

36份糯玉米骨干系类群划分及杂优模式预估

王薪淇¹, 卢实¹, 李穆¹, 董亚琳¹, 孟令聪¹, 王敏², 路明^{1*}

(1. 吉林省农业科学院/玉米国家工程实验室(长春)/国家玉米工程技术研究中心(吉林)/农业农村部东北中部玉米生物学与遗传育种重点实验室/吉林省农作物育种南繁基地开放实验室, 长春 130033; 2. 吉林吉农高新技术发展股份有限公司, 吉林 公主岭 136100)

摘要:为进一步明确不同糯玉米自交系遗传基础及亲缘关系并预估杂优模式,本研究选取36份糯玉米骨干自交系,采用基于多重PCR技术的1K SNP进行基因分型,结果表明:36份糯玉米骨干系被划分为4个类群(A、B、C、D),通过建立以垦粘1号等品种为参照的模拟双亲模型,预估了WX8×Nuo2、WX19×Nuo1等多种杂优模式,为糯玉米育种提供了方向。

关键词:糯玉米; 1K SNP; 类群划分; 杂种优势

中图分类号: S513

文献标识码: A

文章编号: 2096-5877(2020)06-0001-04

Grouping of 36 Backbone Waxy Maize Inbred Lines and Prediction of Heterosis Model

WANG Xinqi¹, LU Shi¹, LI Mu¹, DONG Yalin¹, MENG Lingcong¹, WANG Min², LU Ming^{1*}

(1. Jilin Academy of Agricultural Sciences/National Engineering Laboratory For Maize(Changchun)/National Engineering Research Center for Maize(Jilin)/Key Laboratory Biology and Genetic Improvement of Maize in Northeast Region, Ministry of Agriculture/Jilin Provincial Open Laboratory of Crop Breeding in Hainan Base, Changchun 130033; 2. Jilin Jinong Hi-tech Development Co., Ltd., Gongzhuling 136100, China)

Abstract: To further clarify the genetic basis and phylogenetic relationships of different waxy maize inbred lines and to predict heterosis models, this study selected 36 waxy maize backbone inbred lines and genotyped by 1K SNP based on multiplex PCR technology. The results showed that 36 waxy maize were divided into 4 groups (A, B, C, D). By establishing a simulated parent model based on Kennian 1 and other varieties, better hybrid models such as WX8 × Nuo2, WX19 × Nuo1 are estimated to provide clear direction for waxy maize breeding practice.

Key words: Waxy maize; 1K SNP; Group classification; Heterosis

经过数百年的自然变异、人为改良,玉米被驯化为不同的地方种质或育种群体,了解玉米种质血缘信息,有助于育种家分类育种材料和制定育种计划。近年来,基于分子标记技术的类群划分方法因高效、准确等优势迅速取代了传统的经验分群法^[1-2],预估不同类群间的杂种优势模式极大地指导着杂交组配环节,根据以往市场主推品种的组配模式,育种家们总结了类似于 Iodent/旅大红骨^[3]、P群/唐四平头^[4]、国外血缘×旅黄改模式^[5]、改良 Reid×旅大红骨^[6]等多种杂优模式,并在实践

中得到充分应用。然而,目前关于糯玉米的遗传基础和类群划分等相关研究仍然较少,直接原因是市场需求与育种投入之间的矛盾,但随着近几年鲜食玉米产业的快速发展,现代育种技术开始被重视和应用^[7],本研究选取近年来特用玉米研究团队引入及创制的36份糯玉米骨干自交系,利用1K SNP分子标记对其进行基因分型,旨在通过低成本且效率高的分子标记技术对现有的糯玉米核心育种资源进行分类,用以揭示和验证前期选育材料亲缘归属及指导后续种质改良和杂交组配方向。

1 材料与方 法

1.1 供试材料

本研究选取本单位36份外引及自主改良的糯玉米骨干系,参试材料名称及来源见表1。

收稿日期: 2019-09-17

基金项目: 吉林省农业科学院创新工程项目(C92071513); 吉林省农业科技创新工程项目-博士后基金(c92071510)

作者简介: 王薪淇(1989-),男,助理研究员,博士,研究方向:特用玉米育种。

通讯作者: 路明,男,博士,研究员, E-mail: lum7893@163.com

表1 36份糯玉米自交系名称及血缘

编号	材料名称	来源	粒色	编号	材料名称	来源	粒色
1	JNX1102	吉农糯8号母本	黄	19	JNX2487	吉农糯24号母本	黄
2	JNX6-1	吉农糯7号母本变异株	黄	20	XXHN-1	西星黄糯选系	黄
3	BN2	京科糯2000父本	白	21	HF1	3310/3314选系	白
4	LN8	绿糯8选系	白	22	Nuo2	垦粘1号父本	黄
5	OUYIN N8	欧银糯8选系	白	23	KN1F-D	垦粘1号父本变异株	黄
6	H402-4	自选系	白	24	JNX2402	吉农糯24号父本	黄
7	JKN2008X	京科糯2008选系	白	25	14L2	自选系	黄
8	BNF1-1	白糯品种选系	白	26	61902	自选系	黄
9	BNF1-2	白糯品种选系	白	27	JNX6	吉农糯7号母本	黄
10	Nuo6	京科糯2000母本	白	28	JNX1202	吉农糯14号父本	黄
11	BNF1-3	白糯品种选系	白	29	JNX1107	吉农糯8号父本	黄
12	JNX22	吉农糯7号父本	黄	30	S1Z926	自选系	黄
13	BNF1-4	白糯品种选系	白	31	XXHN-2	西星黄糯选系	黄
14	JIUSUO	外引系	白	32	Nuo1	垦粘1号母本	黄
15	BNSS	吉农糯4号父本	白	33	ZXN1	紫香糯1选系	紫
16	JN2	吉糯2	白	34	WX7	自选系	黄
17	JY/C8605	加工型选系	黄	35	WX8	自选系	紫
18	JNX1201	吉农糯14号母本	黄	36	WX19	自选系	紫

1.2 基因分型及DNA提取

基因分型:本研究应用石家庄市博瑞迪生物技术有限公司GTBS基因分型技术,采取基于GenoPlexs多重PCR手段的1K SNP进行基因分型^[8]。DNA提取:3~4叶期取样本叶片,采用CTAB法^[9]提取基因组DNA用于基因分型。

1.3 统计方法

聚类分析利用HC(层次聚类)法,数据统计利用EXCEL软件进行^[10-11]。

2 结果与分析

2.1 HC聚类分析

试验用到的标记总数是1260个,分别在36个样本中进行分型检测,检测深度>10%的标记为可用标记,每个样本能成功分型的标记数量不一样,最多的样本有1258个,最少的只有1234个,基于层次聚类法的聚类分析结果如图1所示。将36份骨干糯玉米自交系划分为4大类群,A群包含吉农糯7号母本(JNX6)、吉农糯8号母本(JNX1102)和垦粘1号父本(Nuo2)等代表系在内的8个黄糯玉米自交系;B群是以吉农糯7号父本(JNX22)、吉农糯14号父本(JNX1202)、吉农糯24号父本(JNX2402)及垦粘1号母本(Nuo1)为代表的独立分支;类群C包含两个分支,分别是以京科糯2000母本(Nuo6)为代表的白色籽粒亚类和以吉农糯8号父本(JNX1107)为代表的紫色籽粒亚

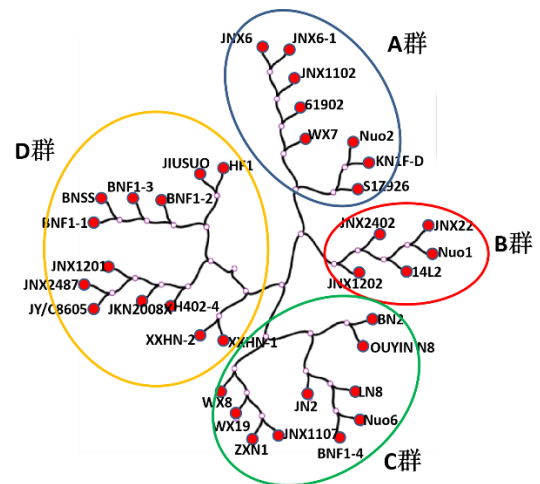


图1 36份糯玉米骨干系基于1K SNP标记的类群划分

类;吉农糯4号父本(BNSS)为代表的亚群和以吉农糯14号母本(JNX1201)、吉农糯24号母本(JNX2487)为代表的亚群共同组成D群。由类群划分结果可知,不同籽粒颜色品系间遗传背景普遍较远,特别是紫色籽粒种质明显归到一类亚群中。值得一提的是,B类群可能是对吉农糯系列糯玉米父本种质的归类,吉农糯鲜食糯玉米母本种质集中于A类群,加工型糯玉米母本种质则集中于D类群的亚群中。

根据前期品种选育经验,结合树状聚类图可知:A群×B群(垦粘1号、吉农糯7号),C群×D群(京科糯2000),A群×C群(吉农糯8号),D群×B

群(吉农糯14号、吉农糯24号)均可形成高杂种优势的杂交组合(品种),也从侧面反映出4个骨干糯玉米种质类群的代表性和基于1K SNP标记分类群的准确性。

2.2 杂种优势模式预估

以垦粘1号(Nuo1×Nuo2)杂优模式为参照,通过36份糯玉米自交系基因位点差异统计分析(表

2)可知:相比于父本Nuo2,自选系WX8、LN8、OUYIN N8相同位点相对较少,分别为113/1 260、34/1 260和41/1 260,即具有较大遗传差异,可预测WX8×Nuo2、LN8×Nuo2、OUYIN N8×Nuo2的杂交模式具有较强杂种优势;WX19与Nuo1相同标记位点较少,与Nuo2相同位点最多,可预测WX19×Nuo1杂交模式具有较强杂种优势。

表2 36份糯玉米自交系参照母本Nuo1及父本Nuo2的基因位点差异统计

样本	杂合	同父	同母	其他	同父母	样本	杂合	同父	同母	其他	同父母
JNX1102	2	239	156	300	563	BNSS	1	185	210	377	487
JNX6-1	2	238	156	301	563	JN2	4	203	185	356	512
BN2	6	196	191	356	511	JY/C8605	2	180	213	393	472
Nuo6	3	209	177	352	519	JNX1201	1	208	186	387	478
Nuo2	0	398	0	130	732	JNX2487	2	186	206	397	469
Nuo1	0	0	398	130	732	XXHN-1	3	205	189	348	515
WX7	13	178	198	257	614	HF1	5	179	209	374	493
WX8	4	196	190	364	506	JNX2402	3	113	278	262	604
WX19	2	200	195	355	508	KN1F-D	2	377	13	151	717
LN8	12	133	248	282	585	JNX22	5	34	354	183	684
OUYIN N8	6	209	177	356	512	14L2	34	41	319	198	668
H402-4	13	209	173	364	501	61902	2	224	166	332	536
JKN2008X	4	199	191	386	480	JN6	2	233	156	311	558
BNF1-1	10	181	202	396	471	JNX1202	7	147	239	300	567
BNF1-2	1	194	202	384	479	JNX1107	4	216	171	330	539
BNF1-3	7	175	213	390	475	S1Z926	6	218	172	301	563
BNF1-4	4	213	169	344	530	XXHN-2	2	227	165	329	537
JIUSUO	3	196	189	393	479	ZXN1	5	217	171	335	532

以京科糯2000(Nuo6×BN2)杂优模式为参照,通过36份糯玉米自交系基因位点差异统计分析(表3)可知:相比于父本BN2,自选系BNF1-4相同位点最少,为11/1 260,但相比于母本而言,并

未发现具有显著遗传差异的自交系,即在京科糯2000的杂优模式下,可预测BNF1-4×BN2的组合方式具有较强杂种优势。

表3 36份糯玉米自交系参照母本Nuo6及父本BN2的基因位点差异统计

样本	杂合	同父	同母	其他	同父母	样本	杂合	同父	同母	其他	同父母
JNX1102	4	143	248	313	552	BNSS	0	208	186	326	540
JNX6-1	4	143	248	315	550	JN2	6	147	238	291	578
BN2	0	395	0	130	735	JY/C8605	3	176	213	354	514
Nuo6	0	0	395	130	735	JNX1201	2	189	201	373	495
Nuo2	1	178	209	344	528	JNX2487	3	187	203	376	491
Nuo1	4	192	194	359	511	XXHN-1	7	196	191	342	524
WX7	13	155	221	346	525	HF1	5	201	185	371	498
WX8	3	170	217	338	532	JNX2402	4	153	234	338	531
WX19	6	197	187	351	519	KN1F-D	2	178	204	350	526
LN8	7	132	251	299	571	JNX22	8	180	200	369	503
OUYIN N8	9	213	172	143	723	14L2	24	176	190	385	485
H402-4	10	173	209	405	463	61902	2	151	240	326	541
JKN2008X	7	177	206	361	509	JN6	5	140	247	323	545

续表 3

样本	杂合	同父	同母	其他	同父母	样本	杂合	同父	同母	其他	同父母
BNF1-1	14	182	198	346	520	JNX1202	5	180	204	374	497
BNF1-2	3	200	192	359	506	JNX1107	3	150	239	302	566
BNF1-3	12	183	197	367	501	S1Z926	5	191	191	364	509
BNF1-4	3	11	379	165	702	XXHN-2	3	176	209	319	553
JIUSUO	2	194	193	373	498	ZXN1	6	143	240	334	537

3 讨 论

当前,在经验评判育种材料类群的基础上,借助分子标记手段划分不同来源育种材料的亲缘关系变得尤为重要,在分子层面解析材料类群归属和杂种优势规律可有效理清杂交选育思路^[12-13]。近年来 SSR 分子标记技术、高密度 SNP 分子标记技术等均在糯玉米种质的遗传多样性分析中被应用^[14-15],本研究采用基于多重 PCR 的 1K SNP 分型技术划分类群,可极大程度地吻合供试自选系的选育背景,准确性高,且相比于上述基因分型手段,利用该技术还可有效提升分析效率、节约试验成本。

本研究结果明确了 10 年来吉农糯系列鲜食玉米种质群(A:母本群;B:父本群)及加工型糯玉米种质群(D群)的衍生方向及类群归属趋势;在杂优模式预估方面,除上文提到以垦粘 1 号、京科糯 2000 为杂优模式建立“参照双亲模型”外,本研究还分析了以吉农糯系列品种为参照的多种杂优模式,最终确定 BNF1-4×BN2、XXHN-1×JNX22、JNX6×14L2、JNX1102×OUYIN N8 等鲜食玉米杂优组合模式及 JNX2487/Nuo1、JNX2487/14L2 等加工型糯玉米杂优组合模式,为后续糯玉米育种工作提供明确的双亲选择及杂交组配方向。

参考文献:

- [1] 孙发明,刘兴武,徐艳荣,等.高淀粉玉米种质资源的类群划分、应用与创新[J].吉林农业科学,2006,31(5):24-27.
- [2] 李志彬,刘欣,曾强,等.寒地粳稻指纹图谱的构建及聚类分析[J].东北农业科学,2017,42(4):15-19.
- [3] 姜龙,陈殿元,周岚,等.早熟类 Iodent 种质与我国主要

玉米类群的杂种优势分析[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2020,48(3):75-81.

- [4] 李文才,刘治先,孙琦,等.“PN78599 群×塘四平头群”玉米杂优模式的利用及连续改良[J].山东农业科学,2019,51(6):31-34.
- [5] 张洋,王金君,王延波.十二五期间辽宁省玉米种质基础及杂优模式分析[J].辽宁农业科学,2016(5):33-36.
- [6] 刘旭,何晶,高洪敏,等.改良 Reid×旅大红骨杂优模式在辽宁省玉米育种中的应用[J].中国种业,2010(1):20-21.
- [7] 马鹏,王国琴,谷静丛.101 份糯玉米自交系的遗传多样性[J].贵州农业科学,2014,42(12):23-26.
- [8] Guo Z, Wang H, Tao J, et al. Development of multiple SNP marker panels affordable to breeders through genotyping by target sequencing (GBTS) in maize[J]. Molecular Breeding, 2019, 39(3): 37.
- [9] 王伟,杨文鹏,关琦,等.SSR 分子标记技术操作规程的优化[J].安徽农业科学,2008,36(11):4459-4464,4493.
- [10] 唐启义,冯明光.实用统计分析及其 DPS 数据处理系统[M].北京:科学技术出版社,2002:304-311.
- [11] Watari R, Osis S T, Phinyomark A, et al. Runners with Patellofemoral Pain Demonstrate Sub-Groups of Pelvic Acceleration Profiles Using Hierarchical Cluster Analysis: An Exploratory Cross Sectional Study[J]. BMC Musculoskeletal Disorders, 2018, 19(1):120.
- [12] 赵久然,李春辉,宋伟,等.利用 SSR 标记解析京科 968 等系列玉米品种的杂优模式[J].玉米科学,2017,25(5):1-8.
- [13] 赵文明,王森,陈艳萍,等.基于 60 个核心 SSR 标记的糯玉米自交系遗传多样性分析[J].江西农业学报,2018,30(12):1-8.
- [14] 卢媛,艾为大,韩晴,等.糯玉米自交系 SSR 标记遗传多样性及群体遗传结构分析[J].作物学报,2019,45(2):214-224.
- [15] 史亚兴,卢柏山,宋伟,等.基于 SNP 标记技术的糯玉米种质遗传多样性分析[J].华北农学报,2015,30(3):77-82.

(责任编辑:刘洪霞)