

利用 SNP 标记划分玉米自交系杂种优势类群

师亚琴¹ 孟庆立¹ 杨少伟¹ 张宇文¹ 雷格丽²

(¹ 宝鸡市农业科学研究院,陕西岐山 722499; ² 宝鸡迪兴农业科技有限公司,陕西眉县 722305)

摘要:利用 4550 个 SNP 位点对 80 份玉米自交系进行遗传分析,质控后剩余 79 份自交系用于后续分析;多态性信息含量 (PIC) 平均值为 0.39; 79 份自交系间的遗传相似度变化范围为 24.9%~99.9%,平均遗传相似度为 51.2%。根据遗传距离信息,利用 NJ 聚类法将 79 份玉米自交系划分为两大类、7 个亚群。一类包含瑞德、黄改、P 群和 Lancaster; 一类包含 Iodent、迪卡选系和先锋改良群。其中系谱来源不清晰的玉米自交系均被划分至不同类群中,明确了其优势类群。

关键词:玉米; 自交系; SNP 标记; 杂种优势群

玉米是我国第一大粮食作物,同时也是重要的饲料和工业原料,对保障国家粮食安全具有重要作用^[1-2]。种质资源是研究作物起源、进化,培育作物新品种的基础材料^[3]。当前玉米生产中,产量、品质、抗逆性的提高和改善主要归功于杂种优势育种的利用。因此,通过对种质资源类群的划分并建立相应的杂种优势模式,能有效地改良自交系和选配杂交组合,拓宽种质遗传基础,是提高玉米育种的重要手段。

随着生物技术的不断发展,SNP 标记技术作为第三代分子标记,具有分布广泛、系统化自动化程度高、易于建立标准化操作等优点,在农作物遗传多样性分析、种间亲缘关系分析和种质资源鉴定方面具有广泛的应用^[4]。其中,卢柏山等^[5]利用 1031 个 SNP 标记将 39 份甜玉米自交系划分为 5 个类群。吴金凤等^[6]利用 1041 个 SNP 标记对 51 份自交系进行类群划分,划群结果与系谱来源一致。何冰纾等^[7]利用 SNP 标记推断陕单 609 的杂种优势模式为 Reid × 塘四平头。本研究利用中玉金标记(北京)生物技术有限公司(以下简称中玉金标记)玉米 10K SNP 芯片(中玉芯 1 号)检测,利用其中 4550

基金项目:陕西省农业协同创新与推广联盟示范项目(LM202010)

通信作者:孟庆立

参考文献

- [1] 姚成胜,滕毅,黄琳. 中国粮食安全评价指标体系构建及实证分析. 农业工程学报,2015,31(4): 1-10
- [2] 唐惠燕. 基于 GIS 江苏种植结构演变研究(1949-2011). 南京:南京农业大学,2014
- [3] 唐华俊,吴文斌,杨鹏,周清波,陈仲新. 农作物空间格局遥感监测研究进展. 中国农业科学,2010,43(14): 2879-2888
- [4] 刘竞文. 中国农业集聚重心与农民收入重心变动研究——基于粮食类农作物空间布局变化的实证检验. 中国农业资源与区划,2017,38(12): 64-73
- [5] 安悦,谭雪兰,谭杰扬,余航菱,王振凯,李文哲. 湖南省农作物种植结构演变及影响因素. 经济地理,2021,41(2): 156-166
- [6] Oymatov R, Safayev S. Creation of a complex electronic map of agriculture and agro-geo databases using GIS techniques. E3S Web of Conferences, 2021, 258(59): 03020
- [7] Li R W, Wei C Y, Afroz M D, Lyu J, Chen G. A GIS-based framework

- for local agricultural decision-making and regional crop yield simulation. Agricultural Systems, 2021, 193(3): 103213
- [8] 褚庆全,李林. 地理信息系统(GIS)在农业上的应用及其发展趋势. 中国农业科技导报,2003,4(1): 22-26
- [9] 秦伟男,闫喜中,刘宇,郝赤. GIS 在农业种植领域的研究应用进展. 农学报,2021,11(3): 20-24
- [10] 刘珍环,杨鹏,吴文斌,李正国,游良志. 近 30 年中国农作物种植结构时空变化分析. 地理学报,2016,71(5): 840-851
- [11] 高军波,韩勇,喻超,孙健武. 河南省县域农作物生产空间格局演变及专业化分区研究. 中国农业资源与区划,2019,40(7): 152-163
- [12] 宋桂琴,徐惠民,刘志晨. 辽宁省农作物种植结构时空变化特征分析. 中国农学通报,2019,35(5): 18-25
- [13] 曹丹. 东北三省水稻种植面积及产量空间格局变迁与分析. 焦作: 河南理工大学,2018

(收稿日期: 2022-06-08)

个标记,研究了 80 份已知系谱来源或未知血缘的玉米自交系的杂种优势类群,检验 SNP 标记开展类群划分的可靠性,同时为玉米自交系改良和新品种的选育提供支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料 本研究选取 80 份玉米自交系为试验材料,自交系编号为 BJ1801~BJ1880,材料来源详细信息见表 1。

表 1 材料编号及系谱来源

编号	系谱来源	编号	系谱来源	编号	系谱来源	编号	系谱来源
BJ1801	696F×06095-2	BJ1821	LY99 母	BJ1841	LH59 选系	BJ1861	SD609 母
BJ1802	1468 选系	BJ1822	未知	BJ1842	07049×13051-1	BJ1862	LM3761
BJ1803	未知	BJ1823	未知	BJ1843	特早熟	BJ1863	引 PH6WC 改
BJ1804	696F 选系	BJ1824	2016 美杂 22	BJ1844	无 10 早	BJ1864	农华 106 母
BJ1805	HM1 F 选系	BJ1825	HM1 母	BJ1845	WF15 选系	BJ1865	DK653
BJ1806	335F×HM 父	BJ1826	119 选系	BJ1846	NKD8 父选系	BJ1866	未知
BJ1807	X39 选系	BJ1827	DK159 母选系	BJ1847	NKD9 父选系	BJ1867	未知
BJ1808	DK159F 选系	BJ1828	DH618F 选系	BJ1848	DK517 父选系	BJ1868	未知
BJ1809	DK516F 选系	BJ1829	DH618M 选系	BJ1849	DK519 父选系	BJ1869	未知
BJ1810	DK748F 选系	BJ1830	M229 选系	BJ1850	DK751 父选系	BJ1870	M35-3 选系
BJ1811	06249×13012	BJ1831	2016BJA5	BJ1851	未知	BJ1871	未知
BJ1812	11027×11025-1	BJ1832	2013B1-1	BJ1852	14XY12 选系	BJ1872	QY268 母
BJ1813	QC1 选系	BJ1833	KA064	BJ1853	25H11 选系	BJ1873	LC808 母
BJ1814	HM1 号二环	BJ1834	KB106	BJ1854	L03 选系	BJ1874	SK6 母
BJ1815	696M 选系	BJ1835	DK519 二环	BJ1855	DMY2 母选系	BJ1875	昌 7-2× 热源
BJ1816	12DH7 选系	BJ1836	DK519 二环	BJ1856	引 DX243 改	BJ1876	未知
BJ1817	14025×14022	BJ1837	2016BJA1	BJ1857	PA63 选系	BJ1877	SK9 母选系
BJ1818	14025×14022	BJ1838	FT52 选系	BJ1858	T7296 选系	BJ1878	SK9 父选系
BJ1819	335M×ZD868 母	BJ1839	X01 选系	BJ1859	M753 选系	BJ1879	SK10 父选系
BJ1820	DK516M 选系	BJ1840	引改 696 父	BJ1860	MSD557 选系	BJ1880	SK10 母选系

1.2 试验方法 大田幼苗 3 叶 1 心后用打孔器取嫩叶,并将取好叶片的采样管放在取样盘中对应的位置,置于冰盒保存,交由中玉金标记完成 SNP 芯片检测。在种质资源分析中,中玉金标记加入了一批玉米骨干自交系作为杂种优势群划分的参照。

1.3 数据分析 利用 PowerMarker V3.25 软件对 SNP 位点进行遗传多样性分析,计算多态性信息含量(PIC)以及自交系间遗传距离,并利用 Treebest 软件构建 NJ 聚类图,进行杂种优势群的划分。

2 结果与分析

2.1 数据质控 本研究使用中玉芯 1 号设计的标记做分析,在基因分型之前,先计算各自交系的 DQC (Dish QC)和 call rate (CR)值,以 DQC>0.82、CR>96% 做筛选阈值,对 80 份自交系进行质控。结果表明,79 份自交系同时达到 DQC 和 CR 阈值, BJ1809 的 CR 值低于阈值,在后续分析中被舍弃;自交系质控的平均 CR 值为 99.252%。79 份自交系进行 SNP 位点质控后,剩余 8279 个标记。将供试自

交系数据与中玉金标记种质资源库数据合并,去除缺失率>0.1、MAF<0.05 的位点,剩余 4550 个标记进行后续分析。

2.2 SNP 位点遗传多样性分析 PIC 值是衡量 DNA 座位变异程度高低的重要指标。根据 Botstein 等^[8]提出的多态性信息含量评价指标,当 PIC ≥ 0.5 时为高度多态;0.25 ≤ PIC<0.5 时为中度多态;PIC<0.25 时为低度多态。本研究中,4550 个 SNP 位点在 79 份玉米自交系上的平均 PIC 值为 0.39,为中度多态,说明 79 份自交系遗传多样性较好。

2.3 自交系遗传相似度 根据 SNP 位点的基因分型数据,应用 Nei's 1972 算法计算自交系之间的遗传距离。结果表明,79 份自交系间的遗传相似度变化为 24.9%~99.9%,自交系间平均遗传相似度为 51.2%,其中自交系 BJ1864 与 BJ1811 之间遗传相似度最低,表明这 2 个自交系亲缘关系最远,遗传差异较大;而 BJ1848 与 BJ1849 之间遗传相似度最高,表明这 2 个自交系血缘关系最近,遗传差异较小。

根据计算的遗传相似度,以 10% 为组距进行频数分布分析(图 1)。可以看出,79 份自交系间遗传相似度主要分布在 50%~60% 之间,有 1586 对自交系,占总数的 52.81%;遗传相似度一般在 60% 或 70% 以上,则认为是同一血缘材料,其中 60% 以上遗传相似度有 303 对,占总数的 10.09%;遗传相似度在 50% 以下代表材料间没有明显的血缘关系,有 1114 对,占总数的 37.10%。结果表明,79 份玉米自交系间遗传关系比较丰富。

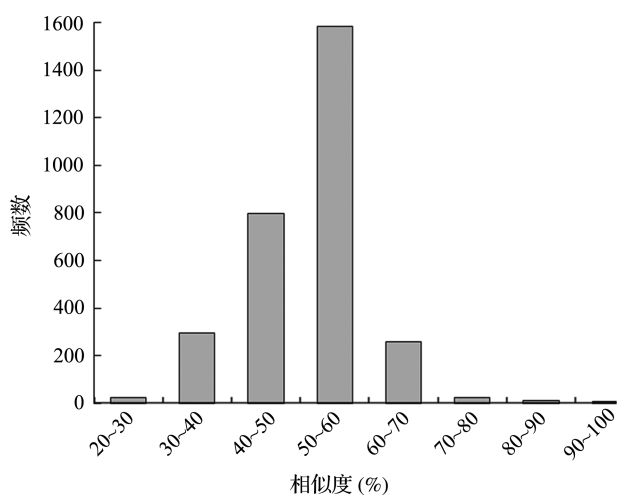


图 1 79 份玉米自交系之间的相似度频数分布图

2.4 自交系聚类分析 利用中玉金标记提供的 45 份骨干自交系做分类参考,并计算与供试自交系之间的遗传距离,构建 NJ 聚类图,进行聚类分析。聚类分析结果表明,79 份自交系除 BJ18053 未划分出对应的类群,其余 78 份自交系可被划分为明显的两大类(图 2),两大类又可被分为 7 个亚群,一类包含瑞德、黄改、P 群和 Lancaster,另一类包含 Iodent、迪卡选系和先锋改良群。第 I 类群包括 BJ1835、BJ1837、BJ1842 等 8 个自交系,属瑞德群。第 II 类群包括 BJ1826、BJ1830、BJ1875、BJ1879,为昌 7-2 改良系,属黄改群。第 III 类群包括 BJ1813、BJ1838、BJ1878 3 个自交系,属 P 群。第 IV 类群包括 BJ1841、BJ1812、BJ1814 等 5 个自交系,属 Lancaster 群。第 V 类群包括 BJ1863、BJ1845、BJ1815 等 27 个自交系,属先锋改良群。第 VI 类群包括 BJ1822、BJ1867、BJ1868 等 18 个自交系,属迪卡选系群。第 VII 类群包括 BJ1801、BJ1804、BJ1802 等 13 个自交系,属 Iodent 群。

3 结论与讨论

本研究利用 4550 个标记对 80 份自交系进行类群划分,SNP 位点多态性信息含量平均值为 0.39。赵久然等^[9]利用 SNP 标记对 344 份玉米自交系进行遗传多样性分析,结果表明,3072 个 SNP 位点多态性信息含量平均值为 0.344。本研究选用的 4550 个 SNP 位点具有较高的多态性和类群区分能力。孙友位等^[10]利用 SSR 标记研究 85 个自交系的遗传多样性,将 85 份自交系分为两类 6 个亚群,一类包含 PA、热带种质和旅大红骨,另一类包含 Lancaster、塘四平头和农家种。本研究将供试自交系划分为两大类、7 个亚群,一类包含瑞德、黄改、P 群和 Lancaster,另一类包含 Iodent、迪卡选系和先锋改良群。这可能是由于种质资源基础不同,造成划分结果不同。本研究结果表明,杂种优势群划分结果与系谱来源有较好的一致性,如 BJ1817 和 BJ1818 均为 14025 × 14022 选育而来,被聚为同一类群; BJ1830、BJ1875 均为昌 7-2 改良系,被聚为同一类群。此外,未知血缘的自交系也划入相应的类群中,如 BJ1871、BJ1876 划入先锋改良群; BJ1803、BJ1822、BJ1823、BJ1851 等 8 个自交系划入迪卡选系群。说明利用 SNP 标记进行玉米自交系类群划分可正确反映自交系间的血缘关系,明晰未知血缘关系的自交系所属类群,为自交系间的改良、杂交种的组配提供依据,降低育种工作中的盲目性,加快育种工作进程。

供试材料 BJ1801、BJ1804 和 BJ1840 引进时系谱来源记载为 696F 改良系,应该划入同一群中,但试验结果却是 BJ1801、BJ1804 划入 Iodent 群, BJ1840 划入迪卡选系群,这可能是 BJ1840 在改良 696F 时应用了迪卡选系群的种质。此外, BJ1835 和 BJ1836 系谱记载为 DK519 二环选系,在类群划分时, BJ1835 划入瑞德群, BJ1836 为迪卡选系群,这可能是由于 BJ1835 在选系时为开放授粉,引入了瑞德群的种质。在自交系改良时应明确的方向,尽可能应用归属同一大类的亚群之间的材料进行改良,既能保持杂种优势,又可以丰富遗传背景。同时,应避免开放授粉选系,以免造成血缘不清难以利用。

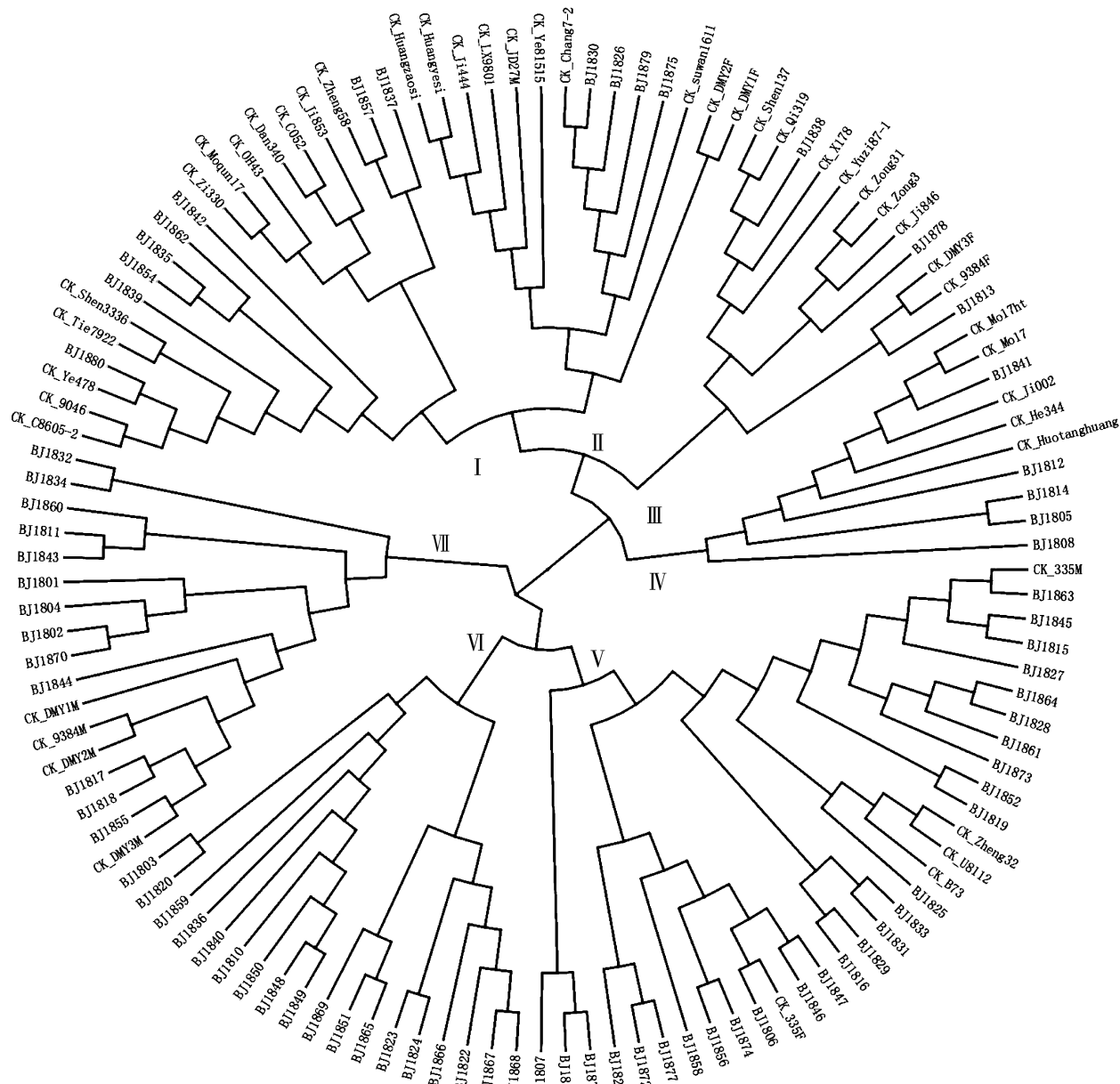


图 2 供试自交系聚类分析图

参考文献

- [1] 李建芬. 玉米生产制约因素分析及对策. 种子世界, 2010 (1): 10
 - [2] 扈映, 龚银烈. 开放的粮食安全观视角下玉米进口策略研究. 重庆交通大学学报(社会科学版), 2016, 16 (1): 54-58
 - [3] 金益. 玉米杂种优势关系的研究. 东北农业大学学报, 2011, 42 (4): 1-7
 - [4] 姚丹青, 楼坚锋, 顾芹芹. SNP 在农作物遗传分析中的应用. 上海农业科技, 2015 (6): 26-27, 41
 - [5] 卢柏山, 史亚兴, 宋伟, 徐丽, 赵久然. 利用 SNP 标记划分甜玉米自交系的杂种优势类群. 玉米科学, 2015, 22 (1): 58-62, 68
 - [6] 吴金凤, 宋伟, 王蕊, 田红丽, 李雪, 王风格, 赵久然, 蔚荣海. 利用 SNP 标记对 51 份玉米自交系进行类群划分. 玉米科学, 2014, 22 (5): 29-34
 - [7] 何冰纾, 徐淑兔, 冯娇娇, 钟雨越, 张兴华, 郝引川, 郭东伟, 薛吉全. 基于 SNP 标记的陕单 609 杂优模式分析. 作物杂志, 2015 (4): 33-35
 - [8] Botstein D, White R L, Skolnick M, Davis R W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics, 1980, 32 (3): 314-331
 - [9] 赵久然, 李春辉, 宋伟, 王元东, 张如养, 王继东, 王风格, 田红丽, 王蕊. 基于 SNP 芯片揭示中国玉米育种种质的遗传多样性与群体遗传结构. 中国农业科学, 2018, 51 (4): 626-634
 - [10] 孙友位, 李明顺, 张德贵, 肖木辑, 谢振江, 李新海, 谢传晓, 郝转芳, 张世煌. 利用 SSR 标记研究 85 个玉米自交系的遗传多样性. 玉米科学, 2007, 15 (6): 19-26

(收稿日期: 2022-05-11)