

文章编号: 1005-0906(2005)04-0102-03

两种供氮水平下玉米穗长 QTL 定位分析

郑祖平^{1,2}, 何川², 李钟², 黄玉碧¹

(1.四川农业大学, 四川 雅安 625014; 2.四川省南充市农科所, 四川 南充 637000)

摘要: 在玉米(Mo17/黄早四)RIL 群体中,应用 SSR 分子标记连锁图谱,运用 Win QTL cartographer v2.0 对两种供氮水平下的穗长性状进行 QTL 定位分析。结果表明,在高氮水平下检测到 1 个控制穗长的 QTL,位于第 1 染色体上;在低氮水平下检测到 4 个穗长 QTLs,第 1 和第 5 染色体上各 2 个,说明穗长 QTLs 与供氮水平之间可能存在交互效应。基于这种互作效应及研究中观察到的两个供试亲本对低氮胁迫的耐性差异,推测仅在低氮水平下检测到的穗长 QTLs 可能与玉米对低氮胁迫耐性有一定的关联。

关键词: 玉米;穗长;QTL 分析;供氮水平

中图分类号: S513.062

文献标识码: A

Detecting QTLs for Maize Ear Length under Two Nitrogen Levels

ZHENG Zu-ping^{1,2}, HE Chuan², LI Zhong², HUANG Yu-bi¹

(1. Sichuan Agricultural University, Yaan 625014;

2. Nanchong Institute of Agricultural Sciences, Nanchong 637000, China)

Abstract: With windows QTL cartographer v2.0, Quantitative trait loci for maize ear length under two nitrogen levels were mapped on to the SSR molecular marker linkage map by using maize RIL population derived from a cross between Mo17 and huangzaosi. One QTL for ear length on chromosome 1 were detected at high N level, four QTLs for ear length, two on chromosome 1 and the others on chromosome 5 were identified at low N level. The interaction between N levels and QTLs for maize ear length was therefore suggested. Based on this interaction and different response to low N stress between two parents, it was supposed that some QTLs only detected at low N level might be related with the ability of maize to tolerate low N stress.

Key words: Maize; Ear length; Detecting QTL analysis; Nitrogen level

氮素是玉米从土壤中吸收数量最多的营养元素,对玉米生命活动、产量形成具有重要作用。但是化学氮肥的长期大量施用也带来了玉米生产成本提高、肥料利用率降低、环境污染等一系列对农业可持续发展的负面影响,培育耐低氮胁迫玉米品种是解决这一问题的有效途径。目前,国内外对玉米氮利用率的 QTL 分析和分子机理的研究相对较少,研究的玉米资源范围很有限,已定位的控制氮利用率的 QTL 也多是微效的。因此,扩大玉米资源的研究范围,进一步对玉米氮利用率 QTL 进行定位分析,对于更为有效地利用分子标记辅助选择改良玉米氮利用率显得尤为迫切。

本研究运用 Mo17×黄早四的 RIL 群体的 SSR 标记连锁图谱,通过对两种氮水平下玉米穗长 QTL 的定位分析,来推测存在耐低氮胁迫基因的可能性。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究采用 (Mo17/黄早四)RIL 群体的分子连锁图谱,该图谱拟合了 98 个 SSR 标记,覆盖了玉米 10 条染色体的 68 个 bin 位点,全长 1 364.3 cM,平均图距为 13.92 cM,满足初级定位的要求。

1.2 田间试验

2004 年春在四川省南充市分高氮、低氮两个处理,分别种植 P₁、P₂ 和 239 个 RIL 株系。试验地 0~30 cm 土壤含有机质 1.02%,全 N 0.092%,全 P 0.062 9%,全 K 1.12%,碱解 N 56 mg/kg,速效 P 4.9 mg/kg,速效 K 112 mg/kg。两处理的试验设计相同,随机区组设计,重复 3 次,单行区,小区长 3.75 m,宽 0.667

收稿日期: 2004-12-15

作者简介: 郑祖平(1966-),男,博士,副研究员,从事玉米遗传育种工作。

黄玉碧为本文通讯作者。E-mail: 2290f@sohu.com

Tel: 0817-28051327 13088139971

m, 每行种 15 株, 单株种植, 株距 25 cm, 密度为 60 000 株/hm²。高氮处理施纯 N 300 kg/hm²、P₂O₅ 128 kg/hm²、K₂O 275 kg/hm²; 低氮处理的所施 P、K 肥与高氮组相同, 不施氮肥。所有肥料全作基肥于 4 月 4 日施用。其它栽培管理与玉米国家区试(西南组)相同。收获时每行选 8 株测定果穗长度, 其均值作为该株系重复内性状值, 以重复间的平均值作为性状值进行 QTL 分析。

1.3 QTLs 检测

采用 Win QTL cartographer v2.0 软件的复合区间作图法(Zeng, 1994), 对玉米穗长进行 QTL 检测, 同时进行加性效应及相对贡献率分析。

2 结果与分析

表 1 Mo17/黄早四重组自交系群体的性状变化

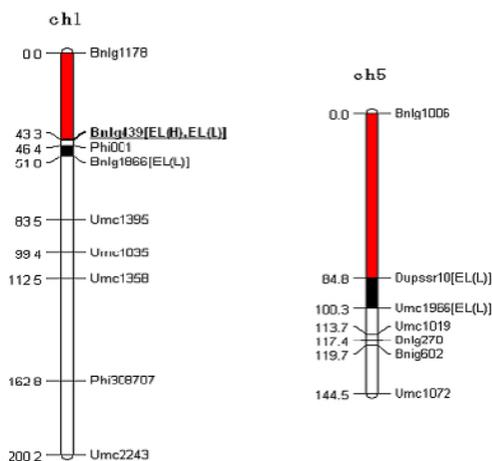
处理	亲本		RIL 群体					
	Mo17	黄早四	平均数	最大值	最小值	标准差	偏度	峰度
高氮	13.72	10.41	12.41	18.6	7.6	1.90	0.29	0.47
低氮	13.10	8.97	12.16	18.3	8.0	1.81	0.39	0.43

2.2 QTLs 分析

高氮水平下检测到 1 个穗长 QTL, 位于第 1 染色体的 Bnlg1178–Bnlg439 区间, 相对贡献率为 10.55%, 加性效应值为 0.76 cm, 表明该 QTL 增加穗长的等位基因来自母本。低氮条件下检测到 4 个控制穗长的 QTLs。其中 2 个 QTLs 位于第 1 染色体的 Bnlg1178–Bnlg439 区间和 Phi001–Bnlg1866 区间, 贡献率分别是 16.85% 和 6.42%, 加性效应值为 0.75 cm 和 0.46 cm, 其增加穗长的等位基因均来自母本; 另外 2 个 QTLs 位于第 5 染色体上的 Bnlg1006–Dupssr10 和 Dupssr10–Umc1966 两个相邻区间, 加性效应值分别为 -0.79 cm 和 -0.53 cm, 表明其增加穗长的等位基因均来自父本(表 2、图 1)。

2.1 描述性统计分析

高氮水平下, 亲本 Mo17 的穗长为 13.72 cm, 高于亲本黄早四的穗长 10.41 cm; 低氮条件下 Mo17 穗长是 13.1 cm, 也高于黄早四的长度 8.97 cm。由此看出, 在两种供氮水平下亲本间穗长性状差异十分明显。但在两种氮水平下亲本的穗长差异却不一致: 高氮水平下相差 3.31 cm, 低氮水平下相差 4.13 cm。说明穗长在两亲本间的遗传背景差异的表达受到一定的限制。同时在低氮水平下各亲本的穗长相对于高氮水平均有所降低, 不过所降低程度不一样, Mo17 降低了 0.62 cm, 而黄早四却降低了 1.44 cm, 说明二者对低氮胁迫的耐性存在一定差异。两种氮水平条件下偏度和峰度值均小于 1, 基本呈正态分布, 适合于进行 QTL 作图分析(表 1)。



与 2 个以上 QTL 连锁的标记区间的下标记标有下划线

图 1 两种氮水平下玉米穗长 QTLs 位置

表 2 不同氮水平条件下穗长 QTL 检测

供氮水平	染色体	标记区间	位置	LOD 值	贡献率(%)	加性效应(cm)
高氮	1	Bnlg1178–Bnlg439	36.01	3.49	10.55	0.76
低氮	1	Bnlg1178–Bnlg439	24.01	3.36	16.85	0.75
	1	Phi001–Bnlg1866	46.41	3.29	6.42	0.46
	5	Bnlg1006–Dupssr10	70.01	3.93	18.75	-0.79
	5	Dupssr10–Umc1966	88.81	3.91	8.26	-0.53

3 讨论

很多研究均表明, 不同环境下检测到 QTL 有不一致的现象。David(1998)对照了 Mo17×H99 组合的 F_{2:3} 和 F_{6:7} 在胁迫(低温、湿润)和非胁迫两种环境下检测的产量及穗粗、穗长、单株穗数、粒重 4 个产量

组成性状的 QTL, 结果表明, 总计在所检测到的 79 个 QTL 中, 仅有 10 个 QTL 具有一致性。李新海(2003)在对黄早四×掖 107 组合的耐旱性 QTL 研究中, 总计检测了 20 个 QTL, 然而没有发现一个 QTL 可以在两种水分环境下同时检测到。方萍、季天委等人(2002)在两种供氮水平下对控制水稻穗长的 QTL 进

行研究,在所检测到的高氮水平条件下2个水稻穗长 QTLs,在低氮水平条件下检测到5个水稻穗长 QTLs,7个 QTLs 中仅有1个具有一致性,说明环境对 QTL 的影响很大。

本研究结果显示,在高氮条件下检测到1个控制玉米穗长的 QTL,而在低氮条件下检测到4个 QTLs。显然,穗长 QTL 与供氮水平存在明显的互作。我们知道,数量性状不仅具有复杂的遗传控制,还受到环境条件的制约。在合适的环境条件下控制性状的基因效应可得到充分的发挥,环境不适时其基因效应的表达将受到制约,而制约的程度又受到对环境胁迫耐性基因的控制。本研究发现,亲本 Mo17 的穗长在两种氮水平条件下均比黄早四的长,说明穗长性状在两个亲本间存在较大差异。然而,遇低氮胁迫时二者的表现却并不相同。在低氮处理下,Mo17 的穗长降低 0.62 cm,降低了 4.52%;而黄早四却降低 1.44 cm,降低了 13.83%。说明两亲本对低氮胁迫的忍耐能力存在一定差异。由此推测,在供氮不足时检测出的 QTLs 中将有一部分跟低氮胁迫耐性有关。本研究中共检测到5个玉米穗长 QTLs,其中位于第1染色体 Bnlg1178-Bnlg439 区间的 QTL 在两个供氮水平同时被检测到,其贡献率较大,分别为 10.55%和 16.85%,且两者的增效等位基因均来自长穗亲本 Mo17,说明这是控制玉米穗长性状的1个主效 QTL。位于第5染色体上的2个 QTLs 和第1染色体 Phi001-Bnlg1866 区间的 QTL,仅在低氮胁迫条件下被检测到,这3个 QTLs 可能跟玉米对低氮胁迫耐性有一定的关联。

参考文献:

- [1] 安红卫,吕军杰.玉米黄改系主要农艺性状配合力的研究[J].杂粮作物,2000,(1):1-4.
- [2] 曹立勇,朱军,颜启传.水稻籼粳交 DH 群体幼苗中胚轴长度的 QTLs 定位和上位性分析[J].中国水稻科学,2002,16(3):221-224.
- [3] 曹敏建,衣莹,佟占昌,等.耐低氮胁迫玉米的筛选与评价[J].玉米科学,2002,10(4):64-49.
- [4] 陈范骏,曹敏建,陈艳如.玉米对氮素营养利用的遗传差异及其生理机制[J].沈阳农业大学学报,1998,(4):314-318.
- [5] 陈范骏,米国华,刘向生,等.玉米氮效率性状的配合力分析[J].中国农业科学,2003,(2):134-139.
- [6] 番兴明,谭静,杨峻芸,等.外来热带、亚热带玉米自交系与温带玉米自交系产量配合力分析及其遗传关系的研究[J].中国农业科学,2002,35(7):743-749.
- [7] 番兴明,张世煌,谭静.根据 SSR 标记划分优质蛋白玉米自交系的杂种优势群[J].作物学报,2003,29(1):105-110.
- [8] 范仲学.谷类作物的氮肥利用效率及其提高途径研究进展[J].山东农业科学,2001,(4):47-50.
- [9] 方萍,季天委,陶勤南,吴平.两种供氮水平下水稻穗长 QTLs 的检测[J].中国水稻科学,2002,16(2):176-178.
- [10] 方萍,陶勤南,吴平.水稻吸氮能力与氮素利用率的 QTLs 及其基因效应分析[J].植物营养与肥料学报,2001,(2):159-165.
- [11] 方萍,吴平,陶勤南.应用分子标记研究水稻根系形态特征数量性状位点[J].作物学报,1999,25(2):181-185.
- [12] 符建荣.控释氮肥对水稻的增产效应及提高肥料利用率的研究[J].植物营养与肥料学报,2001,7(2):145-152.
- [13] 葛鑫,戴其根,霍中洋.农田氮素流失对环境的污染现状及防治对策[J].环境科学技术,2003,26(6):53-54,57.
- [14] 郭小丽,刘冬成,罗静.我国部分优质小麦品种遗传差异的 SSR 标记分析[J].麦类作物学报,2004,24(1):1-5.
- [15] 何光华,郑家奎.不同发育时期水稻主茎增叶速度的双列分析[J].遗传,1994,16(6):27-30.
- [16] 何光华,王文明,刘国庆.利用 SSR 标记定位明恢 63 的 2 对恢复基因[J].遗传学报,2002,29(9):798-802.
- [17] 黄高宝,张恩和,胡恒觉.不同玉米品种氮素营养效率差异的生态生理机制[J].植物营养与肥料学报,2001,7(3):293-297.
- [18] 惠大丰,姜长鉴,莫惠栋.数量性状基因图谱构建方法的比较[J].作物学报,1997,23(2):129-136.
- [19] 黎裕,王天宇.玉米基因组学的发展现状及我国的对策[J].玉米科学,2003,11(3):3-8.
- [20] 李汝玉.简单序列重复(SSR)及其在农作物研究中的应用[J].山东农业科学,1999,(4):45-48.
- [21] 李遂生.玉米黄早四的选育过程及其应用[J].北京农业科学,1997,(1):19-21.
- [22] 李新海,傅骏骅,张世煌.利用 SSR 标记研究玉米自交系的遗传变异[J].中国农业科学,2000,33(2):1-9.
- [23] 刘建安,米国华,张福锁.不同基因型玉米氮效率差异的比较研究[J].农业生物技术学报,1999,7(3):248-253.
- [24] 刘杰,刘公社,朱自清,陈刚.SSR 标记用于玉米自交系遗传变异与优势类群划分的研究[J].西北植物学报,2002,22(4):741-750.
- [25] 罗志祥,苏泽胜,施伏芝.氮肥高效利用水稻育种的现状与展望[J].中国农学通报,1999,19(1):66-67,116.
- [26] 荣廷昭,等.农业试验与统计分析[M].成都:四川科学技术出版社,1993.
- [27] 荣廷昭,等.数量遗传学[M].北京:中国科技技术出版社,2003.
- [28] 阮成江,何祯祥,钦佩.我国农作物 QTL 定位研究的现状和进展[J].植物学通报,2003,20(1):10-22.
- [29] 师素云,薛启汉,练兴明.玉米与大豆氮代谢关键酶活性比较[J].江苏农业科学,2000,16(3):191-192.
- [30] 谭振波.水稻分子图谱的构建及数量性状基因的研究[D].博士学位论文,1996.
- [31] 王艳,米国华,陈范骏,等.玉米氮素吸收的基因型差异及其与根系形态的相关性[J].生态学报,2003,(2):297-302.
- [32] 王振宝.不同基因型玉米对肥力反应生理机制的研究[J].玉米科学,1992,(1):6-10.
- [33] 向道权,曹海河,曹永国,杨俊品,等.玉米图谱的构建及产量性状基因定位[J].遗传学报,2001,(8):778-784.
- [34] 曾三省,任蕤,刘新芝.黄早四在我国玉米育种和生产中的重要地位[J].玉米科学,1996,4(1):1-6. (下转第 108 页)

(上接第 104 页)

- [35] 周联东, 员海燕, 李得孝, 等. 玉米氮素营养效率基因型差异的研究[J]. 西北农业学报, 2003, (1): 21-24.
- [36] Agrama H A S, Zacharia A G, Said M, et al. Identification of quantitative trait loci for nitrogen use efficiency in maize. *Mol. Breed*, 1999, 5: 187-195.
- [37] Castleberry R M, Crum C W, Krull C F. Genetic yield improvement of US maize cultivars under varying fertilizer and climatic environments. *Crop Sci.*, 1984, 24: 33-36.
- [38] Hirel B, Bertin P, Quillere I, et al. Towards a better understanding of the genetic and physiological basis for nitrogen use efficiency in maize. *Plant Physiology*, 2001, 125: 1258-1270.
- [39] Loudet O, Chaillou S, Merigout P, et al. Quantitative trait loci analysis of nitrogen use efficiency in Arabidopsis. *Physiol*, 2003, 131(1): 345-358.
- [40] Mackay A D, Barber S A. Effects of nitrogen on root growth of two corn genotypes in the field. *Agron J.*, 1986, 78: 699-703.
- [41] Mickelson S, See D, Meyer F D, et al. Mapping of QTL associated with nitrogen storage and remobilization in barley leaves. *J. Exp Bot.*, 2003, 54(383): 801-812.
- [42] Sharopova N, McMullen M D, Schultz L, et al. Development and mapping of SSR markers for maize. *Plant Mol. Biol.*, 2002, 48: 463-481.
- [43] Wiesler F, Horst W J. Differences between maize cultivars in yield formation, nitrogen uptake and associated depletion of soil nitrate. *J. Agron Crop Sci.*, 1992, 168: 226-237.
- [44] Yamaya T, Obara M, Nakajima H, et al. Genetic manipulation and quantitative-trait loci mapping for nitrogen recycling in rice. *J. Exp Bot.*, 2002, 53(370): 917-925.