

文章编号 :1003-8701(2009)04-0001-03

玉米作图群体主要穗部性状的研究

刘小红

(西华师范大学生命科学学院,四川南充 637002)

摘要:本研究调查了玉米自交系 Mo17、黄早 4 及由这两个材料构建的 F₂ 代重组自交系(Recombinant inbred line, RIL)群体的穗粗、穗长、轴粗和穗重共 4 个穗部性状,对这 4 个性状在群体中的表现用 SPSS11.5 软件作了描述性统计和相关分析,并构建了频数分布图。该结果为控制这 4 个性状的数量性状位点(Quantitative trait locus, QTL)的作图研究提供了田间表型数据。

关键词:玉米;重组自交系;穗部性状

中图分类号:S513

文献标识码:A

Studies on Main Ear Characters of Maize RIL Population

LIU Xiao-hong

(College of Life Sciences, China West Normal University of Sichuan Province, Nanchong 637002, China)

Abstract: Ear diameter, ear length, axis diameter and ear weight of maize (*Zea mays* L.) inbred lines 'Mo17', 'Huangzao 4' and the F₂ Recombinant Inbred Line (RIL) population derived from the cross between 'Mo17' and 'Huangzao 4' were investigated. According to the data of the RIL population, descriptive statistics, correlation analysis and frequency distribution graphs of the four ear characters were performed with SPSS11.5 software. The results provided the phenotypic data for quantitative trait locus (QTL) mapping of the four ear characters.

Keywords: Maize (*Zea mays* L.); Recombinant inbred line (RIL); Ear characters

数量性状位点 (Quantitative trait locus, QTL) 定位研究首先要获得一个分离群体,分离群体包括多种类型,目前在玉米最常用的是 F₂ 和回交群体,这种群体不能持续提供用于图谱构建的 DNA 和表型性状调查的植株,因而不能连续使用^[1]。而对于重组自交系(Recombinant inbred line, RIL)群体,因为每个个体都是纯合的,所以是一个永久性分离群体,可在不同时间不同地点连续使用^[2]。目前,国内外利用 RIL 群体进行图谱构建或 QTL 作图研究的作物主要集中在水稻、大豆、小麦等少数作物^[3-5],而在玉米中利用 RIL 群体进行图谱构建和 QTL 作图的研究较少^[6-8]。

玉米穗部性状的选择是玉米育种目标的重要

组成部分,直接与产量相关。目前,关于穗部性状遗传规律的研究,由于选用玉米材料和研究环境等因素不同,结果不尽一致^[8-9]。因此,本研究在由优良亲本自交系 Mo17 和黄早 4 构建的 F₂ 代 RIL 群体的基础上,对亲本及群体的穗粗、穗长、轴粗和穗重等 4 个穗部性状作了调查研究,目的是为玉米穗部主要性状的 QTL 定位分析和分子标记辅助育种提供依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

玉米优良亲本自交系 Mo17、黄早 4 和利用这两个亲本材料构建的包含 221 份 F₂ 代 RIL 的分离群体。

1.2 试验方法

2006 年春在山西省忻州市播种亲本 Mo17、黄早 4 和 221 份 RILs。田间试验按随机区组设

收稿日期:2009-03-03

基金项目:四川省教育厅资助科研项目(08ZA020)

作者简介:刘小红(1975-),男,副教授,主要从事玉米遗传育种研究。

计,6次重复,单行区,行长6 m,行距0.6 m,株距0.3 m,单株种植,每行种20株。调查每一行中间10个玉米植株的穗粗、穗长、轴粗和穗重共4个穗部性状。每份材料共调查60株,求其平均值。利用SPSS11.5软件(www.SPSS.com)对该RIL群体的几个性状作描述性统计和相关分析,并绘制频数分布图。统计参数包括:平均值、标准差、偏度、峰度、最小值、最大值及变异系数,相关分析时计算Pearson相关系数,选用T测验中的两尾法评价性状间的相互关系。

表2 RIL群体穗部性状的描述性统计

性状	平均值	标准差	偏度	峰度	最小值	最大值	变异系数(%)
穗粗(cm)	3.87	0.34	-0.06	0.92	2.87	5.09	8.79
穗长(cm)	13.07	2.32	0.18	0.20	6.03	19.36	17.75
轴粗(cm)	2.75	0.25	0.30	1.41	1.95	3.66	9.09
穗重(g)	71.49	22.67	0.45	0.16	12.40	166.93	31.71

性状,Mo17又高于黄早4。在群体中,4个性状在不同RIL间的变幅较大,穗粗为2.22 cm,穗长为13.33 cm,轴粗为1.71 cm,穗重为154.53 g。对4

2 结果与分析

2.1 穗部性状的描述性统计

表1 亲本穗部性状的描述性统计

亲本	穗粗(cm)	穗长(cm)	轴粗(cm)	穗重(g)
Mo17	3.69	11.73	2.56	71.22
黄早4	4.02	10.66	2.84	56.43

田间对亲本株高测定结果显示,两个亲本的4个穗部性状的平均值如表1所示,Mo17和黄早4在这4个性状上均存在较大差异,对于穗粗和轴粗,黄早4高于Mo17;但对于穗长和穗重两个

个性状的描述性统计结果如表1所示。

2.2 RIL群体株型性状的频数分布和相关分析

基于RIL群体中的4个穗部性状,利用SPSS

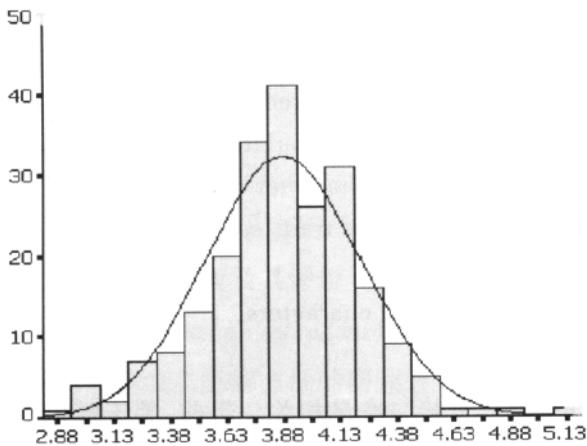


图1 RIL群体穗粗性状的频数分布

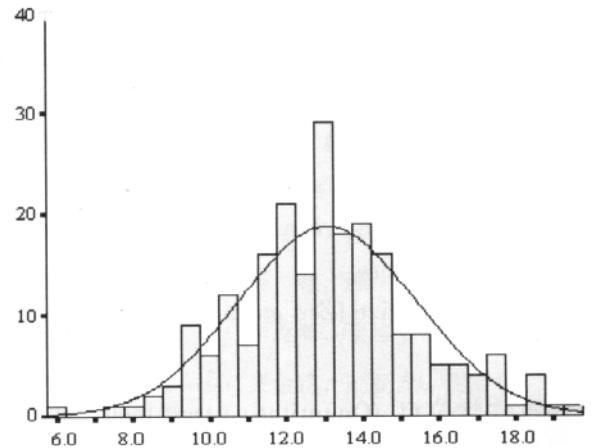


图2 RIL群体穗长性状的频数分布

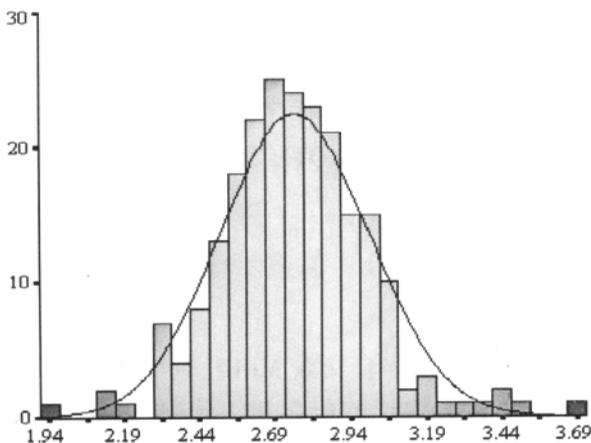


图3 RIL群体轴粗性状的频数分布

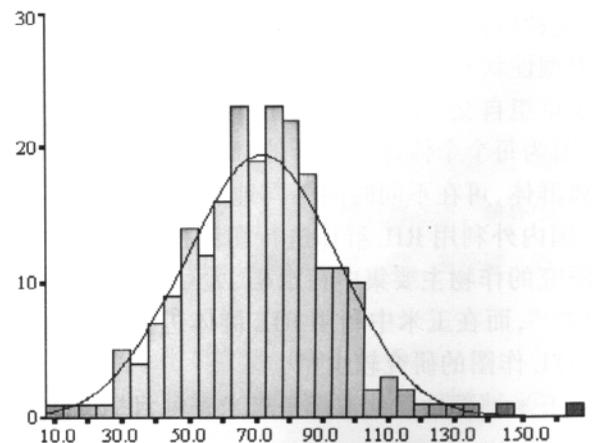


图4 RIL群体穗重性状的频数分布

11.5软件绘制频数分布图,结果如图1-4所示(横坐标为RIL的性状平均值,纵坐标为RIL数)。由

这4个图可见,4个性状在群体中的观测值基本符合正态分布,暗示这4个性状均为多基因控制

的数量性状。

2.3 不同性状间的相关性分析

根据群体中 221 个 RIL 的 4 个穗部性状平均值,计算性状间的相关系数,结果如表 3 所示。表现为极显著正相关的有穗长与穗粗、穗长与穗重、穗粗与轴粗、穗粗与穗重及轴粗与穗重。穗长和轴粗两个性状则表现为显著正相关。

表 3 4 个穗部性状间的相关性分析

	穗粗	轴粗	穗重
穗长	0.212(**)	0.153(*)	0.711(**)
穗粗		0.561(**)	0.521(**)
轴粗			0.336(**)

** 相关程度达极显著, * 相关程度达显著。

3 结 论

3.1 两个亲本在 4 个穗部性状方面表现出不同程度的差异。

3.2 该 RIL 群体中不同 RIL 在 4 个穗部性状上均呈现连续变异,且与正态分布曲线拟合较好。

3.3 该 RIL 群体中穗长与穗粗、穗长与穗重、穗粗与轴粗、穗粗与穗重及轴粗与穗重表现为极显著正相关,穗长和轴粗表现为显著正相关。

3.4 该测定结果可用于穗粗、穗长、轴粗和穗重等 4 个穗部性状的 QTL 作图分析。

参考文献:

[1] Pilet ML, Duplan G, Archipiano M, et al. Stability of QTL for

field resistance to blackleg across two genetic backgrounds in Oilseed Rape [J]. *Crop Sci*, 2001, 41:197-205 .

[2] Wan X, Weng J, Zhai H, et al. Quantitative trait loci (QTL) analysis for rice grain width and fine mapping of an identified QTL allele gw-5 in a recombination hotspot region on chromosome 5 [J]. *Genetics*, 2008, 179(4):2239-2252.

[3] Sirithunya P, Tragoonrung S, Vanavichit A, et al. Quantitative trait loci associated with leaf and neck blast resistance in recombinant inbred line population of rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *DNA Res*, 2002, 9(3):79-88 .

[4] Fu S, Zhan Y, Zhi H, et al. Mapping of SMV resistance gene Rsc-7 by SSR markers in soybean [J]. *Genetica*, 2006, 128 (1-3):63-69.

[5] Ma Z, Zhao D, Zhang Z, et al. Molecular genetic analysis of five spike-related traits in wheat using RIL and immortalized F2 populations [J]. *Mol Genet Genomics*, 2007, 277(1):31-42 .

[6] Ordas B, Malvar RA, Hill WG. Genetic variation and quantitative trait loci associated with developmental stability and the environmental correlation between traits in maize [J]. *Genet Res*, 2008, 90(5):385-395 .

[7] Ding JQ, Wang XM, Chander S, Li JS. Identification of QTL for maize resistance to common smut by using recombinant inbred lines developed from the Chinese hybrid Yuyu22[J]. *J Appl Genet*, 2008, 49(2):147-154 .

[8] 吕学高,蔡一林,陈天青,等. 玉米穗部性状 QTL 定位[J]. *西南大学学报(自然科学版)*, 2008, 30(2):64-70 .

[9] 谢惠玲,冯晓曦,吴欣,等. 玉米穗部性状的 QTL 分析[J]. *河南农业大学学报*, 2008, 42(2):145-149 .