

苦荞粒形相关性状的遗传分析

李春花^{1,2} 黄金亮³ 尹桂芳¹ 王艳青¹ 卢文洁¹ 孙道旺¹
王春龙² 郭来春² 洪波⁴ 任长忠² 王莉花¹

(¹ 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所/云南省农业生物技术重点实验室/农业农村部西南作物基因资源与种质创制重点实验室, 650205, 云南昆明; ² 吉林省白城市农业科学院, 137000, 吉林白城;
³ 吉林省敦化市马铃薯开发繁育中心, 133700, 吉林敦化; ⁴ 会泽县宝云街道农业技术推广站, 654200, 云南会泽)

摘要 利用籽粒大小差异较大的2个苦荞品种的杂交后代开展了与产量具有密切关系的粒形相关性状的遗传规律及其性状间的相关性分析。结果表明, F₂和F₃群体的粒长、粒宽、长宽比和千粒重表现值范围都超过亲本的表现值, 并且粒长、粒宽和长宽比的变异系数均小于10%, 千粒重的变异系数大于10%。另外, 粒长、粒宽、长宽比和千粒重的加性方差均大于显性方差, 广义遗传率在F₂和F₃代中分别为0.77~0.82和0.82~0.85, 固定遗传率都达到0.80以上。粒形性状间的相关性分析结果表明, 粒长、粒宽和千粒重相互间都存在极显著的正相关, 粒宽和千粒重, 粒长和长宽比的遗传相关系数较大。以上结果表明, 具有较高遗传率的粒形相关性状可以在后代早期进行选择, 但由于这些性状是数量性状而且受多个基因的控制, 因此建议继续繁殖后代到基因型稳定, 同时考虑性状间的相关性选拔最为有效。

关键词 苦荞; 粒形; 遗传规律; 遗传相关; 表现型相关

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



苦荞(*Fagopyrum tataricum* Gaertn)属于蓼科(Polygonaceae)荞麦属(*Fagopyrum* Mill)植物^[1], 籽粒营养丰富且全面, 蛋白质、脂肪和维生素普遍高于大米、小麦和玉米^[2-3]。苦荞籽粒还含有其他粮食作物没有的、稀缺的特殊营养素和药用成分(如芦丁、V_C、苦味素、叶绿素和Se等), 这些成分不仅可提高人体内必需元素的含量, 还可起到辅助治疗心脑血管疾病、高血压、糖尿病、癌症及清热解毒消炎等作用^[2-5]。随着苦荞的保健功能和药用价值逐渐被人们认可, 苦荞的市场需求也越来越大。

粒形包括粒长、粒宽和粒厚等性状, 是农作物重要的经济性性状指标, 与产量和品质关系密切。这些粒形性状直接决定粒重, 进而影响其产量^[6]。有报道指出, 粒长和粒宽等粒形相关性状影响果壳率的相关性状^[7-9]。张颖慧等^[10]认为, 水稻籽粒的粒长与粒宽、粒厚呈负相关, 粒宽与粒厚呈正相

关。Tan等^[11]提出了水稻籽粒性状是由粒长、粒宽和粒厚度组成, 并与粒重呈正相关。杜欢等^[12]研究表明, 大麦粒重与粒长和粒宽均呈极显著正相关。另外, 鉴于水稻籽粒大小和粒重在产量形成中的重要作用, 其遗传机制和调控机理方面的研究一直备受关注, 且多数研究推断水稻粒形性状属于多基因控制的数量性状^[13-14]。大多数主要农艺性状是受多个基因控制的数量性状, 容易受环境影响, 因此仅以表现型很难判断遗传基因型^[15]。遗传率是以表型值来测定其遗传基因型值, 在决定选拔方法和育种方式上起重要的作用^[15]。狭义遗传率高的性状可以在早期世代进行单株选拔, 而狭义遗传率低的性状可以在后期世代以系统选择较为有效^[16]。

在培育高产品种过程中, 研究苦荞农艺性状的遗传规律及寻找这些性状的分子标记和相关基因, 可加快性状选择和纯化进度, 提高育种效率具有重要意义。因此, 本研究利用籽粒大小有差异的2个

作者简介: 李春花, 主要从事荞麦遗传育种、栽培及杂草防控研究, E-mail: lichunhua2007@hotmail.com

王莉花为通信作者, 主要从事荞麦新品种选育和病虫害防控研究, E-mail: wanglihua70@hotmail.com; 任长忠为共同通信作者, 主要从事燕麦荞麦遗传育种、栽培及综合利用研究, E-mail: renchangzhong@163.com

基金项目: 国家自然科学基金(31860412、31460379); 国家燕麦荞麦产业技术体系-荞麦病虫害防控岗位(CARS-07-C-2)

收稿日期: 2019-11-06; 修回日期: 2019-12-20; 网络出版日期: 2020-05-09

苦荞品种的杂交后代开展了与产量具有密切关系的粒形相关性状的遗传规律及其相关性状间的表现相关性和遗传相关性的分析,以期进一步了解苦荞粒形的遗传机制,为苦荞新品种培育提供参考。

1 材料和方法

1.1 试验材料

试验母本材料云荞 1 号 (P_1) 是云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所由曲靖市地方苦荞资源经 $^{60}\text{Co}-\gamma$ 辐射诱变,再经系统选育而成的品种。该品种生育期短,适应范围广,千粒重 22.4g 左右^[17];父本材料米荞 (P_2) 是云南怒水的地方品种,该品种生育期长,适应范围窄,千粒重 16.4g^[18]。

1.2 试验方法

试验在云南省昆明安宁市县街镇甸心村的荞麦试验基地进行,该地海拔 1 887m, $24^{\circ}45'N$, $102^{\circ}25'E$ 。2013 年 9 月对亲本材料 P_1 (大粒) 和 P_2 (小粒) 分别进行盆栽试验,每盆种 3 粒种子,出苗后留 1 株,开花初期开始进行杂交。杂交是在头戴式放大镜下用镊子对开花前未授粉的母本花蕾进行去雄操作,同时取父本花药已开裂的花朵,将花药花粉涂抹于已去雄的母本雌蕊柱头上进行授粉,再套袋。通过对 F_1 代植株利用亲本间表现出有差异的 SSR 分子标记 (BM27: F-TAATAGTTTGGGTTGCGGAATG, R-AACCCACAAATCCTTTCTACTTC) 判断杂交成功与否。母本云荞 1 号没有条带,父本米荞有条带,其 F_1 代有条带 (图 1)。2014 年 3 月将 F_1 代杂交种子自交获得了 232 粒种子,同年 7 月将收获的亲本各 50 粒和 F_2 群体 232 粒进行田间点播,株间距为 10cm。2015 年 7 月由 232 个株系组成的 F_3 群体中,每株系取出 50 粒和亲本各取出 50 粒,株间距为 10cm 进行点播种植。小区长 2.5m, 2 行/区,行距 40cm,小区面积为 2m^2 。

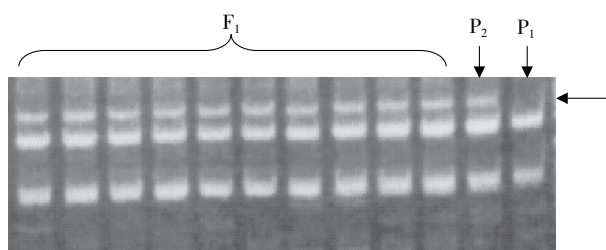


图 1 杂交种的判定
Fig.1 Determination of hybrids

1.3 测定项目

2014 年调查各亲本 10 个单株和 F_2 群体 232 个单株。2015 年调查亲本及 F_3 群体 232 个株系各 10 个单株。2 年都是待 70%~80% 籽粒成熟时收获并晒干,每个单株中选取 200 粒饱满的籽粒称重,再折换成千粒重。每个单株粒数中随机选取 10 粒饱满的种子,用电子游标卡尺 (精确到 0.01mm) 测定粒长和粒宽,以测量的平均值作为该性状表现值。

1.4 数据分析

1.4.1 亲本及 F_2 、 F_3 群体农艺性状表现值分析 数据采用 Microsoft Excel 2007 和 JMP 9.0.2 统计分析软件进行分析。

1.4.2 各农艺性状的遗传规律测定 利用各农艺性状的后代间方差测定遗传规律和遗传率^[16]。 F_2 和 F_3 群体的方差可以分解成加性效应和显性效应。

F_2 群体的单株间方差: $V_p(F_2)=1/2A+1/4D+E_1$

F_3 群体的单株间方差: $V_p(F_3)=3/4A+3/16D+E_1$

A 、 D 、 E_1 分别为加性方差、显性方差和环境方差。 E_1 的计算公式如下^[19]。

$$E_1=(S_1+S_2)/(n_1+n_2-2)$$

S_1 和 S_2 分别表示云荞 1 号和米荞性状表现值的平方和, n_1 和 n_2 分别表示亲本的单株数。从上面的方程式中算出 A 和 D , 并利用 A 和 D 推算广义遗传率和狭义遗传率。 F_2 和 F_3 后代各性状的广义遗传率 ($h_b^2[F_t]$) 和狭义遗传率 ($h_N^2[F_t]$) 计算公式^[16] 如下 (t 表示世代)。

$$h_b^2[F_t]=\frac{[1-(1/2)^{t-1}]A+(1/2)^{t-1}[1-(1/2)^{t-1}]D}{[1-(1/2)^{t-1}]A+(1/2)^{t-1}[1-(1/2)^{t-1}]D+E_1}$$

$$h_N^2[F_t]=\frac{[1-(1/2)^{t-1}]A}{[1-(1/2)^{t-1}]A+(1/2)^{t-1}[1-(1/2)^{t-1}]D+E_1}$$

另外,利用公式 $h_{true}^2=\frac{A}{A+E}$ 来计算固定遗传率 (h_{true}^2)^[16]。

1.4.3 性状间的表型及遗传相关系数的测定 用 F_3 群体的农艺性状表现值进行皮尔逊的积差相关分析,将性状 A 和 B 的表现型值设为 Y_A , Y_B , 利用以下公式计算表现型相关系数 γ_P 。

$$\gamma_P=\frac{\text{Cov}(Y_A, Y_B)}{\sqrt{\text{Var}(Y_A) \times \text{Var}(Y_B)}}$$

另外,把各亲本的单株间方差·共方差的平均分别称为环境方差·共方差,根据以下计算式来算出遗传相关系数^[16]。

$$\gamma_G = \frac{\text{Cov}(Y_A, Y_B) - \text{Cov}(e_A, e_B)}{\sqrt{(\text{Var}(Y_A) - \text{Var}(e_A)) \times (\text{Var}(Y_B) - \text{Var}(e_B))}}$$

e_A 和 e_B 分别是性状 A 和 B 的环境效应, $\text{Var}(Y_A)$ 、 $\text{Var}(Y_B)$ 和 $\text{Cov}(Y_A, Y_B)$ 分别是在 F_2 群体的性状 A 及 B 的单株间方差, A, B 之间的单株间共方差。

$\text{Var}(e_A)$ =(云荞 1 号性状 A 的单株间方差 + 米荞性状 A 的单株间方差)/2, $\text{Var}(e_B)$ =(云荞 1 号性状 B 的单株间方差 + 米荞性状 B 的单株间方差)/2, $\text{Cov}(e_A, e_B)$ =(云荞 1 号性状 A 和 B 之间的单株间共方差 + 米荞性状 A 和 B 之间的单株间共方差)/2。用 t 检验来判断表现型相关系数的显著性。

2 结果与分析

2.1 亲本及 F_2 和 F_3 群体各农艺性状的表现值

由表 1 可见, 粒长、粒宽、长宽比和千粒重的 F_2 群体和 F_3 群体表现值范围均超过父母本的表现值, 并且在 2015 年种植的 F_3 群体及亲本粒长、粒宽和千粒重表现值的平均值均大于 2014 年种植的 F_2 群体和亲本的表现值, 而长宽比是 2014 年的表现值大于 2015 年的表现值。从 F_2 群体和 F_3 群体的各农艺性状的变异系数来看, 2014 年和 2015 年粒长 (5.64%、6.62%)、粒宽 (5.03%、8.19%) 和长宽比 (7.01%、7.33%) 的变异系数均小于 10%, 表

表 1 亲本及 F_2 和 F_3 群体各农艺性状的表现值
Table 1 Isolation ratio of F_2 and F_3 population and phenotypic values of agronomic traits

性状 Trait	2014					2015				
	F_2 群体 F_2 population			亲本 Parent		F_3 群体 F_3 population			亲本 Parent	
	变异范围 Range of variation	平均值 Average value	变异系数 Coefficient of variation (%)	母本 Female parent	父本 Male parent	变异范围 Range of variation	平均值 Average value	变异系数 Coefficient of variation (%)	母本 Female parent	父本 Male parent
粒长 Grain length (mm)	3.03~5.42	4.55	5.64	4.33	3.87	3.85~5.70	4.86	6.62	4.39	4.31
粒宽 Grain width (mm)	2.13~3.35	3.02	5.03	3.22	2.40	2.50~3.75	3.16	8.19	3.33	2.89
长宽比 Length-width ratio	1.32~1.96	1.64	7.01	1.36	1.60	1.12~1.77	1.44	7.33	1.33	1.54
千粒重 1000-kernel weight (g)	7.50~18.08	14.70	10.25	17.62	10.49	11.13~23.19	17.91	14.26	19.61	12.70

明后代群体个体间差异不大; 千粒重的变异系数分别为 10.25% 和 14.26%, 大于 10%, 表明后代群体个体间差异较大。

2.2 各农艺性状的遗传规律分析

从表 2 可知, 粒长、粒宽、长宽比和千粒重的加性方差大于显性方差, 平均显性度小于 1。 F_2 群体粒长、粒宽、长宽比和千粒重的广义遗传率为

0.77~0.82, F_3 群体为 0.82~0.85, 差异均不大, F_3 群体广义遗传率均大于 0.80。 F_2 群体粒长、粒宽、长宽比和千粒重的狭义遗传率为 0.66~0.73, F_3 群体为 0.72~0.77, 差异也均不大, F_3 群体中狭义遗传率均大于 0.70。另外, 粒长、粒宽、长宽比和千粒重的固定遗传率分别为 0.87、0.86、0.80 和 0.84, 均大于 0.80。

表 2 各农艺性状的遗传规律分析表
Table 2 Genetic parameters of agronomic traits

性状 Trait	加性方差 Additive variance (A)	显性方差 Dominance variance (D)	平均显性度 Average degree of dominance ($\sqrt{D/A}$)	广义遗传率 Broad sense heritability		狭义遗传率 Narrow sense heritability		固定遗传率 True sense heritability
				F_2	F_3	F_2	F_3	
粒长 Grain length	11.12	6.07	0.74	0.81	0.85	0.71	0.75	0.87
粒宽 Grain width	22.96	19.90	0.93	0.82	0.85	0.66	0.72	0.86
长宽比 Length-width ratio	4.07	1.51	0.61	0.78	0.83	0.68	0.75	0.80
千粒重 1000-kernel weight	24.95	11.79	0.69	0.77	0.82	0.73	0.77	0.84

2.3 各农艺性状间的表现型相关及遗传相关

由表 3 可知, 在 4 个农艺性状间的表现型相关系数来看, 千粒重与粒长和粒宽在 1% 水平有显著的正相关, 与长宽比在 5% 水平有显著的负相关; 粒长与粒宽在 1% 水平有显著的正相关, 与长宽比

在 5% 水平有显著的正相关; 粒宽与长宽比在 1% 水平有显著的负相关。在 4 个农艺性状间的遗传相关系数来看, 千粒重与粒长和粒宽、粒长与粒宽和长宽比有正相关, 并且千粒重与粒宽的相关系数大于 0.80, 表明这 2 个性状间有很大的遗传正相关;

千粒重与长宽比、粒宽和长宽比有负相关，并且千粒重和长宽比的相关系数小于 0.20，表明这 2 个性状间有较小的遗传负相关。

表 3 各农艺性状间的表现型相关及遗传相关
Table 3 Phenotypic and genetic correlation between agronomic traits

性状 Trait	千粒重 1000-kernel weight	粒长 Grain length	粒宽 Grain width	长宽比 Length-width ratio
千粒重 1000-kernel weight		0.52	0.88	-0.18
粒长 Grain length	0.42**		0.46	0.71
粒宽 Grain width	0.53**	0.55**		-0.31
长宽比 Length-width ratio	-0.23*	0.25*	-0.66**	

注：“**”表示在 1% 水平极显著相关，“*”表示在 5% 水平显著相关
Note: “**” means extremely significant correlation at 1% level; “*” means significant correlation at 5% level

3 讨论

粒形是在农作物中重要的经济性状，也是育种者们所关注的重要指标之一。虽然粒形性状的 QTL 定位等信息在育种工作中很重要，但不同研究定位出的位点以及各位点对其性状的贡献率也存在较大的差异，因此，在实际育种工作中很难实现目标性状的选育。本研究用高产较大粒品种云荞 1 号和小粒品种米荞为亲本，对其杂交后代 F₂ 和 F₃ 群体进行了粒形相关性状的遗传分析。结果表明，粒长、粒宽、长宽比和千粒重的加性效应大于显性效应，且较高的广义遗传率。这与符福鸿等^[20]、卢瑶等^[21]和石春海等^[22]的水稻粒长、粒宽和长宽比等性状都是由加性基因效应为主导作用，粒宽和粒长都有很高的广义遗传率的研究结果相符。并且与崔娅松等^[9]利用苦荞杂交后代 F₂ 和 F₃ 为材料分析得到的结果几乎一致，表明粒形相关性状的广义遗传率不管是不同作物以及不同计算方法都较稳定。本研究结果还表明，粒长、粒宽、长宽比和千粒重的广义遗传率、狭义遗传率和固有遗传率与利用同样分析方法在苦荞上测定的 Li 等^[23-24]的开花日数、株高、株粒数、株粒重和籽壳厚度相比较，表明在苦荞各农艺性状中粒形相关性状的基因型比其他农艺性状较稳定，不易受环境影响。另外，在本研究中粒形相关性状的狭义遗传率由 F₂ 群体到 F₃ 群体，到固定遗传率逐渐变大，因此，继续繁殖，提高遗传率在之后的世代中进行选拔更有效。

粒长、粒宽等粒形性状是通常用粒重来衡量，很多研究表明千粒重与粒长、粒宽和粒厚等粒形性

状有密切的关系。石春海等^[25]研究表明，粒长与千粒重间呈显著的正相关；赵锦龙等^[26]研究表明，粒长、粒宽和千粒重的相互间都存在极显著的正相关。本研究通过对 F₃ 群体粒形性状间的表现型相关分析发现，粒长、粒宽和千粒重的相互间同样也都存在极显著的正相关；粒宽和长宽比存在极显著的负相关。从遗传相关性分析结果来看，粒宽和千粒重间以及粒长和长宽比间的相关系数较大。以上结果表明，粒长、粒宽和千粒重不能单独对某个性状进行选拔，并且要增加千粒重需要增加粒长和粒宽。

因此，在苦荞高产品种选育时，杂交后代利用单粒传法繁殖到 F₄ 代^[27-28]，之后再对狭义遗传率较高，且不易受环境影响的粒形相关性状进行单株选拔。由于粒形相关性状是数量性状，受多个基因的控制，所以建议继续繁殖后代固定基因型后选择更有效。

4 结论

粒长、粒宽、长宽比和千粒重的加性方差均大于显性方差，固定遗传率都在 0.80 以上。粒形性状间的关系来看，粒长、粒宽和千粒重相互间都存在极显著的表现型正相关，粒宽和千粒重，粒长和长宽比的遗传相关系数较大。所以具有较高遗传率的粒形相关性状可以在后代早期进行选择，但选拔时需要考虑性状间的相关性。

参考文献

[1]陈庆富. 荞麦属植物科学. 北京: 科学出版社, 2012.
[2]赵刚, 陕方. 中国苦荞. 北京: 科学出版社, 2009.
[3]林如法. 苦荞举要. 北京: 中国农业出版社, 2013.
[4]喻辉辉. 苦荞提取物对大鼠血糖及血脂的影响. 中医药导报, 2010, 16(7): 122-123.
[5]姜研, 薛玲, 李晓军, 等. 荞麦黄酮复方制剂对糖尿病大鼠肾脏组织形态学变化的抑制作用. 吉林大学学报(医学版), 2012, 38(5): 924-927.
[6]石春海, 申宗坦. 籼稻粒形及产量性状的加性相关和显性相关分析. 作物学报, 1996, 22(1): 36-42.
[7]薄颖生, 彭少兵, 翟梅枝, 等. 核桃青果与坚果外观性状相关性研究. 北方园艺, 2014(8): 13-17.
[8]徐绍英, 陈文华, 张伟梅, 等. 二棱大麦籽粒外观品质性状的遗传研究. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 1994, 20(6): 593-598.
[9]崔娅松, 王艳, 杨丽娟, 等. 米苦荞果壳率及其相关性状的遗传研究. 作物杂志, 2019(2): 51-60.
[10]张颖慧, 谢永楚, 董少玲, 等. 利用水稻籼粳重组自交系群体研究粒型性状与千粒重的相关性. 江苏农业学报, 2012, 28(2): 231-235.
[11]Tan Y F, Xing Y Z, Li J X, et al. Genetic bases of appearance quality of rice grains in Shanyou 63, an elite rice hybrid. Theoretical and Applied Genetics, 2000, 101: 823-829.

- [12]杜欢,张颖,薛梦瑶. 大麦株高近等基因系的籽粒性状差异及相关性分析. 华北农学报, 2015, 30(5): 97-103.
- [13]于波,高冠军,张庆路. 水稻外观品质性状和千粒重的QTLs分析. 湖北农业科学, 2012, 51(19): 4187-4193.
- [14]王松凤,李辉,刘喜,等. 水稻粒形相关性状及千粒重QTL的稳定分析. 南京农业大学学报, 2008, 31(3): 1-7.
- [15]松尾孝嶺. 育種ハンドブック. 東京: 養賢堂, 1974.
- [16]鵜飼保雄. 量的形質の遺伝解析. 東京: 医学出版, 2002.
- [17]李春花,王艳青,卢文洁,等. 种植密度对“云荞1号”产量及相关性状的影响. 中国农学通报, 2015, 31(9): 128-131.
- [18]李春花,尹桂芳,王艳青,等. 云南苦荞种质资源主要性状的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2016, 17(6): 993-999.
- [19]農林水産省農業研究センター. 農業研究センター研究資料第30号. 東京: イネ育種マニュアル, 1995: 308.
- [20]符福鸿,王丰,黄文剑,等. 杂交水稻谷粒性状的遗传分析. 作物学报, 1994, 20(1): 39-45.
- [21]卢瑶,赵芳明,钟乘强,等. 两套粳型杂交水稻材料粒形遗传效应分析. 西南农业学报, 2008, 21(1): 1-5.
- [22]石春海,申宗坦. 早籼稻谷粒性状遗传效应的分析. 浙江农业大学学报, 1994, 20(4): 405-410.
- [23]Li C H, Kobayashi K, Yoshida Y, et al. Genetic analyses of agronomic traits in Tartary buckwheat [*Fagopyrum tartaricum* (L.) Gaertn.]. Breeding Science, 2012, 62: 303-309.
- [24]Li C H, Xie Z M, Wang Y Q, et al. Correlation and genetic analysis of seed shell thickness and yield factors in Tartary buckwheat [*Fagopyrum tartaricum* (L.) Gaertn.]. Breeding Science, 2019, 69: 464-470.
- [25]石春海,申宗坦. 早籼粒形的遗传和改良. 中国水稻科学, 1995, 9(1): 27-32.
- [26]赵锦龙,冯洁深,白和灵,等. 水稻籽粒大小相关性状QTL定位. 云南农业大学学报: 自然科学, 2017, 32(5): 747-755.
- [27]Haddad N I, Muehlbauer F J. Comparison of random bulk population and single-seed-descent methods for lentil breeding. Euphytica, 1981, 30: 643-651.
- [28]李春花,大泽良,小林喜和,等. 苦荞杂交后代优良株系筛选研究. 植物遗传资源学报, 2015, 16(1): 168-172.

Genetic Analysis of Grain Shape Related Traits in Tartary Buckwheat

Li Chunhua^{1,2}, Huang Jinliang³, Yin Guifang¹, Wang Yanqing¹, Lu Wenjie¹, Sun Daowang¹,
Wang Chunlong², Guo Laichun², Hong Bo⁴, Ren Changzhong², Wang Lihua¹

(¹Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences/Yunnan Provincial Key Laboratory of Agricultural Biotechnology/Key Laboratory of Southwestern Crop Gene Resources and Germplasm Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Kunming 650205, Yunnan, China; ²Baicheng Academy of Agricultural Sciences of Jilin Province, Baicheng 137000, Jilin, China; ³Jilin Dunhua Potato Development and Breeding Center, Dunhua 133700, Jilin, China; ⁴Baoyun Station for Popularizing Agricultural Technology, Huize 654200, Yunnan, China)

Abstract In this study, we used the hybrid offspring of two tartary buckwheat varieties with large difference in grain size to carry out the genetic parameter of grain-related traits closely related to yield and the phenotypic and genetic correlation among grain-related traits. The results showed that grain length, grain width, length-width ratio and 1000-kernel weight of F_2 and F_3 populations were all higher than that of their parents, the coefficient of variation of grain length, grain width and length-width ratio was less than 10%, and the coefficient of variation of 1000-kernel weight was more than 10%. In addition, the additive variance of grain length, grain width, length-width ratio and 1000-kernel weight were higher than that of the dominant variance. The broad sense heritability was from 0.77 to 0.82 and from 0.82 to 0.85 in F_2 and F_3 generations, respectively, and the true sense heritability was over 0.80. The correlation analysis between grain shape traits showed that there were significant phenotypic positive correlations among grain length, grain width and 1000-kernel weight, and the genetic correlation coefficients of grain width and 1000-kernel weight, grain length and aspect ratio was large. The above results indicated that grain shape related traits with high heritability could be selected in early generations, but since these traits were quantitative traits and controlled by multiple genes, it was suggested that the offspring should continue to be propagated until the genotype was stable, it is most effective to select the characters with the correlation among them.

Key words Tartary buckwheat; Grain shape; Genetic rule; Genetic correlation; Phenotypic correlation