

基于 SNP 芯片的玉米黄改系遗传基础研究

王 阳, 侯佳明, 李继洪, 陈冰嫻, 高 鸣, 胡喜连, 李淑杰, 高士杰
(吉林省农业科学院作物资源研究所, 吉林 公主岭 136100)

摘 要:本研究采用 SNP3K 芯片对亲本黄早四和 14 份黄改系材料进行遗传基础分析。结果表明: 14 个黄改系与黄早四的相似度比例在 90.1% ~ 98.0% 之间。黄改系已达到纯合状态, 可以认定黄改系是黄早四的近等基因系。14 个黄改系在 10 条染色体上的相似度在 88.3% ~ 97.9% 之间。黄改系在形成的过程中主要在染色体两端进行杂合, 属于易变、敏感区域。

关键词:玉米; SNP 芯片; 黄改系

中图分类号: S513

文献标识码: A

文章编号: 1003-8701(2016)04-0005-03

Research on Genetic Basis of Maize Huanggaixi Lines Based on SNP Chips

WANG Yang, HOU Jiaming, LI Jihong, CHEN Bingru, GAO Ming, HU Xilian, LI Shujie, Gao Shijie

(Crop Germplasm Research Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100, China)

Abstract: The genetic basis of inbred line Huangzaosi and 14 Huanggaixi lines were analyzed by SNP Chips. Results showed that the similarity among inbred line Huangzaosi and 14 Huanggaixi lines was 90.1%–98.0%. The Huanggaixi lines had reached homozygous condition. Huanggaixi lines can be considered near-isogenic lines of inbred Huangzaosi. The similarity of 14 Huanggaixi lines in ten chromosomes was 88.3%–97.9%. In the process of breeding Huanggaixi lines, hybridity occurred on the ends of chromosomes where it was mutable and sensitive areas.

Key words: Maize; SNP Chips; Huanggaixi Lines

黄早四及其衍生自交系材料属于塘四平头类群, 是我国重要的骨干自交系类群之一。据不完全统计, 黄早四衍生自交系至少 70 个, 组配的杂交种至少 81 个, 推广面积 4 000 万 hm^2 以上^[1]。坚持黄早四衍生系的研究, 有助于获得更多性状优于黄早四的创新材料, 为育种提供优异的自交系材料。在创制黄改系的同时, 对黄改系进行精准鉴定也是重要研究方向, 有助于全面了解黄改系的特性, 更为育种者提供有效利用信息。其中基因型的鉴定是精准鉴定的重要工作之一。前人多采用 SSR (Simple Sequence Repeats, 简单重复序列) 对材料进行基因型鉴定, 随着 SNP (Single Nucleotide Polymorphism,

单核苷酸多态性) 芯片技术的迅速发展和应用, 采用高通量的 SNP 芯片技术对创新材料进行基因型鉴定和分析成为一项新的研究方法。本研究采用 SNP 芯片技术对黄早四和创新黄改系材料进行基因型鉴定, 旨在快速、高效地鉴定材料的遗传背景和特点。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

在前期研究材料基础上^[2], 2011 ~ 2014 年连续自交获得 BC_2F_7 代遗传背景纯合的黄改系材料

表 1 14 份黄改系材料的亲本来源名称

材料名称	亲本来源	材料名称	亲本来源	材料名称	亲本来源
HGX2	农大 178	HGX15	赤 545	HGX20	M9
HGX3	郑 58	HGX16	齐 410	HGX22	030-1
HGX7	承 435	HGX17	矮 154	HGX23	美爆
HGX8	承北 711	HGX18	郑白 11	HGX24	武 306
HGX13	社矮 16	HGX19	79131		

收稿日期: 2016-03-18

基金项目: 吉林省科技厅自然科学基金项目(20130101079JC); 吉林省农业科技创新工程自由创新性研究(吉财预[2014]65号); 教育部留学回国人员科研启动基金(教外司留[2015]1098号)

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。

14份,自交系黄早四作为试验对照材料(见表1)。

1.2 试验方法

1.2.1 采集叶片

在玉米长至5~6片叶时,取10株材料的嫩叶部分等面积混合取样。

1.2.2 提取DNA

采用CTAB法进行DNA提取,纯化^[3-4]。

1.2.3 芯片技术

采用中国农业大学玉米研究中心研发的3072个SNP的芯片,对材料进行检测。

1.3 数据分析

采用GGT2.0软件进行基因型分析和作图^[5]。

2 结果与分析

2.1 黄改系材料与黄早四在10条染色体上的重复片段遗传特点

在SNP芯片上共计3072个SNP,平均分布在10条染色体上,其中154个SNP在黄早四上表现为无信号,故认为是无效标记,有效的SNP共2 918个。

设定黄改系的SNP基因型与黄早四的SNP基因型一致的为A,与黄早四的SNP基因型不同的为B,以此为基础计算黄改系在10条染色体上的相似度比例。14个黄改系与黄早四的相似度比例在90.1%~98.0%之间。表明黄改系已达到纯合状态,可以认定黄改系是黄早四的近等基因系。其中HGX16、HGX19分别在第6条染色体上与黄早四完全一致,HGX23在第3和第9条染色体上与黄早四完全一致。HGX18在第9和第10条染色体上与黄早四完全一致。HGX7和HGX17分别在第2和第3条染色体上与黄早四完全一致。HGX3在第4条染色体上与黄早四完全一致。

14个黄改系在10条染色体上的相似度在88.3%~97.9%之间(表2)。14个黄改系在第10条染色体上与黄早四的相似度最高,达到97.9%。第2和第8条染色体上与黄早四的相似度达到95.7%和96.1%。而在第5条染色体上与黄早四的相似度最低,只有88.3%。

表2 黄早四及黄改系在10条染色体上的相似度比例

	Chr1	Chr2	Chr3	Chr4	Chr5	Chr6	Chr7	Chr8	Chr9	Chr10	总计
黄早四	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
HGX13	87.7	87.2	98.1	73.9	97.2	99.4	67.1	99.1	97.9	99.7	90.1
HGX19	95.8	99.7	99.9	97.5	68.7	100.0	99.2	99.0	97.9	96.6	95.3
HGX23	92.7	99.7	100.0	96.2	76.5	97.6	99.4	99.5	100.0	95.8	95.5
HGX24	89.0	99.9	99.9	94.0	89.4	89.6	98.7	97.5	98.9	98.9	95.4
HGX15	80.3	98.4	98.2	90.1	99.0	99.9	67.9	73.1	98.5	98.9	90.3
HGX18	99.5	99.7	99.3	99.1	99.7	78.4	65.4	90.4	100.0	100.0	94.5
HGX7	95.4	100.0	100.0	98.9	81.8	97.3	99.8	98.5	98.6	98.2	96.6
HGX16	76.7	95.8	80.8	92.5	99.2	100.0	91.2	98.8	99.0	97.9	91.5
HGX2	98.1	88.5	97.3	89.9	90.6	93.6	99.3	98.9	64.0	94.2	92.0
HGX17	92.5	100.0	100.0	99.3	94.5	98.9	99.1	99.0	99.8	98.6	98.0
HGX20	98.0	99.4	99.6	91.8	98.2	97.4	91.7	99.4	50.6	95.8	93.5
HGX3	97.8	95.7	97.2	100.0	87.3	87.1	84.5	99.7	97.7	99.0	94.8
HGX8	99.7	83.8	81.3	99.7	64.1	92.0	98.3	94.8	97.4	98.2	90.8
HGX22	97.6	91.8	74.2	88.3	90.2	93.3	98.8	98.3	99.5	98.8	92.7
平均值	92.9	95.7	94.7	93.7	88.3	94.6	90.0	96.1	92.8	97.9	

2.2 利用GGT软件对黄改系和黄早四材料进行导入片段的分析

在2.1的分析中表明黄改系的材料与黄早四的相似度达到90%以上,但从图1看出,不同黄改系在染色体上的导入片段比例不同。第5条染色体上的导入片段最多,其中HGX3、HGX7、HGX8、HGX19、HGX23、HGX24导入片段最多。而第2、第3、第6、第8和第10条染色体上导入片段最少。

2.3 黄改系材料的导入片段分布趋势

黄改系的导入片段多集中在染色体的两端。例如:14个黄改系在第2条染色体上的导入片段均出现在染色体的两端,而染色体的中间部分均与黄早四一致(见图2)。表明黄改系在形成的过程中主要在染色体两端进行杂合,属于易变、敏感区域。而在其他染色体上大部分的导入片段也主要集中在染色体两端。

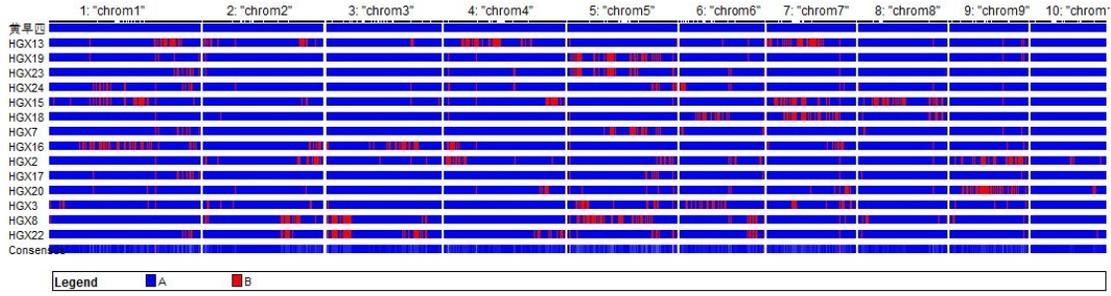


图1 基于 SNP3K 芯片的黄早四和黄改系的遗传基础示意图

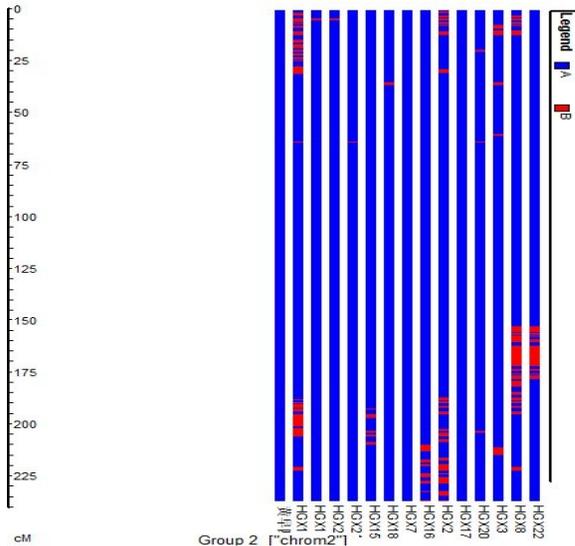


图2 黄早四和黄改系在第2条染色体上的遗传基础示意图

3 讨 论

3.1 SSR 引物与 SNP 芯片的对比

通常对材料的遗传分析采用 SSR 引物是 100 ~ 200 个,而 SNP 芯片的 SNP 数量是在 3 000 左右,所以对材料的分析密度是 SSR 引物的分析密度的 10 倍。

通常 SSR 要做 10 个材料的 100 个引物需要 10 ~ 15 个工作日。而 SNP 芯片的工作只需要一个工作日。如果材料更多的话,SNP 芯片的优势更加明显,而且基本不需要人工去操作实验,避免人为操作的误差。

3.2 材料的分析

在笔者之前的研究中,采用 34 对 SSR 分析 13 个黄改系材料的遗传基础,鉴定黄改系为亲本黄早四的导入系材料^[6]。而在本研究中,采用 SNP 芯片对材料的分析比 SSR 的结果更加精准。

在前人的研究中,采用玉米 SNP50 芯片对 367 个玉米自交系进行遗传基础分析^[7],研究表明 1 015 个 SNP 能够有效地分析资源材料,发现塘四平头类群的材料具有一定的保守区域。因此在本研究中采用 3K SNP 芯片能够省钱、有效地对试验材料进行遗传基础研究。在本研究中也发现部分区域是黄改系材料的保守区域,也将在后续研究中进行深入研究。

参考文献:

- [1] 黎 裕,王天宇.我国玉米育种种质基础与骨干亲本的形成[J].玉米科学,2010,18(5):1-8.
- [2] 王 阳,任 英,韩喜国,等.玉米黄改系耐旱性材料筛选与鉴定方法研究[J].玉米科学,2013,21(3):13-18.
- [3] 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.
- [4] 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.
- [5] Van Berloo R. GGT 2.0: versatile software for visualization and analysis of genetic data[J].The Journal of heredity, 2008, 99(2): 232-236.
- [6] 王 阳,高士杰.玉米黄改系材料遗传基础研究[J].吉林农业科学,2013,38(3):6-8,18.
- [7] Xun Wu, Yongxiang Li, Yunsu Shi, et.al. Fine genetic characterization of elite maize germplasm using high through put SNP genotyping[J]. Theor Appl Genet, 2014(127): 621 - 631.

(责任编辑:王 昱)