

文章编号 :1003-8701(2013)03-0006-03

玉米黄改系材料遗传基础研究

王 阳^{1,2},高士杰^{2*}

(1. 中国农业科技东北创新中心,长春 130033;2. 吉林省农业科学院作物资源研究所,吉林 公主岭 136100)

摘 要:黄改系材料 444 的 71.33%与亲本黄早四相一致,而 6.29%与亲本农大 178 相一致,可以认为材料 444 为亲本黄早四的导入系材料。在黄改系 444 的导入片段中引物 umc1003(bin2.05)、umc1017(bin2.05)和 phi027(bin9.03)均是和子粒淀粉含量、糯质性、酶性等特点有关的基因。phi295450(bin4.01), phi092(4.08), phi031(bin6.04), phi032(bin9.04)是黄改系导入片段的“热点”区域。

关键词:玉米;黄改系;遗传基础

中图分类号:S513.035

文献标识码:A

Research on Genetic Basis of Improved Line of ‘Huangzao 4’ of Maize

WANG Yang^{1,2}, GAO Shijie^{2*}

(1. Northeast Agricultural Research Center of China, Changchun 130033;

2. Institute of Crop Resources, Jilin Academy of Agricultural Science, Gongzhuling 136100, China)

Abstract: 71.33% of 444, an improved line of ‘Huangzao 4’, is consistent of ‘Huangzao 4’, and 6.29% is belong to ‘Nongda 178’. So 444 can be considered as the introduced material of ‘Huangzao 4’. Umc1003 (bin2.05), umc1017 (bin2.05) and phi027 (bin9.03) are related to the grain starch content, glutinous qualitative, enzymatic characteristics genes. Phi295450 (bin4.01), phi092 (4.08), phi031 (bin6.04) and phi032 (bin9.04) are ‘hot spots’ areas.

Keywords: Maize; Improved lines of ‘Huangzao 4’; Genetic Basis

本研究利用骨干自交系“黄早四”与优异种质资源进行杂交和回交,获得导入系,并通过干旱胁迫获得玉米“黄改系”耐旱创新材料。对所获得的创新材料进行表型鉴定和基因型鉴定,并利用分子标记技术对玉米耐旱性相关基因进行定位,深入研究“黄改系”的耐旱性位点的遗传变异,筛选出耐旱玉米新资源,阐释“黄改系”的耐旱性遗传来源,为培育耐旱玉米新品种奠定基础,为加速育种进程提供技术支持。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

采用 13 个黄改系和 12 个自交系作为试验材料。

表 1 试验材料名称

黄改系 序号	材料号	黄改系亲本来源		自交系 序号	材料 名称
		共同亲本	导入亲本		
1	1278	黄早四	掖 478	1	B73
2	1331		太 1/lg	2	Mo17
3	444		农大 178	3	黄早四
4	1375		79131	4	掖 478
5	498		多行金	5	太 1/lg
6	1456		峰 273	6	农大 178
7	1370		郑白 11	7	吉 853
8	1322		承 435	8	自 330
9	1405		030-1	9	79131
10	1424		美爆	10	多行金
11	1342		社矮 16	11	峰 273
12	1349		赤 545	12	郑白 11
13	1441		武 306		

1.2 分子标记试验

采用 SSR 分子标记技术进行相关试验^[1-2]。

1.3 数据统计方法

收稿日期:2013-01-23

作者简介:王 阳(1979-),女,副研究员,博士,主要从事玉米资源创新研究。

通讯作者:高士杰,男,研究员,博士,E-mail:gsj5678@163.com

用“1”表示亲本“黄早四”的纯合带型,“2”表示供体亲本的纯合带型,“3”表示两个亲本的杂合带型,“0”表示缺失。将供体亲本的导入片段情况进行统计,利用 EXCEL 程序进行数据分析。

2 结果与分析

2.1 黄改系 444 的遗传背景分析

2.1.1 分子标记统计

采用黄早四、农大 178 和黄改系 444(亲本为黄早四和农大 178)进行分子标记试验,对黄改系 444 的遗传背景进行分析。

采用 SSR 分子标记 284 对,覆盖玉米染色体的 10 条染色体。

表 2 分子标记统计结果

标记数量	有差异			无差异	其他类型	总计
	带型同母本	带型同父本	杂合位点			
115	9	9	89	64	284	
标记频率	0.4021	0.0315	0.0315	0.3119	0.2238	1

2.1.2 导入位点分析

与父本带型一致的位点是 9 个,杂合和带型各异位点是 9 个,其具体信息按照染色体的顺序一并列表 3。

表 3 黄改系 444 的导入位点情况

Bin	引物名称	带型情况	Bin	引物名称	带型情况
1.09	bnlg1502	父	4.01	umc1017(bx3)	各异
1.11	phi265454	杂合	4.02	umc1294	杂合
2.05	umc1003(zpu1)	父	4.08	phi092	各异
2.06	umc1065	父	5.06	mmc0481	父
2.08	umc1536	父	5.06	bnlg1019	父
2.08	bnlg1258	杂合	6	bnlg161	父
2.09	bnlg1520	杂合	9.02	umc1037	父
3.03	bnlg1523	父	9.03	phi022	杂合
4	phi072	各异	9.03	phi027(waxy1)	杂合

在已筛选的引物中,材料 444 的 71.33%(与母本带型一致的位点 115 个,无差异的位点 89 个,共计 204 个)与亲本黄早四相一致,而 6.29%(与父本带型一致的位点 9 个,杂合位点 9 个)与亲本农大 178 相一致,可以认为材料 444 为亲本黄早四的导入系材料。

有差异的引物分布在第 1、2、3、4、5、6、9 等染色体上。其中与父本一致的导入片段在第 1.09、2.05、2.06、2.08、3.03、5.06、6、9.02 等染色体上,杂合位点在第 1.11、2.08、3.03、4.02、9.03 等染色体上。

其中引物 umc1003 位于染色体 2.05,属于基因 zpu1^[3],是淀粉分解代谢中的控制支链淀粉酶型淀粉脱支酶的基因。这可能与亲本农大 178 的子粒淀粉品质优良相关。需要对材料进行进一步研究。

引物 umc1017 位于染色体 2.05,属于基因 bx3,是控制内质网一氧化物酶基因,与发芽期抗虫性状有关^[4]。

引物 phi027 位于染色体 9.03,属于基因 waxy1,是 wx1 基因,是糯质基因^[5]。

与黄早四带型一致的位点中,有引物 umc2391 位于染色体 4.06,属于基因 dhn3,是 dehydrin3 基因,是脱水蛋白基因^[6-7]。

引物 umc1741 位于染色体 8.03,属于基因 rps28,是 Ribosomal Protein 核糖体蛋白。

2.2 黄改系材料的遗传背景初步分析

2.2.1 黄改系材料的分子标记分析

对于 13 个黄改系材料及其部分亲本自交系材料(表 1 中已列出)的遗传背景进行分析。采用已筛选有差异的引物(34 对,与父本、母本有差异,或为杂合位点)列表 4。选取了除了第 3 条染色体上的分布在 9 条染色体上的引物进行初步分析。

表 4 引物列表及黄改系的遗传位点的分析情况

bin	引物名称	黄改系导入片段个数	bin	引物名称	黄改系导入片段个数	bin	引物名称	黄改系导入片段个数
1.09	bnlg1502	2	5.04	dupssr10	0	8.01	umc1786	1
1.09	umc1082	1	5.05	umc1482	1	8.02	umc1034	3
2.05	umc1003	1	5.06	mmc0481	2	8.03	umc1741	2
2.08	umc1536	2	6	bnlg161	1	8.05	umc2212	3
2.08	bnlg1258	4	6.04	phi031	9	8.08	phi080	3
4	phi072	1	6.04	umc1014	1	8.08	phi015	2
4.01	phi295450	9	6.05	nc013	2	9.03	umc1691	4
4.06	umc1869	2	6.07	umc2323	4	9.04	phi032	5
4.06	umc2391	2	7.02	bnlg1808	1	9.04	umc1107	0
4.08	phi092	6	7.02	bnlg1094	2	10.04	bnlg2336	0
5.03	phi109188	4	7.04	phi328175	3	10.05	umc2043	0
						10.06	bnlg1028	1

其中,第 8 条染色体的引物最多,共 6 对,分布在染色体 8.01,8.02,8.03,8.05,8.08 (2 对);第 1 条染色体的引物最少,共 2 对,都在染色体 1.09 上。

2.2.2 黄改系材料遗传背景分析

13 份黄改系材料中,有 7 个材料在 34 对引物中发现具有与父本相同带型的导入片段,所有的 13 份黄改系材料都发现具有父母本相同的杂合带型。材料的导入片段情况见表 5。

黄改系材料导入片段的频率分布在 0.088 2~

表 5 黄改系材料 SSR 引物带型情况统计

黄改系	父本带型一致位点	杂合位点	频率	黄改系	父本带型一致位点	杂合位点	频率
1	2	3	0.147 1	8	0	5	0.147 1
2	1	9	0.294 1	9	0	7	0.205 9
3	2	4	0.176 5	10	1	4	0.147 1
4	1	2	0.088 2	11	0	11	0.323 5
5	2	19	0.617 6	12	0	3	0.088 2
6	1	4	0.147 1	13	0	3	0.088 2
7	0	4	0.117 6	-	-	-	-

0.617 6 之间,要高于黄改系材料 444 的导入片段频率 0.063。其中大部分黄改系的导入频率小于 0.25,只有黄改系 2、5、11 的导入频率高于 0.25,且黄改系 5 的导入频率高达 0.617 6。这可能与其亲本材料(黄早四和多行金)的遗传背景有关。

2.3 导入系的变异遗传位点

采用 34 对引物,对 13 个黄改系材料的导入片段进行分析,分析结果见表 4。13 个黄改系材料在每对引物位点的导入片段情况均不同,其导入片段个数 0~9。其中在引物 dupssr10(bin5.04)、umc1107(bin9.04)、bnlg2336(bin10.04)和 umc2043(bin10.05)上没有导入片段,而在 phi031(bin6.04)有 9 个黄改系在此位点出现导入片段,成为杂合位点;位点 phi092(bin4.08)有 6 个黄改系在此位点出现导入片段,成为杂合位点。

3 讨论

3.1 黄改系 444 的遗传背景

黄改系 444 是自交系黄早四和农大 178 的杂交后代材料。通过分子标记鉴定,在筛选的引物中,材料 444 的 71.33%与亲本黄早四相一致,而 6.29%与亲本农大 178 相一致,可以认为材料 444 为亲本黄早四的导入系材料。

亲本农大 178 是用美国杂交种连续自交获得的自交系。在黄改系 444 的导入片段中引物 umc1003(bin2.05)、umc1017(bin2.05)和 phi027(bin9.03)均是子粒淀粉含量、糯质性、酶性等特点有关的基因。这些特点都是与亲本农大 178 优异的品质特点相关的,也达到了对亲本黄早四的性状特点进行改良的初衷。

3.2 黄改系的遗传背景

通过对 13 个黄改系材料及其部分亲本自交系材料进行 SSR 分子标记分析。有 7 个材料发现具有与父本相同带型的导入片段,所有的 13 份黄改系材料都发现具有父母相同带型的杂合带型。说明这些黄改系均是具有导入片段的黄早四的后代材料并已达到纯合状态。

特别指出,黄改系 5 的导入频率高达 0.6176。这可能与其亲本材料(黄早四和多行金)的遗传背景有关,也与引物数量过少有关。将在今后的研究工作中继续相关研究。

对黄改系 444 筛选出的有差异的位点,在其他黄改系的分析中也出现了不同的表现。例如 umc1003(bin2.05)在黄改系 444 中表现与父本一致的带型,而在黄改系 6 中也表现与父本一致的带型,而其他黄改系材料表现则与母本一致的带型。说明在同一亲本与不同亲本杂交的后代其遗传背景不尽相同,也说明在今后的研究中需要对不同材料进行细致的分析,才能对不同的材料有深入的了解。

3.3 导入系的遗传变异“热点”

表 6 导入系的遗传变异“热点”

bin	引物名称	相关基因	相关性状	导入片段在不同黄改系中数量
4.01	phi295450	Zein Protein	玉米醇溶蛋白 ^[9]	9
4.08	phi092	ssu1	核酮糖羧化酶 ^[9]	6
6.04	phi031	p11	紫色 ^[10]	9
9.04	phi032	Sus1	蔗糖合酶 ^[11]	5

分析表 4,得到在 4.01、4.08、(下转第 18 页)

60%丁草胺 1 500 mL/hm² 和 10%吡嘧磺隆 150 g/hm² 插后封闭。6 月 4 日用 70%艾美乐 10 000 倍液 +2.5%溴氰菊酯 3000 倍液防治潜叶蝇,始穗期(出穗 5%)用 40%富士 1 号 300 倍液(150 mL 兑水 45 kg)防治穗颈瘟。

收获期 :9 月 28 日,出穗后 56 d 收获。

产量结构 :平方米穗数 521.54 穗,平均穗粒数 109.56 粒,混合千粒重 20.27g,饱满千粒重 25.3 g,饱满粒率 61.78%,稻谷含水量 15.1%。

产量结果 :产量 10 532.41 kg/hm²。

参考文献 :

- [1] 王成瑗,张文香,赵 磊. 水稻开闭式塑料薄膜旱育秧技术[J]. 农业科技通讯,1995(11):4-5.
- [2] 王延锋. 寒地水稻钵体旱育苗超稀植人工摆插栽培技术[J]. 中国林副特产,2001(2):21.
- [3] 郑寨生,刘新华,吴吉祥,等. 施肥方法和栽培密度对水稻品种间产量与品质的影响[J]. 上海农业学报,1995,11(3):81-86.
- [4] 李熙英,权成武,黄世臣. 不同密度、插植方式对水稻生育及产量的影响[J]. 延边大学农学学报,2000,22(4):256-259.
- [5] 王成瑗. 水稻三早栽培高产施肥技术的研究[J]. 土壤肥料,1992(2):17-21.
- [6] 陈亚琴,刘 喜,谭玉琴. 不同施肥方法对水稻产量和品质的影响[J]. 中国农学通报,1998,14(5):64-65.

- [7] 叶永印,张时龙. 氮肥使用技术对水稻产量及构成因素的影响[J]. 安徽农业科学,2002,30(3):366-368.
- [8] 周瑞庆,萧光玉,汪大明,等. 施肥量对水稻产量及产量构成因素的影响[J]. 作物研究,1991,6(增刊):21-26.
- [9] 王成瑗. 水稻早熟品种氮肥施用时期与比例的研究初报[J]. 吉林农业科学,1988,13(2):15-19.
- [10] 王成瑗,张文香. 水稻早熟品种氮肥施用时期与比例的研究. 第 II 报 各生育时期的氮肥用量对产量构成因素的影响[J]. 吉林农业科学,1990,15(4):44-48.
- [11] 王成瑗,张文香,王蕴波. 水稻早熟品种氮肥施用时期与比例的研究. 第 I 报 不同施肥条件下主茎及各级分蘖的产量性状与单穴粒重的关系[J]. 吉林农业科学,1992,17(2):57-61.
- [12] 杨建昌,何杰升,李少清,等. 氮肥运筹与耕法对水稻子粒增重过程的影响[J]. 江苏农学院学报,1992,13(2):23-29.
- [13] 刘立军,王志琴,桑大志,等. 氮肥运筹对水稻产量及稻米品质的影响[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版),2002,23(3):46-50.
- [14] 熊明彪,宋光煜,毛炳衡,等. 定位施钾对紫色土水稻、小麦产量品质的影响[J]. 四川农业大学学报,2000,18(4):359-362.
- [15] 陈杭芳,何积秀. 钾肥对水稻生长的影响[J]. 浙江化工,2001(3):4-6.
- [16] 罗安程,杨肖娥. 氮、钾供应水平与水稻生育后期对不同形态氮吸收的关系[J]. 中国农业科学,1998,31(3):62-65.
- [17] 张学斌,汪立刚,王继印,等. 河南省不同稻区施用钾肥的效果研究[J]. 耕作与栽培,2002(1):56-57.

(上接第 8 页)6.04、9.04 等 4 个区段,黄改系材料出现杂合带型的数量较多(表 6)。预测这些位点是导入片段的“热点”区域,也说明经过改良的黄改系材料在这些区域易出现遗传变异。

参考文献 :

- [1] 曹士亮,曹靖生,王成波,等. 玉米 SSR 分子标记技术操作流程研究进展[J]. 中国农学通报,2012,28(15):1-4.
- [2] 王 阳,刘 成,石云素,等. 利用玉米选择导入系进行营养生长期抗旱性基因组区段定位[J]. 玉米科学,2009,17(3):5-9.
- [3] Beatty M K, Rahman A, Can H, et al. Purification and molecular genetic characterization of ZPU1, a pullulanase type starchdebranching enzyme from maize[J]. Plant Physiology, 2002(119):255-266.
- [4] 蒋金炜,黄翠虹,闫凤鸣. 苯并噻嗪类化合物研究进展[J]. 昆虫学报,2007,50(11):1162-1172.
- [5] 宋同明. 糯玉米与 WX 基因[J]. 玉米科学,1993,1(2):1-4.

- [6] Frisch M, Bohn M, Melchinger A E. Comparison of selection strategies for marker-assisted backcrossing of a gene[J]. Crop Sci., 1999(39):1295-1301.
- [7] 赵 曦,刘 成,于永涛,等. 玉米耐旱相关候选基因 dhn2 的等位变异与表型性状的关联分析[J]. 玉米科学,2010,18(1):20-23,28.
- [8] 徐姗姗. 玉米醇溶蛋白研究进展[J]. 中国食品添加剂,2007,82(3):92-96.
- [9] Burton R A, Johnson P E, Beckles D M, et al. Characterization of the genes encoding the cytosolic and Plastidial forms of ADP-glu cose pyrophosphorylase in wheat endosperm[J]. Plant Physiol, 2002, 130(3):1464-1475.
- [10] Lee E A, Young J A, Azizi F, J. et al. Phenotypic and genotypic characterization of purple kernel streak in whitefood corn[J]. Crop Sci, 2009(49):1235-1241.
- [11] 雷美华,叶冰莹,张 华,等. 植物蔗糖合成酶的研究现状[J]. 亚热带农业研究,2007,3(4):309-312.