

玉米超多穗行数基因型通 15D969 的单倍体育种效应

李忠南¹ 王越人² 刘颖¹ 艾东¹ 王大川¹ 胡博¹ 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, 通化 135007)

摘要:利用超多穗行数基因型 15D969 组配 1 份杂交组合材料、3 份回交组合材料进行单倍体育种, 针对单倍体自交结实率和超多穗行数基因型 DH 系概率进行研究。结果表明: 杂交组合材料单倍体自交结实率高于回交组合材料; 超多穗行数基因型在杂交组合材料 DH 系群中占 0.45%, 在高穗行数回交组合材料 DH 系群中占 7.2%。

关键词:玉米; 超多穗行数; 基因型; 概率

玉米穗行数是产量重要构成因素之一, 其数量性状的遗传分布为正态分布, 具有加性和部分显性遗传效应, 广义遗传力较高。目前国内从事玉米穗行数主效 QTL 研究所用材料最大穗行数为 22 行^[1]。2015 年在单倍体育种中发现育成了穗行数 30 行的 DH 系通 15D969 之后(其选育方法已获得国家发明专利, 专利号: ZL201610726826.5), 受到业内高度关注和玉米育种学家的肯定, 延边大学农学院郑大浩教授团队利用该 DH 系进行了基因

定位研究。

2016 年利用 DH 系 15D969 组配 1 份杂交组合材料、3 份回交组合材料进行单倍体育种实践, 以对 DH 系 15D969 超多穗行数基因型效应进行研究, 为玉米育种工作提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料 试验材料为通化市农业科学研究院自选 DH 系 15D969 和自交系 A6、外引系 PHB1M 和 PH4CV。其血缘系谱及穗行数特征值见表 1。

表 1 自交系的血缘系谱及穗行数特征值

自交系	血缘系谱	来源	穗行数		
			平均值	最大值	最小值
15D969	A6 × PHB1M	自育 DH 系	26	32	20
PHB1M	PH2KN × PH2KR	Lancaster, 美国	16	18	14
A6	丹 340 × 美杂	旅大红骨 × 美国杂交种, 自育系	22	26	20
PH4CV	PH7VO × PHBE2	Lancaster, 美国	16	18	14

1.2 试验方法 2016 年在通化市农业科学研究院试验基地, 组配 1 个杂交组合 15D969 × PH4CV, 3 个回交组合 15D969 × PHB1M、PHB1M × 15D969、15D969 × A6, 每个组合收获种子各 5kg。

2017 年在通化市农业科学研究院试验基地对该 4 份组合材料 F₁ 进行杂交诱导, 诱导系为吉林省

农业科学院提供的吉诱 SM6278-2, 诱导材料行长 5m, 诱导系行长 2m, 小区为 150 行, 共 4 小区。杂交材料 15D969 × PH4CV F₁ 种植 300 行, 回交材料 15D969 × PHB1M、PHB1M × 15D969、15D969 × A6 F₁ 各种植 100 行。

7 月 10 日开始杂交诱导授粉 10d, 9 月 15 日开始单倍体子粒挑选, 4 份组合材料共挑选出准单倍体粒 10 多万粒, 其中杂交材料 15D969 × PH4CV

61500粒、回交材料 15D969×PHB1M 13000粒、回交材料 PHB1M×15D969 15500粒、回交材料 15D969×A6 12500粒。

10月25日在海南三亚南滨农场试验基地进行准单倍体粒种植,进行自然加倍试验。大垄双行,垄距1m,株距7cm,行长120m,单粒播种,共28垄56行。其中杂交材料 15D969×PH4CV 准单倍体36行、回交材料 15D969×PHB1M 准单倍体7行、回交材料 PHB1M×15D969 准单倍体7行、回交材料 15D969×A6 准单倍体6行。

苗期开始去杂,12月10日开始针对雄穗加倍的单倍体植株进行自交授粉,12月25日授粉结束,2018年2月10日收获,共收获自交结实穗831个,穗粒数不等。

2018年在通化市农业科学研究院试验基地对海南4份组合材料单倍体自然加倍获得的自交穗种

子,按穗行种植,行长1m,株距20cm,单粒播种,单行区,共计831穗行。期间进行抗病、株型田间鉴定,9月20号收获时,穗行数≥26行DH系均保留,以利于对超多穗行数基因型DH系概率准确统计。

数据处理采用DPSV14.10数据处理系统。

2 结果与分析

2.1 单倍体自然加倍结果 将各组合材料单倍体株数、雄穗散粉株数、自交结实穗数列于表2。由此可以看出,4份组合材料单倍体雄穗加倍率为9.8%~18%,与前人研究结果基本一致^[2];单倍体自交结实率为0.8%~4.29%。最高为杂交组合材料 15D969×PH4CV,单倍体自交结实率为4.29%,杂交组合材料单倍体自交结实率比回交组合材料高2~5倍。过去研究结果认为单倍体雄穗加倍率与结实率呈正相关^[3],本试验雄穗加倍率差异不大,雄穗加倍率与结实率相关系数为0.7319,未达显著水平。

表2 各组合材料单倍体雄穗加倍率、自交结实率

组合	单倍体株数	雄穗散粉株数	雄穗加倍率(%)	自交结实穗数	结实率(%)
15D969×PH4CV	15674	2669	17	672	4.29
15D969×PHB1M	3269	320	9.8	26	0.80
PHB1M×15D969	3704	440	11.9	64	1.73
15D969×A6	3243	584	18.0	69	2.13

杂交组合材料单倍体自交结实率高于回交组合材料,可能部分原因是回交组合材料F₁具有75%回交亲本基因,在单倍体分离世代优良发育基因效应表达相对较差,从而导致结实率较低,也符合在自然环境条件下单倍体表现良好发育活力的植株拥有良好花粉发育功能、有更高结实率、种子发育基因效应表达更好的结论^[4]。杂交组合材料 15D969×PH4CV 单倍体雄穗加倍率不是最高,但单倍体自交结实率最高,从而在很大程度上进一步佐证了自交系 PH4CV 具有较多优良结实性基因这一研究结果^[3],同时也说明 DH 系 15D969 优良结实性基因拥有量相对不足。

2.2 DH系田间鉴定 针对4份组合材料共831个DH系,就生育后期大斑病、茎腐病、穗腐病、丝黑穗病发病程度及株高、穗位高和株型紧凑程度进行选择。杂交组合材料 15D969×PH4CV 的DH系群体中,选择出抗病、株型紧凑的DH系107个,株

高为1.6~2.4m,穗位高为0.9~1.15m,入选率15.9%。回交组合材料 15D969×PHB1M 的DH系群体中,选择出抗病、株型紧凑的DH系2个,株高为1.9~2.1m,穗位高为0.9~1.1m,入选率7.7%。回交组合材料 PHB1M×15D969 的DH系群体中,选择出抗病、株型紧凑的DH系6个,株高为1.8~2.1m,穗位高为0.8~1.2m,入选率9.4%。回交组合材料 15D969×A6 的DH系群中,选择出抗病、株型半紧凑的DH系8个,株高为1.3~1.8m,穗位高为0.5~0.9m,入选率11.6%。在淘汰的4份组合材料共708个DH系中,未发现穗行数26行以上的DH系。

2.3 超多穗行数基因型在DH系群体中表达概率 DH系 15D969 平均穗行数26行,穗行数最大值为32行。2015年DH系 15D969 穗行鉴定共7穗,穗行数均为30行^[1]。将穗行数≥26行DH系暂定为超多穗行数基因型。

将4份组合材料入选DH系数量及穗行数统计值列于表3。由此可以看出,杂交组合材料15D969×PH4CV DH系选择后数量为107个,占种植数量(672份)的15.9%;平均穗行数19行,最大穗行数28行,最小穗行数12行,变异系数

16.47%;其中穗行数28行的DH系2个,穗行数26行的DH系1个,超多穗行数基因型占DH系总数量0.45%、占入选DH系数量2.8%;穗行数28行基因型占DH系总数量0.3%、占入选DH系数量1.9%。

表3 DH系群穗行数特征值

组合	入选DH系数量	入选率(%)	穗行数			穗行数≥26的DH系数量	变异系数(%)
			平均值	最大值	最小值		
15D969×PH4CV	107	15.9	19.0	28	12	3	16.47
15D969×PHB1M	2	7.7	20.0	20	20	0	
PHB1M×15D969	6	9.4	19.0	22	16	0	11.04
15D969×A6	8	11.6	24.8	30	20	5	14.92

统计数据显示,DH系15D969穗行数平均值26行、最大值32行、最小值20行;自交系PH4CV穗行数平均值16行、最大值18行、最小值14行。由此可见,杂交组合材料15D969×PH4CV DH系群体穗行数平均值介于双亲之间,低于双亲平均值2行;穗行数最大值介于双亲之间,高于双亲最大值平均数3行;穗行数最小值低于低穗行亲本最小值2行。上述结果表明DH系群体穗行数遗传分布属于加、显遗传模型,总体偏向低穗行数趋势,存在超多穗行数基因型。说明控制DH系15D969超多穗行数多基因群连锁比较紧密,具有较完整功能性和较强遗传表达。

回交组合材料(15D969×PHB1M)DH系选择后数量为2个,占种植数量(26份)的7.7%;穗行数平均值20行,低于双亲穗行数(15D969:26行,PHB1M:16行)平均值1行。

回交组合材料(PHB1M×15D969)DH系选择后数量为6个,占种植数量(64份)9.4%;平均穗行数19行,低于双亲穗行数平均值2行;最大穗行数22行,低于双亲穗行数最大值(PHB1M:18行,15D969:32行)平均数3行,比低穗行亲本最大值多4行;最小穗行数16行,低于双亲穗行数最小值(PHB1M:14行,15D969:20行)平均数1行,比低穗行亲本最小值多2行。

上述2个正反交回交组合材料DH系群体中超多穗行数基因型均没有表达,表现低穗行数遗传。主要原因是其 F_1 具有75%低穗行数基因(PHB1M),

在减数分裂基因分离与重组时,超多穗行数连锁基因群被部分或全部抵消,超多穗行数基因群整体功能性被削弱,超多穗行数基因型效应难以表达。再则可能是单倍体育种规模不够大。

回交组合材料(15D969×A6)DH系选择后数量为8个,占种植数量(69份)11.6%;平均穗行数24.8行,比双亲(15D969:26行,A6:22行)平均值多0.8行;最大穗行数30行,比双亲穗行数最大值(15D969:32行,A6:26行)平均数多1行,比高穗行亲本最大值低2行;最小穗行数20行,与双亲一致。穗行数变异系数14.92%。DH系群体中穗行数30行DH系1个、穗行数28行DH系1个、穗行数26行DH系3个,超多穗行数基因型占DH系总数量7.2%,占入选DH系数量62.5%。穗行数30行基因型占DH系总数量1.4%。

可见,该回交组合材料DH系群穗行数遗传为高穗行数遗传特征,超多穗行数基因群整体功能性得到保持或加强,DH系群体中超多穗行数基因型得到较好表达。主要原因是其 F_1 具有75%高穗行数基因(A6),在减数分裂基因分离与重组时,超多穗行数连锁基因群得以保持或加强,超多穗行数基因群整体功能性得以正常发挥,超多穗行数基因型获得概率就高。

3 结论与讨论

通化市农业科学研究院自2012年开始参加吉林省农业科学院玉米研究所主持的“玉米单倍体规模化育种技术研究与示范”项目,本研究是该项目

外源施加多胺对提高玉米种子耐冷性的研究

王成¹ 李月明¹ 郝楠¹ 白添²

(¹辽宁省农业科学院玉米研究所,沈阳 110161;²辽宁省东北育才超常教育实验部,沈阳 110161)

摘要:以玉米耐冷自交系辽 2386 和冷敏感自交系辽 6082 为材料,研究了以外源施加精胺(Spm)和亚精胺(Spd)作为引发病,对玉米种子吸胀中的耐冷性、发芽能力和苗期生物量的影响,探讨利用外源多胺缓解玉米低温胁迫的相关机制。结果表明,种子经 Spd 和 Spm 引发低温(5℃)吸胀后,辽 6082 发芽率为 93%,和引发前相比显著提高了 12%,且苗高显著提高了 44.62%,苗鲜重显著增加了 26.76%。同时,Spd 和 Spm 引发提高了低温胁迫期间两自交系胚中超氧化物歧化酶(SOD)和过氧化物酶(POD)的活性,降低了丙二醛(MDA)的含量。自交系辽 2386 在种子吸胀期间的耐冷性强于辽 6082,而不同自交系、不同器官对多胺敏感性不同。总之,Spd 和 Spm 处理能提高玉米种子吸胀期间的耐冷性,提高低温胁迫下种子的抗氧化能力和发芽能力。

关键词:多胺;玉米自交系;低温胁迫;发芽;抗氧化酶

玉米是温度敏感性作物,在种子吸胀期间如遇低温,极易发生吸胀冷害,造成后期成苗率显著下降,使玉米大幅减产^[1]。当植物遭遇低温胁迫时,细胞内会积累大量的氧自由基,细胞膜透性增大,造成

基金项目:辽宁省博士启动基金(20170520433);国家自然科学基金青年基金(31701441)

后继研究专题,主要是针对 PH6WC 等 Reid 系有较强配合力的父本系(Lancaster)组配基础材料,进行单倍体育种,以提高育种效率。本研究所获得的 DH 系均为父本系,与以 PH6WC 等 Reid 系为母本系组配杂交种,理论上将有良好育种效果。

在 DH 系群体田间综合鉴定方面,杂交组合材料(15D969×PH4CV)3 个超多穗行数 DH 系和回交组合材料(15D969×A6)5 个超多穗行数 DH 系,均兼有良好的抗病性、株型、果穗性状,说明超多穗行数基因型与优良农艺性状是可兼顾的。

在单倍体自交结实率方面,杂交组合材料(15D969×PH4CV)高于回交组合材料,说明杂交组合材料单倍体群拥有较多优良发育基因,107 份 DH 系应该具备更高配合力的潜力。

在超多穗行数基因型表达概率方面,回交组合材料(15D969×A6)超多穗行数基因型占 DH 系总数量 7.2%,穗行数 30 行基因型占 DH 系总数量 1.4%。穗行数 30 行基因型得以重现,说明决定超多穗行数

氧化胁迫伤害^[2]。多胺被认为是植物体内的生长调节物质,是一类具有生物活性的低分子量脂肪族含氮碱的总称,最常见的包括精胺(Spm,spermine)、亚精胺(Spd,spermidine)和腐胺(Put,putrescine),具有调节植物生长发育和响应逆境胁迫尤其是减少氧化胁迫伤害等作用^[3-6]。Kamiah 等^[7]研究表明,当

基因群具有一定程度整体功能性和可遗传性。

杂交组合材料(15D969×PH4CV)超多穗行数基因型占 DH 系总数量 0.45%,穗行数 28 行基因型占 DH 系总数量 0.3%,比张铭堂等^[5]研究的玉米花粉化学诱变隐性基因突变率高 0.14%~0.2%,说明玉米单倍体育种在挖掘稀有种质资源方面具有重要现实意义。

参考文献

- [1] 李忠南,王越人,郭生辉,曲海涛,许正学,李光发.玉米超多穗行数 DH 系 15D969 的发现.中国种业,2018(2):68-70
- [2] 吴鹏昊,任姣姣,田小龙,刘晨旭,刘文欣,陈绍江.玉米单倍体自然加倍若干问题探讨.玉米科学,2016,24(4):7-11
- [3] 李忠南,王越人,郭生辉,曲海涛,许正学,李光发.玉米红白单倍体育种选择效应研究.作物杂志,2017(5):61-65
- [4] Zhang M T, Edward H. Doubled haploids. Biotechnology in Agriculture and Forestry, 2009, 63: 127-142
- [5] 张铭堂,才卓.美国玉米诱变(花粉 EMS)育种的商业化实施典例.玉米科学,2017,25(3):19-22

(收稿日期:2019-04-10)