

玉米超多穗行数 DH 系 15D969 的发现

李忠南¹ 王越人² 邬生辉² 曲海涛² 许正学² 李光发²

(¹ 吉林省农业技术推广总站, 长春 130033; ² 吉林省通化市农业科学研究院, 梅河口 135007)

摘要: 利用 A6×PHB1M 基础材料进行单倍体育种, 意外获得了 30 穗行数 DH 系 15D969, 通过对种植 2 代、3 代的穗行数变化进行分析, 其平均值为 26 行, 最高值为 32 行, 是新发掘的基因型。

关键词: 玉米; 穗行数; DH

玉米穗行数是重要的产量构成因素, 其数量性状的表型分布一般呈连续型变化, 为正态分布, 具有加性和部分显性遗传效应, 广义遗传力较高^[1]。近年来对玉米穗行数主效 QTL 研究较多, 其所用自交系群体穗行数多为 8~22 行, 能够检测出的穗行数 QTL 有 100 个以上, 10 条染色体均存在, 能够检测到主效 QTL 甚少^[2-8], 发掘穗行数优异等位基因, 对于提高玉米穗行数具有重要意义。

2011~2017 年吉林省单倍体育种双十攻关项目中(11ZDGG002), 利用通育 99 (PH6WC×A6) 和先玉 696 (PH6WC×PHB1M) 的父本 A6 和 PHB1M 杂交 F₁ 为基础材料进行单倍体育种实践, 意外获得了种植 1 代穗行数为 30、株型及产量要素优良的 DH 系 15D969 (国家发明专利号: 201610726826.5)。该材料的发掘, 无疑丰富了玉米基因库, 对于玉米种质改良与创新具有重要意义。

本文就 DH 系 15D969 的发掘、穗行数变化特征进行初步分析, 为玉米遗传育种工作提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料 15D969 为通化市农业科学研究院于 2015 年育成的 DH 系。A6 为自育系, PHB1M 为外引系(表 1)。

表 1 自交系的血缘及对应品种

自交系	血缘系谱	来源	组合	品种
A6	丹 340×美杂	旅大红骨×国外, 自育系	PH6WC×A6	通育 99
PHB1M	PH2KN×PH2KR	Lancaster, 国外	PH6WC×PHB1M	先玉 696
15D969	A6×PHB1M			

1.2 方法 2013 年组配 A6×PHB1M 组合种子。2014 年该组合杂交种种植 80 行, 行长 5m; 诱导系为吉诱 SM6278-2, 种植 80 行, 行长 2m。垄距 60cm, 株距 25cm, 进行杂交诱导。近成熟后挑出准单倍体粒 5238 粒, 同年冬在海南三亚南滨农场通化市农业科学研究院试验基地种植自然加倍, 去杂后剩有 2516 株单倍体, 共收获单倍体结实穗 77 穗, 加倍率为 3.1%。

2015 年种植 DH 系 77 穗行, 单行区, 行长 2m, 垄距 60cm, 株距 25cm。经田间抗逆性和株型综合选择评价出 26 份 DH 系, 其中 969 号穗行数为 30, 7 穗均为 30 行, 为一种新型极罕见的超多穗行数玉米 DH 系。2016 年种植 D969 及双亲 A6 与 PHB1M 各 20 行, 开放授粉, 行长 5m, 垄距 60cm, 株距 25cm, 考察 100 穗。2017 年种植 D969 及双亲 A6 与 PHB1M 各 20 行, 开放授粉, 行长 5m, 垄距 60cm, 株距 25cm, 考察 100 穗。

数据处理采用 DPS v14.10 数据处理系统。

2 结果与分析

2.1 DH 系 15D969 的来源 将 2015 年经田间综合性状选择出源于 A6×PHB1M 基础材料的 26 份 DH 系的 5 个主要农艺性状列于表 2, 将各性状的基本参数估计列于表 3, 将 A6、PHB1M 2 份自交系和杂交种(A6×PHB1M) 5 个主要农艺性状列于表 4。

由表 2 可以看出, DH 系编号 969, 穗行数 30 行, 穗长 13cm, 百粒重 28.8g, 株高、穗位合理, 是一个罕见的超多穗行数 DH 系。

表2 来源于 A6×PHB1M 的 26 份 DH 系主要农艺性状

DH 系	株高(cm)	穗位(cm)	穗长(cm)	穗行数	百粒重(g)
901	155	55	14	22	30.1
907	230	120	18.5	16	39.2
908	190	95	19	20	40.7
912	205	100	13	14	34.5
921	220	110	19	20	32.7
925	235	125	17.5	20	35.1
929	210	75	15	20	28.3
930	190	110	15.3	18	31.4
931	145	80	15.2	20	24.2
932	185	95	16	20	21.9
937	175	105	15	18	34.6
939	200	110	18.5	22	31.1
942	180	80	14	24	28.6
944	225	100	16.9	18	39.5
947	190	100	14	20	24.1
948	200	110	16	18	27.1
953	195	95	17	20	32.4
956	175	100	15.5	16	25.2
957	190	80	16	18	30
958	160	85	15.6	18	30.3
959	250	150	18	20	34.9
961	175	100	16	24	26.6
967	210	105	12.2	16	29.2
969	180	80	13	30	28.8
970	160	90	14.5	18	28.3
971	185	100	17	22	31

表3 DH 系主要农艺性状的基本参数估计

性状	平均值	标准差	极差	变异系数(%)	JB 值	P 值
株高(cm)	192.9	25.5802	105	13.26	0.4355	0.8043
穗位(cm)	98.3	18.4901	95	18.82	4.6547	0.0976
穗长(cm)	15.8	1.8876	6.8	11.92	0.5022	0.7779
穗行数	19.7	3.1846	16	16.17	19.1135	0.0001
百粒重(g)	30.8	4.7747	18.8	15.52	0.5821	0.7475

表4 DH 系 15D969 的双亲及 A6×PHB1M 组合 F₁ 的主要农艺性状

自交系和组合	株高(cm)	穗位(cm)	穗长(cm)	穗行数	百粒重(g)
15D969	180	80	13	30	28.8
A6	185	72	15	22	27.0
PHB1M	230	90	16	16	37.0
A6×PHB1M	300	120	21.5	20	41.0

由表3的各性状基本参数估计 *P* 值可以看出, 26 份 DH 系株高、穗位、穗长、百粒重均符合正态分布, 唯有穗行数不符合正态分布。经田间抗病性、抗倒伏性、株型的选择后, 株高、穗位、穗长、百粒重仍然符合正态分布, 说明由主、多基因控制的这些数量性状具有非常大的连续性。田间选择不包含穗行数,

由于穗行数不符合正态分布, 说明存在新基因型, 也就是说偶然发掘出了超多穗行数 D969。经国内同行及专家确认, 尚没有穗行数如此多的玉米资源材料。即定名为 15D969。

由表4可以看出, 15D969 株高低于双亲, 穗位介于双亲, 穗长短于双亲, 百粒重介于双亲, 穗行数

超越高亲 A6 8 行,是一个综合性状较好的 DH 系,就穗行数讲,是典型的超高亲遗传。

15D969 穗行数 30,是 A6×PHB1M 组合材料 F₁ 减数分裂,控制穗行数的稀有基因经染色体交换与重组,加倍后成为能够表达的等位基因型。它的出现极大地丰富了玉米基因库。

2.2 DH 系 15D969 种植 2、3 代的表现 将种植 2、3 代穗行数参数列于表 5。由表 5 可以看出,种植 2 代 15D969 平均穗行数为 25.3 行,变幅为 20~32 行,其中 32 行的有 2 穗,30 行的有 8 穗。穗行数 32 为目前玉米穗行数最高极值,30 行以上占总穗数的 10%。变异系数为 10.49%,*P* 值为 0.6338,符合正态分布。

种植 3 代 15D969 平均穗行数为 26.7 行,变幅

为 22~32 行,变异系数为 8.05%,*P* 值为 0.5257,符合正态分布。其中穗行数 32 行的有 1 穗、30 行的有 11 穗,30 行以上占总穗数的 12%。平均穗行数比种植 2 代增加 1.4 行,极差比种植 2 代减少 2 行,变异系数比种植 2 代降低 2.44%。总体与种植 2 代差异不大。

穗行数平均值是玉米自交系的穗部特征,其界限幅度一般为 2 行。玉米祖先大刍草只有 2 行^[9]。而最近分子生物学研究结果能够检测出的主效 QTL 最大效应值在 2 行以内^[3-4]。说明 15D969 是具有稀有等位基因的新基因型,有待于进一步的分子生物学探讨。DH 系 15D969 及双亲的穗比对比见图 1。

表 5 DH 系 15D969 穗行数基本参数估计

世代	平均值	最低值	最高值	极差	标准差	变异系数(%)	JB 值	<i>P</i> 值	正态分布
2	25.3	20	32	12	2.6523	10.49	0.9119	0.6338	符合
3	26.7	22	32	10	2.1472	8.05	1.2859	0.5257	符合



图 1 DH 系 15D969 及双亲的穗

3 结论与讨论

由 A6×PHB1M 基础材料进行单倍体育种而得到 30 穗行数 DH 系 15D969,是一个意外的收获。种植 2 代、3 代平均值为 26 行,最高值 32 行,极差大,是新发掘的基因型。

玉米穗行数是玉米育种中的标靶性状,玉米在长期驯化和育种实践中,穗行数受到强烈选择,从只有 2 行穗行数的大刍草驯化到具有 8~20 行的玉米^[9]。穗行数的进化过程非常复杂,而今发现穗行数最高极值 32 行,完全有可能还有更高的穗行数出现,将为分子生物学玉米穗行数研究提供一个新的视野。

通过初步与 Reid 系测配,产比鉴定表明,15D969 一般配合力较高,其超多穗行数导致的穗粒数超多,是其遗传优势所在。

参考文献

- [1] Dhillon B S, Singh J. Estimation and inheritance of stability parameters of grain yield in maize[J]. J Agric Sci, 1977, 88: 257-265
- [2] 白胜双,彭勃,王超楠. 玉米穗行数遗传基础的研究进展[J]. 天津农业科学, 2016, 22(5): 8-10
- [3] 刘磊. 玉米穗行数的遗传解析及主效 QTL *KRN4* 的克隆与功能分析[D]. 武汉:华中农业大学, 2015
- [4] 白娜,李永祥,焦付超,等. 玉米穗行数主效位点 *qKRN5.04* 精细定位与遗传效应解析[J]. 作物学报, 2017, 43(1): 63-71
- [5] 白娜. 玉米穗行数多个 QTL 的定位与遗传解析[D]. 北京:中国农业科学院, 2016
- [6] 张焕欣,翁建峰,张晓聪,等. 玉米穗行数全基因组关联分析[J]. 作物学报, 2014, 40(1): 1-6
- [7] Lu M, Xie C X, Li X H, et al. Mapping of quantitative trait loci for kernel row number in maize across seven environments[J]. Mol Breed, 2010, 28: 143-152
- [8] Ma X Q, Tang J H, Teng W T, et al. Epistatic interaction is an important genetic basis of grain yield and its components in maize[J]. Mol Breed, 2007, 20: 41-51
- [9] Doebley J. The genetics of maize evolution[J]. Annu Rev Genet, 2004, 38(1): 37-59

(收稿日期: 2017-11-27)