张旷野,吴晗,王佳旭,等.43个高粱恢复系的株型评价与株高基因效应分析[J].山西农业大学学报(自然科学版),2025,45(4):27-36.
Zhang K Y, Wu H, Wang J X, et al. Plant architecture evaluation and genetic analysis of plant height in 43 sorghum restorer lines[J]. Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2025,45(4):27-36.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202503010

43个高粱恢复系的株型评价与株高基因效应分析

张旷野,吴晗,王佳旭,杨琳琳,陈柏志,赵泽阳,段有厚,张志鹏,王艳秋,张飞,柯福来*

(辽宁省农业科学院 高粱研究所,辽宁 沈阳 110161)

摘　要:[目的]高粱作为全球重要的粮食与能源作物,株型优化对其产量提升、抗逆性提升均有重要意义。本研究旨在解析高粱亲本系株高性状的遗传基础,为高产、抗逆、宜机收高粱新品种的定向选育提供理论依据与技术支撑。[方法]本研究以43个高粱恢复系为材料,综合表型分析、相关性分析、聚类分析与分子标记技术,系统解析株型相关性状的遗传调控机制及其育种应用潜力。[结果]供试材料的株高与旗叶间距、穗柄长度呈显著正相关,而柄伸长度与穗长负相关。表型聚类分析将群体划分为3类:类群Ⅰ是理想株型育种的核心材料,类群Ⅱ需通过杂交引入显性基因改良株高,类群Ⅲ呈现极端高秆(174.50 cm)与长柄特征,可为生物量提升育种提供独特资源。*DW1*和*DW2*基因的显性等位基因(*DW1DW1DW2DW2*)显著促进株高(双显性基因型株高达152.31 cm),而隐性纯合(*dw1dw1dw2dw2*)则特异性增加柄伸长度(14.00 cm)与穗柄长度(39.89 cm)。[结论]本研究揭示高粱株高性状中*DW1*/*DW2*显性等位基因协同增效株高、隐性纯合特异性调控柄部伸长,为株型定向育种提供理论与材料基础。

关键词:高粱;株高;基因型;分子标记辅助选择
中图分类号:S330　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2025)04-0027-10

Plant architecture evaluation and genetic analysis of plant height in 43 sorghum restorer lines

Zhang Kuangye, Wu Han, Wang Jiaxu, Yang Linlin, Chen Baizhi, Zhao Zeyang, Duan Youhou, Zhang Zhipeng, Wang Yanqiu, Zhang Fei, Ke Fulai*

(*Sorghum Research Institute, Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110161, China*)

Abstract:[Objective]As a globally important grain and energy crop, sorghum's plant architecture optimization is crucial for enhancing yield and stress tolerance. This study aimed to elucidate the genetic basis of plant height traits in parental lines to facilitate targeted breeding of high-yielding, stress-resistant, and machine-harvestable sorghum varieties. [Methods]In this study, 43 sorghum restoration lines were evaluated using integrated approaches including phenotypic characterization, correlation analysis, cluster analysis, and molecular marker technology to systematically investigate the genetic control of plant architecture-related traits and their breeding potential. [Results]Plant height showed significant positive correlations with flag leaf spacing and panicle neck length, while negatively correlating with panicle length. Phenotypic clustering analysis identified three distinct groups: group Ⅰ represented ideal plant-type germplasm; Group Ⅱ required dominant gene introgression for height improvement, and group Ⅲ exhibited extreme tall stature (174.50 cm) with elongated panicle necks, serving as valuable resources for biomass enhancement. The *DW1* and *DW2* dominant haplotype (*DW1DW1DW2DW2*) significantly promoted plant height (152.31 cm in the double dominant genotypes), while the recessive homozygous genotype (*dw1dw1dw2dw2*) specifically in-

收稿日期:2025-03-11　　**修回日期**:2025-04-24
基金项目:国家现代农业产业技术体系(CARS-06-14.5-A11);辽宁省农业科学院院长基金项目(2022BS0705);辽宁省藏粮于技重大专项(2023JH1/10200001);沈阳市种业创新专项(24-215-2-02)
作者简介:张旷野(ORCID:0009-0006-5778-9067),副研究员,博士,研究方向:高粱遗传育种
*通信作者:柯福来(ORCID:0009-0001-1843-0426),研究员,E-mail:397634262@qq.com

creased neck exsertion length (14.00 cm) and panicle neck length (39.89 cm). [Conclusion] This study demonstrated synergistic effects of *DW1*/*DW2* dominant alleles on plant height and specific regulation of panicle neck elongation by recessive homozygotes, providing both theoretical insights and practical germplasm resources for plant architecture-oriented breeding programs.

Keywords: Sorghum, Plant Height, Genotype, Molecular Marker-Assisted Selection

高粱[*Sorghum bicolor* (L.) Moench]作为全球第5大禾谷类作物,广泛分布于热带、亚热带及温带干旱地区,是粮食安全、饲料生产和生物能源开发的重要作物[1]。然而,随着全球气候变化加剧、耕地资源萎缩及人口增长,高粱生产面临产量提升、抗逆性增强和机械化适配等多重挑战[2-3]。其中,株型作为决定作物光能利用效率、抗倒伏能力及机械化采收适应性的核心农艺性状,成为育种研究的重点方向[4]。理想的株型特征包括适中的株高、紧凑的穗部结构、强韧的茎秆以及协调的源-库关系,这些性状直接影响群体光合效率、籽粒灌浆和抗倒伏性能[5]。传统育种通过表型选择改良株型,多依赖表型观察与经验选择,存在效率低、周期长且易受环境干扰等局限性,效率受限于表型与基因型的复杂关联性。因此,解析株型相关性状的遗传基础,并利用分子育种技术实现精准改良,成为突破传统育种瓶颈的关键路径[6]。

传统评价体系多基于田间表型数据,但环境变异与基因型×环境互作效应常导致选择偏差[7]。近年来,整合高通量表型组学与多组学数据的综合评价体系逐渐兴起。例如,分子标记技术通过定位与株型相关的数量性状位点(QTL),能够加速优良等位基因的聚合。高粱株高是株型改良的核心性状之一,直接影响抗倒伏性和群体产量。在传统表型评价体系中,高粱株型性状间存在复杂的遗传相关性。前人研究发现株高与穗长和柄伸长度间均存在显著或极显著的正相关关系。这些性状间的紧密关联提示单一性状改良可能引发其它性状的连锁变化,凸显了多性状协同选择的必要性[8-9]。研究发现,*DW1*和*DW2*基因通过调控赤霉素代谢途径控制节间伸长[10-15]。其中,*DW1*外显子区域的SNP突变导致功能缺失,可使株高降低30%~50%,该基因的突变与赤霉素代谢通路相关,其功能丧失会显著缩短节间长度和减少细胞数量,从而降低株高。此外,*DW1*在多个生长季节中表现出对株高和其它农艺性状的稳定多效性,其QTL效应在动态环境下仍保持一致性[16-17]。*DW2*是另一个关键矮化基因,非洲地方品种中*SbBr1*等位基因(与*DW2*共分离)的高频分布表明其半矮化表型在自然选择和育种中具有长期优势[18]。*DW1*和*DW2*的突变等位基因常共同存在于同一植株中,通过叠加效应加剧矮化程度。例如,携带*DW1*和*DW2*双突变的材料株高比单突变体进一步降低约30%~50%。群体中约22%的种质同时携带这2个基因的突变,说明它们在育种中常被组合使用以实现理想株型[19]。此外,*DW1*和*DW2*分别解释约15%和12%的株高表型变异,其联合效应可达25%以上[16-17]。基于这2个位点,研究者开发了CAPS标记DW1-CAPS和KASP标记DW2-KASP,用于快速鉴定矮秆基因型[10-15]。邹剑秋等[20]对株高基因DW1、DW2和DW3进行扩增测序,筛选到"三矮"不育系01-26A;段国旗等[21]基于全基因组关联分析在自然群体中鉴定出株高相关的基因*SbPH11*,并对其功能位点开发了KASP标记,可用于株高的早期预测和筛选。MAS可精准靶向株型相关基因,显著提升育种效率。未来,结合高通量表型组学与多组学数据整合分析,将进一步推动高粱理想株型的分子设计育种[22]。

本研究对43个高粱恢复系进行表型分析、相关性分析、聚类分析与遗传背景分析,聚焦于*DW1*、*DW2*等关键基因对株高、柄伸长度等性状的显隐性调控效应,结合群体聚类与性状相关性分析,探究高粱株高相关性状协同发育的遗传机制及资源分配权衡规律,通过整合恢复系的株高表型与分子标记,系统解析高粱亲本系株高性状的遗传基础,为高产、抗逆、宜机收高粱新品种的定向选育提供理论依据与技术支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料及田间种植方式

供试材料为43个高粱骨干恢复系。2022年5

月于辽宁省农业科学院试验田(41.82°N,123.56°E)种植43个恢复系,行距0.6 m,株距0.2 m,3行区,3次重复。当地2022年5-10月平均气温为19.15 ℃,活动积温为3 423.5 ℃,有效积温为1 743.5 ℃,总降雨量为560.4 mm,总日照时数为1050 h。前茬作物为野生大豆。土壤类型为沙壤土。常规栽培管理。

1.2　性状调查方法

于成熟期调查各恢复系的株高(Plant heigth,PH),穗长(Spike length,SL),柄伸长度(Exsertion length,EL),穗柄长度(Peduncle length,PL)和第一到第二叶距离(First leaf to second leaf length,FtSL)。在每个小区中间行中连续取5株进行调查,各性状的详细调查方法如下:

株高和穗长:利用塔尺分别测量穗顶到地表、穗基部的长度。

柄伸长度:利用直尺分别测量穗基部到旗叶基部的长度。

穗柄长度:利用直尺分别测量穗基部到上数第一节间的长度。

第一到第二叶距离:利用直尺测量旗叶基部到上数第二叶基部的长度。

1.3　基因分型

五叶期取幼嫩叶片放入液氮中保存,利用DNAsecure新型植物基因组DNA提取试剂盒(天根生化科技(北京)有限公司,DP320)提取DNA。经紫外分光光度计和琼脂糖凝胶电泳检测DNA的浓度和纯度后进行PCR扩增反应,引物序列如表1所示。PCR产物送苏州泓迅生物科技股份有限公司进行双向测序。

表1　高粱*DW1*和*DW2*功能位点扩增引物序列

Table 1　Amplification primer sequences for sorghum *DW1* and *DW2* functional loci

引物 Primer	上游(5'-3') Forward	下游(5'-3') Reverse
DW1	TGGCGGTCCAACGTCTAAT	CCTGAAGTATGGCGTGTCG
DW2-3	CAGTTCAAATCAACGAGGAG	TCCGTCGTGAAATGAGAATA

1.4　统计分析

利用Excel 2021软件对株高相关性状的表型值进行整理与分析,利用SPSS 24软件进行相关性分析(相关系数:皮尔逊;显著性检验:双尾检验)、方差分析、聚类分析以及独立样本T检验,利用DNAMAN 9.0.1.116软件进行基因型分析,利用GraphPad Prism 8软件绘制相关图表。

2　结果分析

2.1 表型分析

如图1所示,43个恢复系的株高为71.67～219.67 cm,平均值为142.98 cm,变异系数为19.73%;穗长方面,43个恢复系的平均穗长为25.18 cm,变异系数为18.48%,变异幅度为13.67～37.00 cm;43个恢复系的柄伸长度变异系数较大,为65.41%,柄伸长度平均值约为5.70 cm,变异幅度为0～15.11 cm;穗柄长度方面,43个恢复系的穗柄长度为26.26 cm,变异系数为20.67%,其中最小值为18.17 cm,最大值为40.89 cm;43个恢复系的旗叶到第二叶距离平均值为20.56 cm,变异系数约为17.15%,变异幅度为13.11～29.17 cm。

2.2 相关性分析

5个株高相关性状的相关关系如图2所示。其中呈显著或极显著的相关关系有5组,分别为株高和旗叶到第二叶距离(r=0.486,P=0.001),株高和穗柄长度(r=0.350,P=0.018),穗长和旗叶到第二叶距离(r=0.340,P=0.022),穗柄长度和旗叶到第二叶距离(r=0.732,P=0),穗柄长度和柄伸长度(r=0.764,P=0)。另外,还有1对极显著的负相关关系为柄伸长度和穗长之间,相关系数为-0.435(P=0.003)。

2.3 聚类分析

对43个恢复系的5个株高相关性状进行Z-score标准化处理后,以各性状为因子采用组间连接方法进行聚类分析,当平方欧式距离在15处可将43个恢复系分为3个类群,结果如图3所示,其中类群Ⅰ包含33个恢复系,类群Ⅱ包含8个恢复系,类群Ⅲ只包含2个恢复系。

对3个类群的株高相关性状进行进一步的分析,结果表明,在株高方面类群Ⅲ的株高平均值

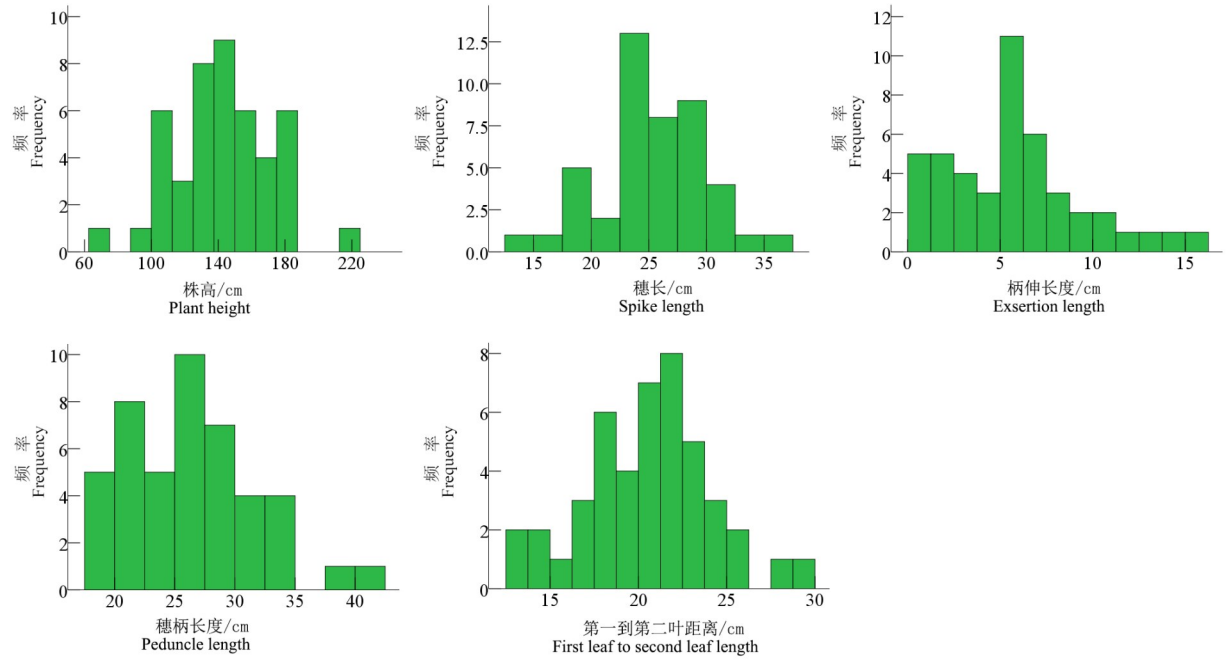
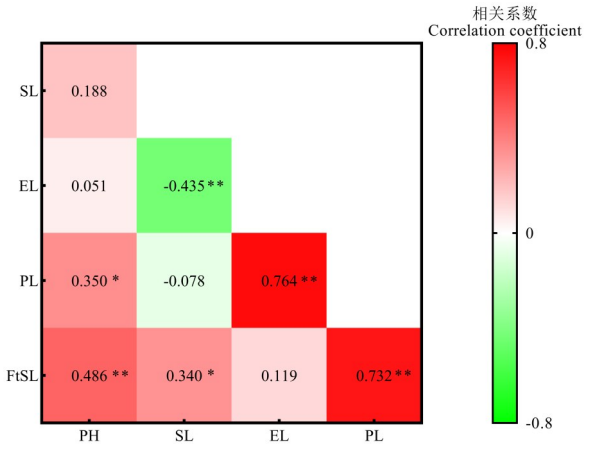


图1 株高相关性状的表型分析

Fig.1 Phenotypic analysis of plant height related traits



PH:株高,SL:穗长,EL:柄伸长度,PL:穗柄长度,FtSL:第一到第二叶距离。*代表0.05水平下显著,**代表0.01水平下显著

PH: Plant heigth, SL: Spike length, EL: Exsertion length, PL: Peduncle length, FtSL: First leaf to second leaf length. * and ** represented significant differences at $P<0.05$ and 0.01 level, respectively

图2 5个性状相关性分析

Fig. 2 Correlation analysis of five traits

(174.50 cm)显著大于类群Ⅰ(145.53 cm)和类群Ⅱ(111.53 cm),而类群Ⅰ的株高也显著大于类群Ⅱ(图4)。穗长方面类群Ⅰ的穗长平均值(26.66 cm)显著大于类群Ⅱ(19.32 cm),但是类群Ⅰ和类群Ⅲ(23.00 cm),类群Ⅲ和类群Ⅱ之间则没有显著性差异(图4)。3个类群的柄伸长度从类群Ⅰ至类群Ⅲ依次升高,且均存在显著性差异,类群Ⅰ、类群Ⅱ和类群Ⅲ的柄伸长度分别为4.40 cm、8.68 cm和14.00 cm(图4)。穗柄长度方面类群Ⅲ的穗柄长度平均值为39.89 cm,显著大于类群Ⅰ(25.25 cm)和类群Ⅱ(25.88 cm),另外类群Ⅰ和类群Ⅱ的穗柄长度之间没有显著性差异(图4)。与穗柄长度类似的情况还有旗叶到第二叶距离,同样为类群Ⅲ显著大于类群Ⅰ和类群Ⅱ,但是类群Ⅰ和类群Ⅱ之间差异不显著(图4)。

综上所述,从株型方面考虑3个类群中类群Ⅰ虽然存在柄伸长度较短的缺点,但是株高、穗长,穗颈和旗叶到第二叶间距均比较适中和理想,所以类群Ⅰ为以后高粱株型育种的重要基础材料,可以考虑与柄伸长度较长的不育系组配杂交组合。类群Ⅱ在穗长、柄伸长度、穗柄长度以及旗叶到第二叶间距方面比较合理,但也存在着株高较低的问题,可以与株高适中的不育系组杂交,更可能选育出株型理想的杂交组合。类群Ⅲ存在株高较高,柄伸长度和穗柄长度较大的缺点,但也是日后恢复系生物量提升的重要种质资源。

2.4 株高基因分型与效应分析

为探究43个恢复系的株高遗传规律,利用株高基因*DW1*和*DW2*功能位点的引物对43个恢复

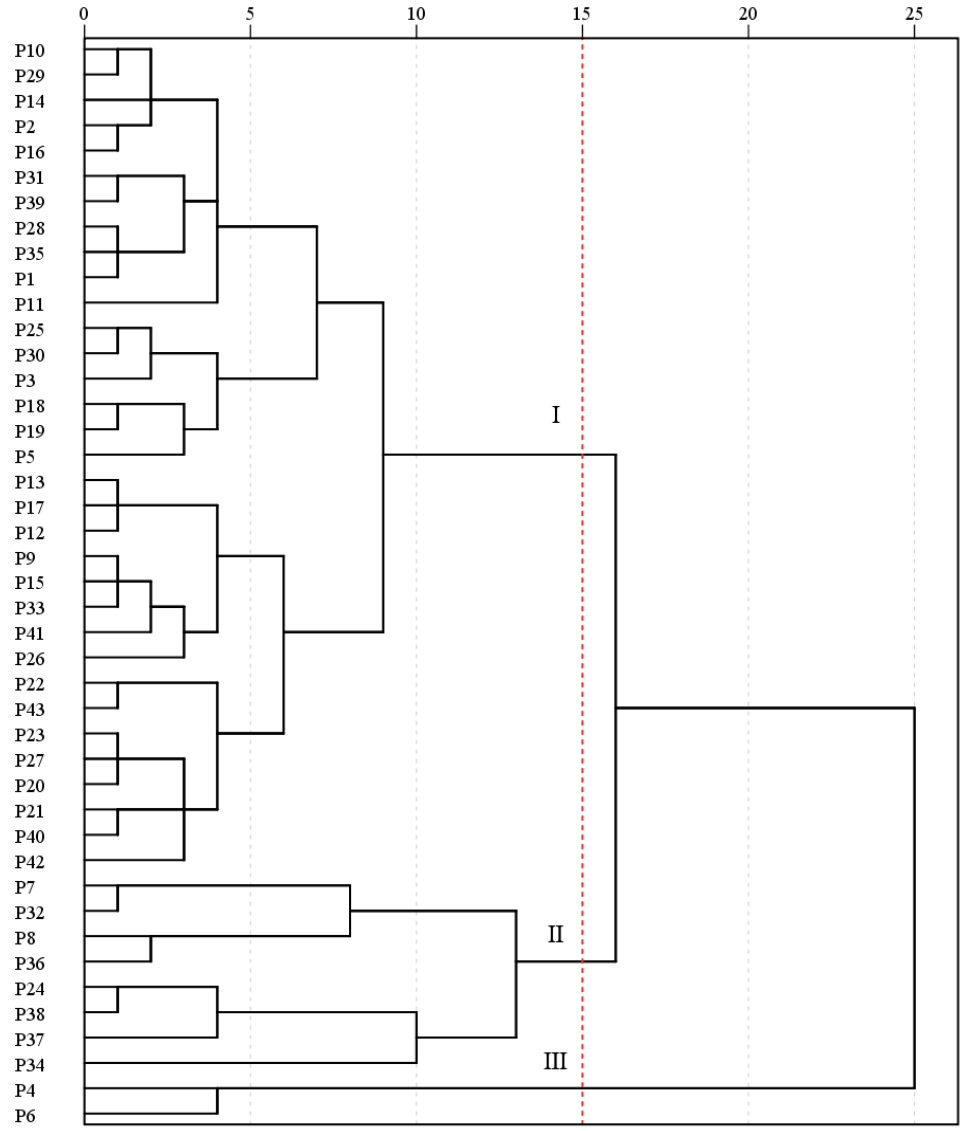
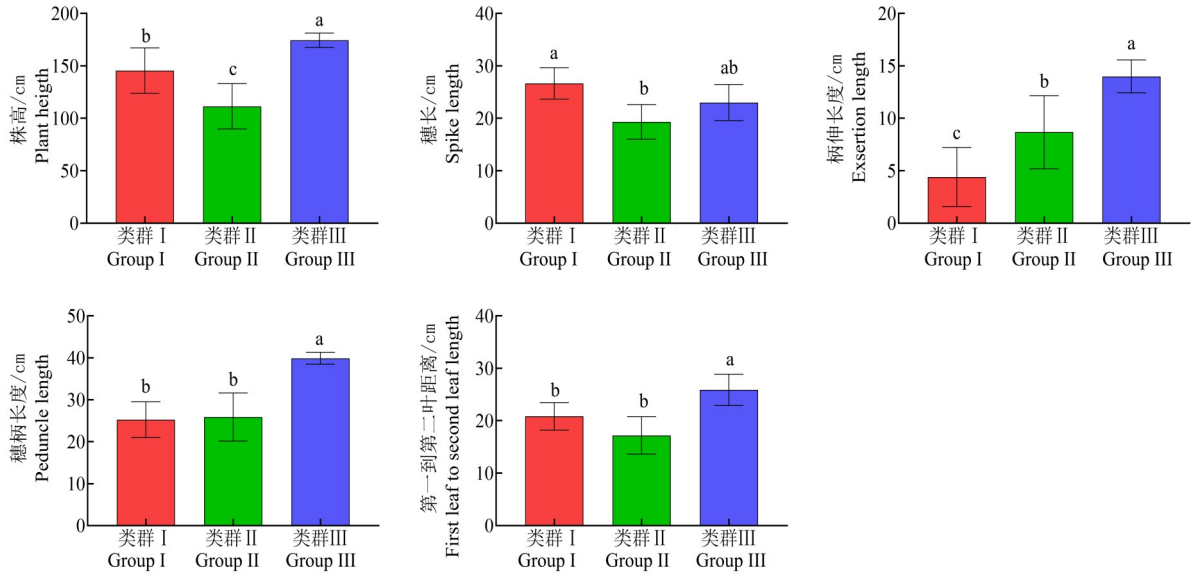


图3　聚类分析结果

Fig.3　Cluster analysis results

系的株高关键位点进行基因分型,*DW1*关键位点序列比对结果如图5,*DW2*关键位点序列比对结果如图6所示。经整理得到43个恢复系的*DW1*和*DW2*基因型结果如表2所示。43个恢复系中有14个恢复系在*DW1*位点的基因型为*dw1dw1*,分别为P8、P9、P11、P14、P15、P16、P18、P19、P24、P26、P31、P32、P35和P38,其余29个恢复系为*DW1DW1*。在*DW2*位点处,共有12个恢复系的基因型为*dw2dw2*,分别是P8、P16、P22、P27、P31、P32、P34、P35、P36、P37、P38和P41,其余31个品系的基因型均为*DW2DW2*。综合考虑2个位点,共有6个恢复系的基因型为*dw1dw1dw2dw2*,分别为P8、P16、P31、P32、P35和P38;基因型为*DW1DW1dw2dw2*的恢复系同样有6个,分别为P22、P27、P34、P36、P37和P41;基因型为*dw1dw1DW2DW2*的恢复系共有8个,分别为P9、P11、P14、P15、P18、P19、P24和P26,其余23个恢复系的基因型为*DW1DW1DW2DW2*。

为探究不同基因型对高粱株高的影响,首先根据*DW1*基因型将43个恢复系分为2类(*DW1DW1*和*dw1dw1*),对比2类恢复系的株高、穗长、柄伸长度、穗柄长度和旗叶到第二叶距离(图7)。结果表明只有株高间存在显著性差异,*DW1DW1*类恢复系的株高平均值为145.89 cm,显



小写字母表示在0.05水平下差异显著

Different lowercase letters indicate significance at the 0.05 level

图4 3个类群的株高相关性状分析

Fig. 4 Analysis of plant height related traits in three groups

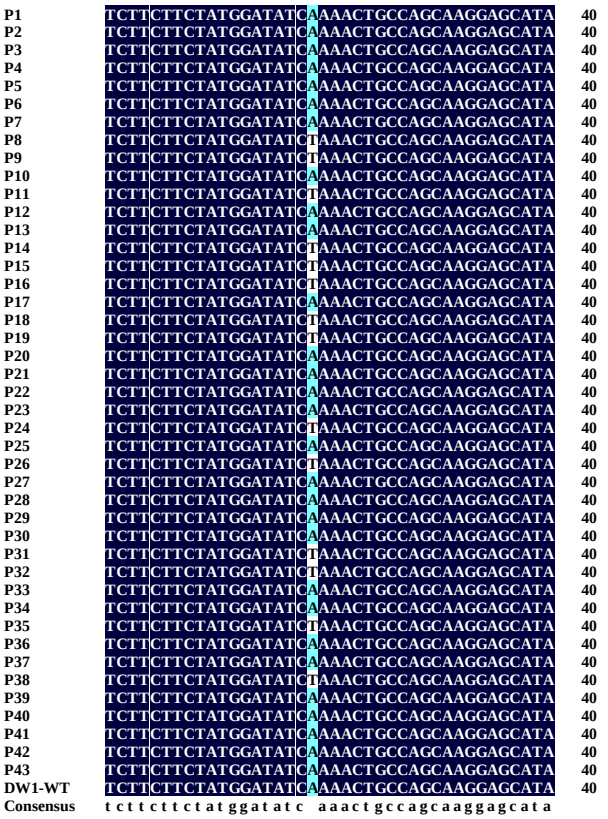


图5 不同恢复系*DW1*功能位点序列比对

Fig.5 Sequence comparison of *DW1* functional sites in different restoration lines

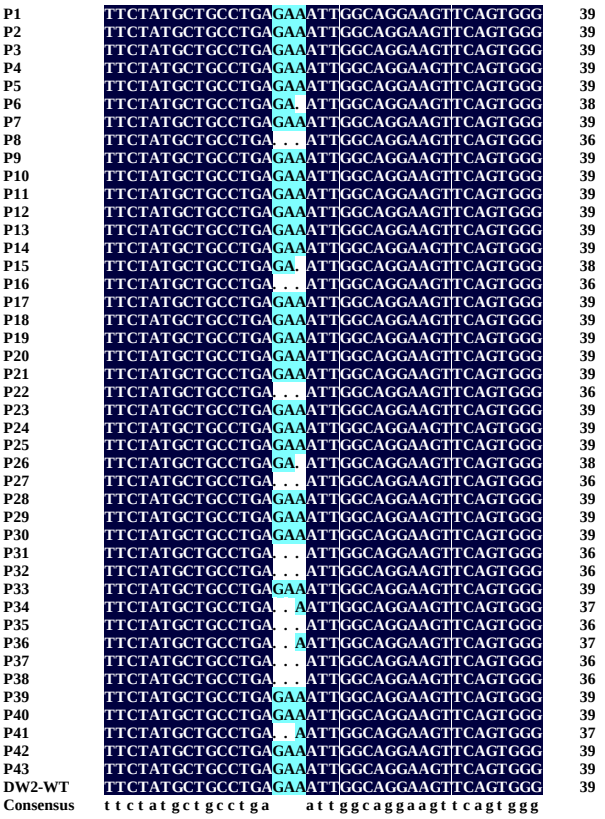


图6 不同恢复系*DW2*功能位点序列比对

Fig. 6 Sequence comparison of *DW2* functional sites in different restoration lines

表2　43个恢复系株高基因分型情况

Table 2　Genotyping of plant height in 43 restoration lines

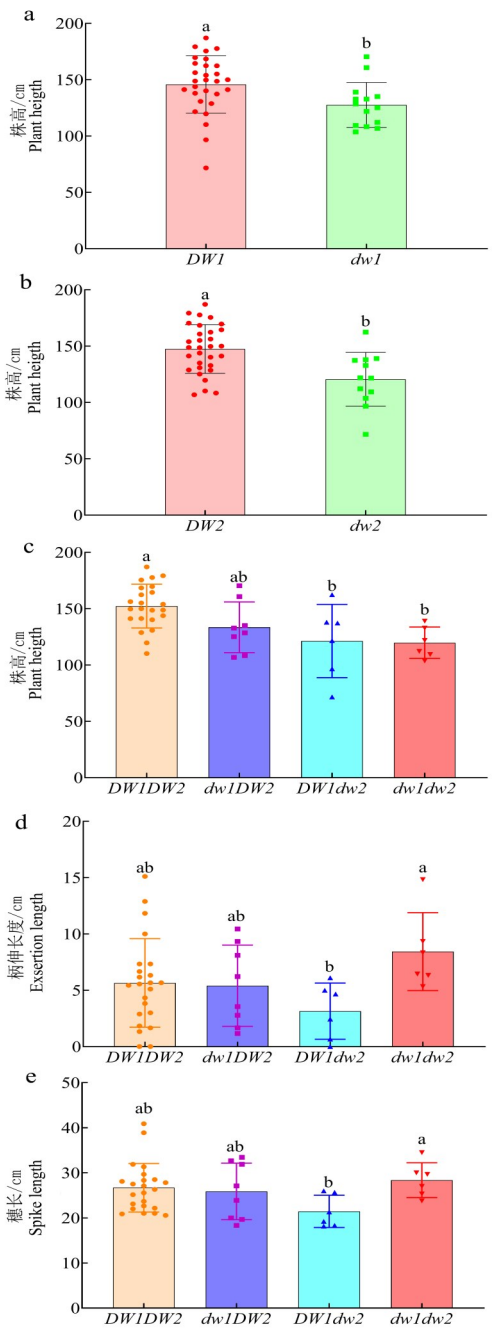
恢复系 Restoration lines	基因型 Genetype	恢复系 Restoration lines	基因型 Genetype
P1	*DW1DW1DW2DW2*	P23	*DW1DW1DW2DW2*
P2	*DW1DW1DW2DW2*	P24	*dw1dw1DW2DW2*
P3	*DW1DW1DW2DW2*	P25	*DW1DW1DW2DW2*
P4	*DW1DW1DW2DW2*	P26	*dw1dw1DW2DW2*
P5	*DW1DW1DW2DW2*	P27	*DW1DW1dw2dw2*
P6	*DW1DW1DW2DW2*	P28	*DW1DW1DW2DW2*
P7	*DW1DW1DW2DW2*	P29	*DW1DW1DW2DW2*
P8	*dw1dw1dw2dw2*	P30	*DW1DW1DW2DW2*
P9	*dw1dw1DW2DW2*	P31	*dw1dw1dw2dw2*
P10	*DW1DW1DW2DW2*	P32	*dw1dw1dw2dw2*
P11	*dw1dw1DW2DW2*	P33	*DW1DW1DW2DW2*
P12	*DW1DW1DW2DW2*	P34	*DW1DW1dw2dw2*
P13	*DW1DW1DW2DW2*	P35	*dw1dw1dw2dw2*
P14	*dw1dw1DW2DW2*	P36	*DW1DW1dw2dw2*
P15	*dw1dw1DW2DW2*	P37	*DW1DW1dw2dw2*
P16	*dw1dw1dw2dw2*	P38	*dw1dw1dw2dw2*
P17	*DW1DW1DW2DW2*	P39	*DW1DW1DW2DW2*
P18	*dw1dw1DW2DW2*	P40	*DW1DW1DW2DW2*
P19	*dw1dw1DW2DW2*	P41	*DW1DW1dw2dw2*
P20	*DW1DW1DW2DW2*	P42	*DW1DW1DW2DW2*
P21	*DW1DW1DW2DW2*	P43	*DW1DW1DW2DW2*
P22	*DW1DW1dw2dw2*		

著大于*dw1dw1*类的株高平均值127.63 cm(t=2.563, P=0.015)。根据*DW2*基因型分类的2类恢复系中,同样仅有株高存在显著性差异,*DW2DW2*类恢复系的株高平均值为147.45 cm,显著大于*dw1dw1*类的株高平均值120.55 cm(t=3.561, P=0.001)。综合考虑2个基因位点,对比4类恢复系的株高相关性状,可以发现株高、柄伸长度和穗柄长度3个性状存在显著性差异,株高方面*DW1DW1DW2DW2*类恢复系(152.31 cm)显著大于*DW1DW1dw2dw2*(121.30 cm)和*dw1dw1dw2dw2*类恢复系(119.81 cm),与*dw1dw1DW2DW2*类恢复系(133.49 cm)的株高没有显著性差异,但是*DW1DW1DW2DW2*类和*dw1dw1DW2DW2*类,*dw1dw1DW2DW2*类、*DW1DW1dw2dw2*和*dw1dw1dw2dw2*类这3类恢复系之间株高均没有显著性差异。在柄伸长度和穗柄长度方面*dw1dw1dw2dw2*类的柄伸长度和穗柄长度均显著大于*DW1DW1dw2dw2*类恢复系,但是与*DW1DW1DW2DW2*类和*dw1dw1DW2DW2*类恢复系之间没有显著差异,此外*DW1DW1DW2DW2*类、*dw1dw1DW2DW2*类和*DW1DW1dw2dw2*类这3类恢复系之间也没有显著性差异。

3　讨论

本研究结果显示,株高、穗长、柄伸长度等性状均表现出不同程度的遗传多样性,其中柄伸长度的变异系数最高,表明该性状在群体中具有高度异质性,可能受到多基因或环境因素的显著调控。相比之下,株高和穗长的变异幅度相对较小,提示其遗传稳定性较高,或受主效基因的显著影响。在性状相关性方面,株高与旗叶到第二叶距离、穗柄长度呈显著正相关,可能与高粱植株整体结构的协调发育有关。穗柄长度与柄伸长度之间存在极显著正相关,且两者均与穗长呈负相关,暗示植株在资源分配上可能存在权衡,柄部的过度伸长可能限制穗部的发育,这一现象可能与"源-库"竞争或激素调控通路的差异表达有关[23]。

通过聚类分析将43个高粱恢复系划分为3个类群,揭示了不同类群在株高相关性状上的显著



a:*DW1DW1*和*dw1dw1*类型株高比较;b:*DW2DW2*和*dw2dw2*类型株高比较;c、d和e分别为*DW1DW1DW2DW2*、*dw1dw1DW2DW2*、*DW1DW1dw2dw2*和*dw1dw1dw2dw2*这4种类型恢复系的株高、柄伸长度和穗柄长度的比较。小写字母代表0.05水平下差异显著

a: Comparison of plant height between types *DW1DW1* and *dw1dw1*; b: Comparison of plant height between types *DW2DW2* and *dw2dw*; c, d, and e are comparisons of plant height, exsertion length, and peduncle length of the four types of restoration lines, *DW1DW1DW2DW*, *dw1dw1DW2DW2*、*DW1DW1dw2dw2* and *dw1dw1dw2dw*, respectively. Different lowercase letters represent significant at 0.05 level

图7 不同基因型恢复系间株高性状比较

Fig.7 Comparison of plant height traits among restoration lines of different genotypes

差异及其育种潜力。结合表型特征与基因型-性状关联规律,类群的划分可能反映了不同遗传背景对株型调控的综合作用[4]。类群Ⅰ作为主要类群,其株型性状表现均衡,可能与其携带显性等位基因比例较高有关,使其成为理想的基础育种材料,尤其适合与柄伸较长的不育系杂交,以平衡后代株型结构[24]。类群Ⅱ的穗长与类群Ⅰ的显著差异提示其它基因的潜在调控作用,该类群可通过与株高中等的不育系组配,利用杂种优势补偿株高缺陷,同时保留穗部及柄部性状优势[25]。类群Ⅲ表现出极端表型特征,尽管其柄部过长可能增加倒伏风险,但超高株高特性可为生物量提升育种提供独特资源。类群间的差异进一步印证了植株发育中的"资源权衡"现象,反映了光合产物向茎秆和柄部的优先分配,而穗部发育相对受限[26]。

*DW1*基因显著影响株高,但对穗长、柄伸长度等其它性状无显著影响。显性等位基因(*DW1*)可能促进株高增长,而隐性纯合(*dw1dw1*)可能导致株高降低。*DW2*基因,同样仅显著影响株高,显性等位基因(*DW2*)对株高的提升相比于*DW1*作用可能更显著[15]。综合考虑2个位点,株高方面,*DW1DW1DW2DW2*最高,显著高于*DW1DW1dw2dw2*和*dw1dw1dw2dw*,但与*dw1dw1DW2DW2*差异不显著,说明*DW2*显性时,即使*DW1*隐性也可能部分提升株高[11]。而且*DW1*和*DW2*可能存在协同作用,但*DW2*对株高的贡献可能更关键。双隐性的柄伸和穗柄长度显著大于*DW1DW1dw2dw2*类,表明隐性等位基因可能促进柄伸和穗柄的伸长,而如果其中一个基因是显性,可能抑制这种效应[14]。

结合前文相关性分析结果,*DW1*和*DW2*显性等位基因对株高的显著促进作用,可能通过调控茎秆细胞伸长或分裂实现;而隐性纯合基因型中柄伸长度和穗柄长度的显著增加,则可能反映了隐性等位基因对营养器官生长的特异性调控。这种"显性促进株高、隐性促进柄长"的双向作用模式,提示不同基因型可能通过独立通路影响不同性状,而性状间的负相关性(如柄伸长度与穗长)则进一步体现了植株发育的"此消彼长"策略[27]。

4 结论

本研究表明,株高与旗叶间距、穗柄长度呈显

著正相关,而柄伸长度与穗长负相关。类群Ⅰ株高适中、性状均衡,是理想育种材料;类群Ⅱ株高偏低但柄部性状合理,需通过杂交改良株高;类群Ⅲ具极端高秆和长柄特征,为生物量育种提供独特资源。*DW1*和*DW2*基因的显性等位基因独立或协同显著促进株高,其中双显性基因型株高最高,而隐性纯合则显著增加柄伸长度和穗柄长度。

参 考 文 献

[1]邹剑秋. 基于1961—2020年FAO数据的世界高粱产业分析[J]. 山西农业大学学报(自然科学版),2023,43(1):1-10.
Zou J Q. World sorghum industry analysis based on 1961-2020 FAO data [J]. Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition),2023,43(1):1-10.

[2]李顺国,刘猛,刘斐,等. 中国高粱产业和种业发展现状与未来展望[J]. 中国农业科学,2021,54(3):471-482.
Li S G, Liu M, Liu F, et al. Current status and future prospective of sorghum production and seed industry in China [J]. Scientia Agricultura Sinica,2021,54(3):471-482.

[3]邹剑秋. 高粱育种与栽培技术研究新进展[J]. 中国农业科学,2020,53(14):2769-2773.
Zou J Q. New research progress on sorghum breeding and cultivation techniques[J]. Scientia Agricultura Sinica,2020,53(14):2769-2773.

[4]朱振兴,张丽霞,李金红,等.高粱生物育种进展与展望[J].中国基础科学, 2022, 24(4): 42-52.
Zhu Z X, Zhang L X, Li J H, et al. Progress and prospect of bio-breeding of sorghum [J]. China Basic Science, 2022, 24(4): 42-52.

[5]高士杰,刘晓辉,李继洪. 高粱高产育种应重视株型和穗结构性状的改良[J]. 种子,2007,26(3):83-84.
Gao S J, Liu X H, Li J H. Paying much attention to the improvement of plant type and spike structure in high-yielding breeding of sorghum[J]. Seed,2007,26(3):83-84.

[6]孙守钧,张云华,曹秀云,等. 高粱理想株型研究Ⅱ不同株型结构冠层光分布与产量[J]. 西北农业大学学报,2000,28(4):80-84.
Sun S J,Zhang Y H,Cao X Y,et al. Studies on ideal plant type of sorghum Ⅱ canopy light distribution and grain yield in different plant types[J]. The Journal of Northwest Agricultural University,2000,28(4):80-84.

[7]赵欣蕊,任根增,韩永亮,等. 高粱株型表型性状精准鉴定及综合评价[J]. 植物遗传资源学报,2022,23(6):1644-1659.
Zhao X R,Ren G Z,Han Y L,et al. Accurate identification and comprehensive evaluation of plant architecture related traits in *Sorghum*[J]. Journal of Plant Genetic Resources,2022,23(6):1644-1659.

[8]张旷野,王佳旭,柯福来,等.高粱F_2群体株型性状的主成分分析和综合评价[J].辽宁农业科学, 2023(2): 1-6.
Zhang K Y, Wang J X, Ke F L, et al. Principal component analysis and comprehensive evaluation of plant type traits in sorghum F_2 population[J]. Liaoning Agricultural Sciences, 2023(2): 1-6.

[9]李延玲,白晓倩,于澎湃,等. 高粱株型性状数量遗传分析[J]. 华北农学报,2018,33(1):143-149.
Li Y L,Bai X Q,Yu P P,et al. Quantitative genetic analysis of *Sorghum* plant type characters[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica,2018,33(1):143-149.

[10]Hilley J, Truong S, Olson S, et al. Identification of Dw1, a regulator of *Sorghum* stem internode length[J]. PLoS One, 2016,11(3):e0151271.

[11]Yamaguchi M, Fujimoto H, Hirano K, et al. Sorghum *Dw1*, an agronomically important gene for lodging resistance, encodes a novel protein involved in cell proliferation [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 28366.

[12]Hirano K, Kawamura M, Araki-Nakamura S, et al. Sorghum *DW1* positively regulates brassinosteroid signaling by inhibiting the nuclear localization of BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 2[J]. Scientific Reports,2017,7(1):126.

[13]Hilley J L, Weers B D, Truong S K, et al. Sorghum *Dw2* encodes a protein kinase regulator of stem internode length[J]. Scientific Reports,2017,7(1):4616.

[14]Multani D S, Briggs S P, Chamberlin M A, et al. Loss of an MDR transporter in compact stalks of maize Br2 and sorghum *dw3* mutants[J]. Science,2003,302(5642):81-84.

[15]Brown P J,Rooney W L,Franks C,et al. Efficient mapping of plant height quantitative trait loci in a sorghum association population with introgressed dwarfing genes [J]. Genetics, 2008,180(1):629-637.

[16]Singh A, Newton L, Schnable J C, et al. Unveiling shared genetic regulators of plant architectural and biomass yield traits in Sorghum Association Panel[J]. Journal of Experimental Botany,2025,76(6):1625-1643.

[17]Wei J L, Guo T T, Mu Q, et al. Genetic and environmental patterns underlying phenotypic plasticity in flowering time and plant height in sorghum[J]. Plant, Cell & Environment,2025, 48(4):2727-2738.

[18]Jiao S P,Mamidi S,Chamberlin M A,et al. Parallel tuning of semi-dwarfism *via* differential splicing of *Brachytic1* in commercial maize and smallholder sorghum [J]. New Phytologist,2023,240(5):1930-1943.

[19]Grant N P, Toy J J, Funnell-Harris D L, et al. Deleterious mutations predicted in the sorghum (*Sorghum bicolor*) Maturity (Ma) and Dwarf (Dw) genes from whole-genome resequencing[J]. Scientific Reports,2023,13(1):16638.

[20]邹剑秋,王艳秋,李金红,等. 优异高粱雄性不育系01-26A的组配降秆效应及其分子机理[J]. 中国农业科学,2020,53(14):2814-2827.
Zou J Q, Wang Y Q, Li J H, et al. Dwarfing effect and molecular mechanism of an elite sorghum male sterile line 01-26A in its hybrids[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2020, 53(14):2814-2827.

[21]段国旗,吕娜,石颖怡,等. 高粱株高相关基因*SbPH11*分子标记的开发和应用[J]. 植物遗传资源学报,2024,25(1):

111-119.
Duan G Q, Lü N, Shi Y Y, et al. Development and application of molecular markers of sorghum plant height related gene *SbPH11*[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2024, 25(1):111-119.

[22]刘晶,蒋建雄. 高粱的基因定位研究进展[J]. 湖南农业科学,2010(7):9-12.
Liu J, Jiang J X. Research advances of gene localization in sorghum[J]. Hunan Agricultural Sciences,2010(7):9-12.

[23]王艳秋,邹剑秋,张飞,等. 不同糯性高粱光合物质积累特点及源库关系分析[J]. 西南农业学报,2014,27(6):2300-2304.
Wang Y Q, Zou J Q, Zhang F, et al. Photosynthetic substances accumulation characteristics and source-repository relationship analysis of different waxy degree sorghum[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2014, 27(6):2300-2304.

[24]赵强,周棱波,汪灿,等.西南高粱产区生态特征与育种目标展望[J].南方农业, 2022, 16(3): 107-109.
Zhao Q, Zhou L B, Wang C, et al. The Ecological characteristics and breeding target of the southwestern sorghum producing area[J]. South China Agriculture, 2022, 16(3): 107-109.

[25]陆劲羽,赵雨潼,徐伦,等.高粱产量的影响因素及育种技术的探讨[J].新农业, 2021(9): 86-87.
Lu J Y, Zhao Y T, Xu L, et al. Research on the influencing factors of sorghum yield and breeding technology[J]. Xin Nongye, 2021(9): 86-87.

[26]王瑞,平俊爱,张福耀,等.高粱育种资源耐瘠性鉴定及评价[J].作物杂志, 2020(6): 30-37.
Wang R, Ping J A, Zhang F Y, et al. Identification and evaluation of sorghum breeding resources for barren tolerance[J]. Crops,2020(6):30-37.

[27]张福耀,平俊爱,赵威军.中国酿造高粱品质遗传改良研究进展[J].农学学报, 2019, 9(3): 21-25.
Zhang F Y, Ping J A, Zhao W J. Genetic quality improvement of brewing sorghum in China: research progress[J]. Journal of Agriculture, 2019, 9(3): 21-25.

(编辑:吕俊俐)