

文章编号: 1674-7054(2016)04-0435-05

玉米重组近交系的高质分析

吴金山¹ 李瑞杰² 马 晶¹ 赵庆杰¹ 高豪杰^{1,3} 王亚沉¹

(1. 海南大学 热带农林学院, 海南 儋州 571737; 2. 四川文理学院, 四川 达州 635000;

3. 广东省湛江农垦科学研究所, 广东 湛江 524086)

摘 要: 本研究以自交系掖 478、丹 340 及其衍生的 345 个 $F_{3:4}$ 重组自交系(RIL)为材料, 对该群体穗长(EL)、穗粗(ED)、穗行数(KRE)、行粒数(KRN)、干籽重(DSW)、百粒重(100-GW)等 6 个重要穗部性状进行方差、相关性分析、正态性检测。结果表明: 除 100-GW 外, 其他各性状在 345 个家系间存在真实的遗传差异; $F_{3:4}$ 家系的 6 个主要穗部性状均表现出数量遗传特点, 其平均值接近双亲平均值, 有一定数量的双向超亲家系, 是一个适合遗传作图的理想群体。

关键词: 玉米; 重组近交系; 产量性状; 相关分析

中图分类号: Q 943

文献标志码: A

DOI: 10.15886/j.cnki.rdsxb.2016.04.005

玉米是世界性粮食作物之一, 又是饲料加工和工业原料的重要来源^[1], 目前, 世界玉米种植面积约 13 750 万 hm^2 , 总产为 60 220 万 t, 中国玉米种植面积 2 447.6 万 hm^2 , 总产 12 500 万 t, 占世界产值的 21%, 玉米的优质高产主要表现在穗部上, 其穗粒重是多种因素综合的结果, 因此明确穗部性状的规律, 协调穗部各性状之间的关系, 最终实现优质、高产的目标已成为玉米育种学家和遗传工作者共同关注的问题。随着分子标记技术不断发展, 玉米遗传连锁图谱定位的深入, 目前关于玉米穗部性状的规律已有许多报道, 如遗传连锁图谱定位出许多控制玉米性状的 QTL, 确定相关基因在染色体的位置。通过不同群体间检测发现一些共同的 QTL, 可为玉米的育种提供可供利用的基因资源^[2-6]。重组自交系(RIL)群体是分离群体中的一种, 其群体内的个体均纯合一致, 群体由连续多代自交或同胞交配产生, 染色体重组机率增高, 能更精确定位紧密连锁位点^[7]和准确鉴定其每个系的表型值, 从而减少环境对该群体产生误差。另外通过自交分离固定永久性群体, 可不断提供大量实验材料, 满足不同时间、地点需要^[8]。笔者主要利用玉米双亲掖 478 为母本, 丹 340 为父本进行杂交, 获得 F_1 , 通过单籽传和连续自交法获得 345 个重组近交系(RIL) $F_{3:4}$ 家系, 通过试验, 测得该群体穗长(EL)、穗粗(ED)、穗行数(KRE)、行粒数(KRN)、干籽重(DSW)、百粒重(100-GW)等 6 个重要穗部性状的相关数据, 最后通过分析总结, 得出各性状间的相关性。其结果可为进一步研究数量性状和质量性状一级基因间的相关性提供参考, 为提供良好的种质资源库和提高产量打下基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料 以玉米双亲掖 478 为母本, 丹 340 为父本进行杂交, 获得 F_1 , 通过单籽传和连续自交法获得 345 个重组近交系(RIL) $F_{3:4}$ 家系。

收稿日期: 2016-06-29

基金项目: 海南省自然科学基金(项目编号: 314057)

作者简介: 吴金山(1984-) 男, 讲师, 海南大学热带农林学院 2014 级博士研究生, 研究方向: 植物生理生化等方面研究。联系电话: 0898-23300035, E-mail: wujsh2007@163.com

通信作者: 王亚沉(1985-) 女, 讲师, 海南大学热带农林学院教师, 海南大学热带农林学院园艺学院 2016 级博士研究生, 研究方向: 生物技术及观赏植物资源利用。E-mail: 715653675@qq.com

1.2 田间试验设计 2013-06-13 将该 345 个 $F_{3:4}$ 家系、 F_1 及双亲种植于郑州河南农业大学科教园区。试验设计为 A-LATICE 设计 3 次重复; 行长 4.5 m 行距 0.6 m 株距 30 cm 单行区 每行种 16 株 每穴 2 粒。

1.3 室内考察的各主要性状 将收获的每个小区的玉米果穗自然干燥后, 主要考察穗长(EL)、穗粗(ED)、穗行数(KRN)、行粒数(KRE)、干籽重(DSW)、百粒重(100-GW) 每小区考察 5 穗, 每 5 穗各性状平均值代表该小区的各性状平均值。

1.4 统计分析 应用 EXCEL 软件计算群体各性状及双亲平均数、极差、变异系数等; 并对各性状所有数据进行分组, 作出其相应性状次数分布图; 用 DPS 软件进行方差分析; 用 SPSS 软件进行相关性分析。

2 结果与分析

2.1 $F_{3:4}$ 家系产量各性状方差分析 重组近交系 $F_{3:4}$ 家系的产量各个性状方差分析结果(表 1) 表明, EL、ED、KRE、KRN、DSW 在 $F_{3:4}$ 家系之间的 F 值均达到了极显著水平, 这说明 345 个家系间存在真实的遗传差异, 可做进一步遗传分析。

表 1 掖 478/丹 340 $F_{3:4}$ 家系的性状变化

Tab. 1 Character change of inbred lines $F_{3:4}$ of YE478/DAN340 in the Education Garden of Science and Technology, Henan Agricultural University.

性状 Trait	亲本 Parents		Lines $F_{3:4}$ 家系					
	掖 478 YE478	丹 340 DAN340	平均数 Mean	最大值 Maximum	最小值 Minimum	F 值 F value	偏斜度 Slope	峰度 Peak
EL	13	13.2	14.73	17.66	11.06	22.09**	-0.33	0.12
ED	4.13	4.27	4.396	4.93	3.6	88.75**	-0.29	0.94
KRE	11.33	13.33	14.03	16.67	11.33	4.49*	0.08	0.02
KRN	23.13	12.4	21.3	26.7	12.4	32.0**	-0.37	0.7
DSW	107	33	96.499	171	33	30.54**	0.151	0.78
100-GW	32.47	32.84	31.4	39.28	21.27	1.57	-0.125	0.687

注: * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$

2.2 玉米主要穗部性状的正态性测验 用 SPSS 软件对 $F_{3:4}$ 家系及双亲 6 个穗部性状进行正态分析, 分析结果为 EL 的变异范围为 11.06 ~ 17.66 cm, 平均值为 14.73 cm, 与亲本掖 478 和丹 340 相比分别增长 13.3% 和 11.6%, 这充分说明 $F_{3:4}$ 家系与亲本自交系相比有较强的优势; 由于偏斜度和峰度均小于 1, 表明各性状在 $F_{3:4}$ 家系的表现结果均呈正态分布, 表现出数量性状的特点, 适合进行 QTL 定位分析^[9]。

2.3 各性状在重组 $F_{3:4}$ 家系群体的分布频率 由各性状表型值在 RIL 群体中分布频率结果(图 1~6) 可知, 345 个重组近交系群体的 EL、ED、KRE、KRN、DSW、100-GW 均符合正态分布且呈连续性变异, 说明这些性状是由微效多基因控制的数量遗传性状。百粒重表现突出, 双向超亲分离明显, 而行粒数接近正态分布, 说明 $F_{3:4}$ 家系是由主效基因控制的同微效多基因控制的性状遗传^[10]。 $F_{3:4}$ 各家系穗长的分布频率呈现出正态分布特点(图 1), 可预测穗长遗传是微效多基因控制的性状遗传; 该性状在群体中的变异范围为 11.06 ~ 17.66 cm, 双亲穗长变异范围分别为 13.0、13.2 cm; 表现为超越双亲现象。群体的穗粗次数分布呈现明显正态分布(图 2), 可预测穗粗性状是由多基因共同作用, 可能存在上位性效应。该性状在群体中的变异范围为 3.6 ~ 4.93 cm, 双亲穗粗变异范围分别为 4.13、4.27 cm; 表现为超越双亲现象。从穗行数频率分布图(图 3) 呈正态分布连续性变异, 可预测穗行数遗传控制为多基因模式; 该性状在群体中变异范围为 11.33 ~ 16.67 cm, 双亲穗行数变异范围分别为 11.33、13.33 cm, 表现为超越单亲现象。由图 4 可知, 行粒数性状近似正态分布, 呈连续性变异, 可预测行粒数由主基因控制的同微效多基因控制的性状遗传; 该性状在群体中的变异范围为 12.4 ~ 26.7 cm, 双亲行粒数变异范围分别为 12.4、23.13 cm;

表明该性状存在超越单亲现象。干籽重群体频率分布呈明显正态分布(图5),可预测干籽重由微效多基因控制的性状遗传;该性状在群体中变异范围为33~171 cm,双亲干籽重变异范围分别为33,107 cm;表明该性状存在超越单亲现象,并极倾向母本。百粒重频率分布(图6)呈正态分布且连续性变异,可预测百粒重遗传控制为多基因模式;该性状在群体中变异范围为21.27~39.28 cm,双亲百粒重变异范围分别为32.47,32.84 cm;表明该性状存在超越双亲现象。

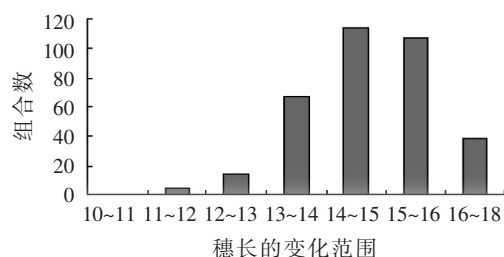


图1 穗长频率分布

Fig. 1 Histogram of ear length

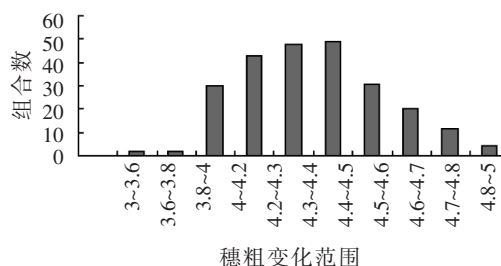


图2 穗粗频率分布

Fig. 2 Histogram of ear thickness

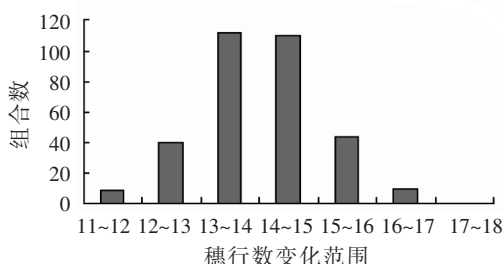


图3 穗行数频率分布

Fig. 3 Histogram of kernel row number

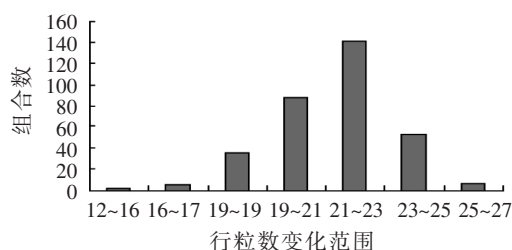


图4 行粒数频率分布

Fig. 4 Histogram of kernel number per row

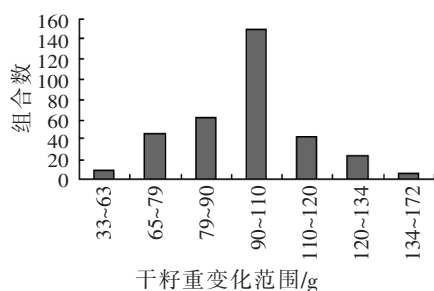


图5 干籽重频率分布

Fig. 5 Histogram of dry seed weight

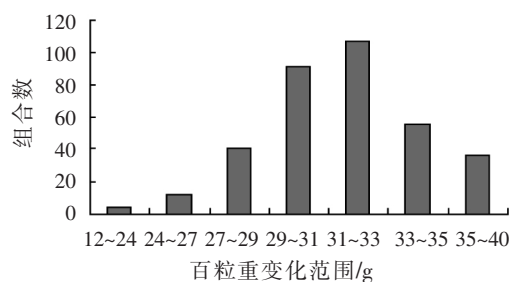


图6 百粒重频率分布

Fig. 6 Histogram of hundred-grain weight

2.4 玉米主要穗部性状相关性分析 用SPSS软件对345个 $F_{3:4}$ 家系、 F_1 及双亲的6个穗部性状进行相关性分析。结果(表2)表明:EL与ED、KRE、DSW、100-GW呈极显著相关,EL与KRE呈负相关系数,未达到显著,说明EL对KRE影响不大;ED与DSW、100-GW呈极显著相关,ED与KRE呈显著相关,ED与KRN呈负相关系数;KRE与100-GW呈显著相关,KRN与KRE、DSW未达到显著,KRE与DSW、100-GW呈极显著相关;DSW与100-GW呈极显著相关。

表 2 玉米穗部性状的相关分析

Tab. 2 Correlation analysis of characters in maize ear in the Education Garden of Science and Technology Henan Agricultural University

	EL	ED	KRN	KRE	DSW
ED	0.191**				
KRE	-0.034	-0.076			
KRN	0.484**	0.134*	-0.016		
DSW	0.403**	0.402**	0.081	0.594**	
100-GW	0.424**	0.392**	0.124*	0.656**	0.995**

注: * $P < 0.05$, ** $P < 0.01$

3 讨 论

玉米是异花受粉作物,植株高,花粉量大,花粉易四处飘散。为了保证玉米近交的纯度,故利用重组近交系进行玉米品系选育^[11],但分离群体的构建是遗传作图等基因组研究的基础,而合适的亲本及杂交组合的选择是分离群体构建成败的关键因素。前人对主要农作物主要产量性状的遗传已经进行了大量的研究,其中包括方差分析、相关分析^[7-9]及正态性检测等方法。产量相关性是典型的数量性状,在分离群体中表现为连续变异。由于数量性状受多基因效应控制,遗传基础复杂,通过经典遗传学方法很难对其进行研究。随着分子标记技术的发展和高密度遗传连锁图的构建,以及统计分析方法的完善,这些都为在分子水平上分析数量性状提供了良好的条件^[12]。针对玉米产量有关的性状,如 EL、ED、KRE、KRN 等,不能单纯说某个性状与产量有关,而应该把整个穗部的性状作为一个整体来考虑,这样才能比较全面的反映穗部性状与产量的关系。前人利用 QTLs 对水稻进行定位的结果表明:百粒重的 QTLs 在同一区段或相邻的区段,而且效应的方向也是相同的^[13],但是这些与产量性状相重合的 QTLs 在各个性状中并不是效应最大的,如百粒重的产量并不一定高,也并不一定对产量有直接贡献。

研究发现,单家系百粒重与其他 5 个主要产量因素的相关顺序为: DSW > KRN > EL > ED > KRE。方差分析和正态性检测之所以能更确切的表明性状之间的关系,这可能与双亲后代基因型偏分离有关^[10]。重组近交系为杂种连续自交不施加选择直接到纯合所产生的一系列系,是 1 种比较常用作图群体,许多作物都构建了可以比较准确地鉴定每一系的表现型值^[14]。采用 RIL 群体进行质量数量性状遗传分析有 2 个优点:一是 RIL 群体是永久性群体,可进行多年多点试验,比分离世代更为准确地测定每一系的表型值,进而获得较准确的参数估值;二是由于每一品系是纯合的,无显性和隐性互作的干扰,因而能较准确地估计主效基因的加性效应值、加性和加性互作效应值(这些效应值是可固定的)等。本研究的主要数量性状间的相关性与近年来国内外学者的研究结果基本一致,同时笔者的方法还可测定 2 对主基因互作效应、主基因重组率和连锁图距,进一步明确主基因间的相互关系,但不能估算显性效应及与显性效应有关的互作效应。而构建重组近交系群体需用时间较长,以及是由于在构建过程中有一个随机取样的过程,再加上自然选择(如气候、病虫害等)的作用,可能会影响群体的结构,减少分离群体的有效性,因此使用群体前应对其作初步评价^[15]。尽管重组近交系群体有一定的缺点,但仍然是目前玉米育种中解决遗传基础狭窄和培育优良自交系的较好方法。本实验主要对 345 个 $F_{3:4}$ 家系、 F_1 及双亲的 EL、ED、KRE、KRN、DSW、100-GW 等 6 个产量性状进行方差分析,结果表明其间存在真实遗传差异,可做进一步遗传分析;而正态性检测表明各性状在 $F_{3:4}$ 家系的表现均呈正态分布,表现出数量性状的特点,适合进行 QTL 定位分析。QTL 定位基本原理是以连锁分析数量性状观察值和分子标记来确定各个数量性状位点在染色体上的位置、效应及各个 QTL 间的相互作用,而各性状在重组 $F_{3:4}$ 家系群体的分布频率表明,研究的性状是由微效多基因控制的数量遗传性状。100-GW 的表现突出,双向超亲分离明显,而 KRN 接近正态分布,说明 $F_{3:4}$ 家系是由主效基因控制的同微效多基因控制的数量性状遗传。各性状间的相关性分析,从本质上充分说明该研究可提高玉米的质量与品质,穗部各产量性状之间与内部微效多基因互补作用成一定关系,如在 $F_{3:4}$ 家系间除穗粗平均数变化差异不大,其他形状(EL、KRE、KRN、KRN、100-GW 等)都有较大的变化差异,而且变幅比较大。从正态性测验也可看出各产量性状表

现为数量性状遗传特点,各微效多基因之间有很强的互补作用,但重组近交系群体内变异和群间杂交优势的影响有待今后进一步研究。

参考文献:

- [1] 曹冬梅,孙艳春,王秀艳. 利用玉米穗粒性状三要素估测产量水平[J]. 玉米科学, 2006, 14(1): 141–143.
- [2] Ajmone M P, Gorni C, Chitto A, et al. Identification of QTLs for grain yield and grain-related traits of maize (*Zea mays L*) using an AFLP map, different testers and cofactor analysis [J]. Theor Appl genet, 2011, 102: 230–243.
- [3] Barriere Y. Genetic analysis in recombinant inbred lines of early dent forage maize. I-QTL mapping For yield, earliness, starch and crude protein contents from per se value and top cross experiments [J]. Maydica, 2001, 46: 253–266.
- [4] David F A, Michael L, Lance R V, et al. Genetic mapping in maize with hybrid progeny across across testers And generations: grain yield and grain moisture [J]. Crop Sci, 2000, 40: 30–39.
- [5] Terry G B, Torbert R R. Quantitative trait loci for flowering plant and ear height and kernel traits in maize [J]. Crop Sci, 1995, 35: 1542–1549.
- [6] Veldboom L R, Lee M. Genetic mapping of quantitative trait loci in maize in stress and nonstress environments [J]. Crop Sci, 1996, 36: 1310–1319.
- [7] 许盛宝,宋星,秦丹丹,等. 普通小麦×斯卑尔脱小麦重组近交系群体构建及性状遗传变异分析[J]. 新疆农业大学学报, 2005, 28(2): 5–9.
- [8] 栾启福,祝水金. 陆地棉重组近交系 HM188 及其性状表现[J]. 棉花学报, 2003, 15(4): 252–253.
- [9] 刘丽,李卫华,刘伟,等. 利用小麦重组自交系群体分析 SIG 与品质性状的相关关系[J]. 石河子大学学报(自然科学版), 2006, 24(1): 70–73.
- [10] 李泽福,夏加发,刘礼明,等. 粳交重组自交系群体主要稻米品质性状分析[J]. 安徽农业科学, 2004, 32(6): 1112–1115.
- [11] 李玉玲,陶华,陈绍江. 引进南斯拉夫玉米自交系的类群划分与利用[J]. 中国农业大学学报, 2003, 8(1): 19–24.
- [12] 李斯深,陈茂学,王洪刚. 利用重组自交系(RILs)群体进行质量数量性状的遗传分析遗传模型和小麦产量性状遗传[J]. 作物学报, 2001, 27(6): 896–904.
- [13] 曾亚文,申时全,程德兵,等. 粳粳稻区重组近交系孕穗期耐冷性研究[J]. 农艺科学, 2004, 20(40): 110–114.
- [14] Campbell K G, Bergman C J, Gualberto D, et al. Quantitative trait loci associated with kernel traits in a Soft × Hard wheat cross [J]. Crop science, 1999, 39(3): 1184–1195.
- [15] 任小平,姜慧芳,王圣玉,等. 花生重组近交系(RIL)根部性状的遗传分析[J]. 武汉植物学研究, 2006, 24(4): 298–302.

Analysis of High Quality of Recombinant Inbred Lines of Corn

WU Jinshan¹, LI Ruijie², MA Jing¹, ZHAO Qingjie¹, GAO Haojie^{1,2}, WANG Yachen¹

(1. College of Tropical Agriculture and Forestry, Hainan University, Danzhou, Hainan 571737, China; 2. Sichuan University of Arts and Sciences, Dazhou, Sichuan 635000, China; 3. Zhanjiang State Farms Research Institute, Zhanjiang, Guangdong 524086, China)

Abstract: Corn parents YE478 and DAN340 were crossed to produce their first generation which were then inbred to produce 345 $F_{3,4}$ recombinant inbred lines (RIL). The parents, F1 and $F_{3,4}$ were used as the material to determine 6 traits in the corn ear, ie. ear length (EL), spike thickness (ED), kernel row number (KRN), kernel number per row (KRE), dry seed weight (DSW), hundred grain weight (100-GW). These 6 traits were then placed for analysis of variance, correlation analysis and normality test. Results show that all traits except the 100-GW in the 345 lines were genetically different in reality. All the 6 traits were quantitatively genetic in the $F_{3,4}$ lines, and the values of their traits were close to those of their parents. The $F_{3,4}$ lines showed some transgressive segregations over their parents, and are hence good populations for genetic mapping.

Keywords: Corn; recombinant inbred line; yield; correlation analysis