J]. Plant Genome, 2009, 2(1): 48-62
- [11] Shiringani A L, Frisch M, Friedt W. Genetic mapping of QTLs for sugar-related traits in a RIL population of *Sorghum bicolor* L Moench[J]. Theor Appl Genet, 2010, 121(2): 323-336
- [12] 周宇飞,黄瑞冬,许文娟,等. 甜高粱不同节间与全茎秆锤度的相关性分析[J]. 沈阳农业大学学报, 2005, 36(2): 139-142
- [13] 李振武,支萍,孔令旗. 甜高粱节段锤度与主茎秆锤度的关系[J]. 辽宁农业科学, 1990(1): 33-35
- [14] 谢凤周. 糖高粱茎秆糖分积累规律初步研究[J]. 辽宁农业科学, 1989(5): 50-51
- [15] 籍贵芬,杜瑞恒,侯升林,等. 甜高粱茎秆含糖量研究[J]. 华北农学报, 2006, 21: 81-83
- [16] 盖钧镒. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J]. 遗传学报, 2005, 27(1): 130-136
- [17] 章元明,盖钧镒,张孟臣. 利用 P₁、P₂、F₁、F₂ 或 F_{2,3} 世代联合的数量性状分离分析[J]. 西南农业大学学报, 2000, 22(1): 6-9
- [18] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社, 2003: 8-223
- [19] Audilakshmi S, Mall A K, Swarnalatha M, Seetharama N. Inheritance of sugar concentration in stalk (brix), sucrose content, stalk and juice yield in sorghum [J]. Biomass and Bioenergy, 2010, 34(6): 813-820
- [20] 管延安,张华文,樊琪垠,等. 普通高粱与甜高粱杂交组合株高、糖度的主基因多基因模型遗传效应分析[J]. 核农学报, 2012, 26(1): 36-42
- [21] 王黎明,黄瑞冬,焦少杰,等. 甜高粱含糖量遗传的基因效应分析[J]. 作物杂志, 2010(4): 62-64