

基于玉米单倍体性状表现的轮回选择试验研究

Rotarenco Valeriu, Dicu Georgeta, Mihailov Mihail, State Daniel

(Institute of Genetics and Physiology of Plants, Republic of Moldova)

编译: 王丽娜 校对: 郭琦

(吉林省农业科学院, 长春 130033)

摘要: 单倍体水平的选择可以提高轮回选择程序的效率。经过4个周期的单倍体轮回选择之后, 一个综合群体SPC4的产量达到了当前商业杂交种的产量水平。SPC4群体与27个来自于爱荷华州立大学的综合群体相比较具有更好的群体表现。两个单交种在单倍体水平上表现出株高和穗长的超亲分离, 表明利用单倍体植株来鉴定、创造和改良优良的育种材料是非常有效的方法。

关键词: 玉米; 单倍体; 轮回选择; 综合群体; 杂交种; 超亲分离

中图分类号: S513.035.2

文献标识码: A

Selection and Breeding Experiments at the Haploid Level in Maize

Rotarenco Valeriu, Dicu Georgeta, Mihailov Mihail, State Daniel

(Institute of Genetics and Physiology of Plants, Republic of Moldova)

Compile: WANG Li-na Proofreading: GUO Qi

(Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033, China)

Abstract: Selection at the haploid level allows increasing the efficiency of recurrent selection procedures. After four cycles of a recurrent selection approach involving haploid plants, grain yield of a synthetic population, SPC4, was at the same level as that of current commercial hybrids. The SPC4 population had a good performance in comparison with 27 synthetic populations obtained from Iowa State University. Transgressive segregation for plant height and ear length was revealed at the haploid level in two single crosses. It was demonstrated that the utilization of haploid plants to identify, create and improve elite breeding material might be very efficient.

Key words: Maize; Haploid; Recurrent selection; Synthetic population; Hybrid; Transgressive segregation

在过去的十年里, 单倍体诱导技术已经被广泛地应用于玉米育种和研究中, 应用DH技术还需要经验丰富的工作人员和相应的配套设施。因此, 目前为止, DH系技术在育种工作中的应用还存在诸多困难^[1~9]。除DH技术之外, 纯单倍体植株可以应用在一些育种和研究中, 研究表明, 母本单倍体的表

现型与它们对应的二倍体是一致的^[10~11], 而且单倍体群体表现出了随机的分离群体。通过这些研究可以设想, 在单倍体水平上对某些农艺性状的选择和进行遗传分析是有效的。

在玉米育种中, 综合群体经常作为资源材料来选育自交系。为了增加优良自交系的产生频率, 需要根据育种工作目标来改良综合群体。一个改良综合群体的方法就是轮回选择^[12]。在所有已知的轮回选择方法中, 每个周期平均产量增益2%~4%^[13]。应用单倍体轮回选择方案(HRS)来改良两个综合群体SP和SA, 结果表明, 通过这种轮回选择的方法能够使每个周期的产量增益显著提高10%以上^[14~16]。

对于单倍体和DH植株来说, 不存在等位基因相互作用(显性和超显性), 因此大大促进了加性基因的选择, 进而导致群体自身的改良。单倍体可以

收稿日期: 2015-09-14

基金项目: 国家“863”课题“玉米高效单倍体加倍技术与集成利用”(2012AA101203-3)、“强优势玉米杂交种的创制与应用”(2011AA10A103-5)

作者简介: 王丽娜, 女, 硕士, 从事玉米遗传育种研究。

郭琦, 男, 研究实习员, 硕士, 从事玉米遗传育种研究。E-mail: guoqi0405@outlook.com

注: 本文由《玉米科学》主编才卓特约编译。

被用于优良种质的鉴别。通过对不同群体在单倍体水平上的性状比较分析,可以判断该群体作为优良加性基因资源的利用价值。群体间的异质性可能导致超亲分离,而且这种分离很容易在单倍体中被发现。通过与当前商业杂交种以及来自爱荷华州立大学引进的一些群体间的比较,评估经过改良的群体SPC4和SAC3,利用单倍体来鉴别优良种质,拟合两个单交种在单倍体水平上的估算。

1 材料与方法

SP群体(FAO-330)是由自交系(P346C, ms1334, Co125, MK01)和一个开放授粉的品种English Early(爱荷华马齿)组合成,该群体的系谱是[(P346C×English Early)×(ms1334×MK01y)]×(Co125×MK01y)。

SA群体(FAO-295)是由自交系N384S、P092、RV、MR159(兰卡斯特)组成,其系谱是(N384M×P092)×[P092×(Rf7×MK159)]。

单倍体是由隔离区开放授粉得到的。诱导系是MHI,该诱导系的 $r1-nj$ 标记基因是纯合的,因此可以在干种子的时候就能将单倍体筛选出来。该基因会导致未染色的材料被诱导系授粉之后, F_1 代子粒的胚芽尖和胚乳顶部呈现紫色。胚是单倍体、胚乳是三倍体的单倍体子粒呈现出胚芽尖不被染色、胚乳顶部被染色的现象。

SP和SA群体分别进行了4个和3个单倍体回交选育(HRS)周期。每个周期都在1 500~2 000株单倍体植株,通过表型选择约300株进行授粉,花粉由二倍体亲本群体的花粉混合得到的。选择穗长最长和穗行数最多的50个果穗(选择密度约15%)的种子混合进入下一个HRS周期。

单倍体回交选育的第一个周期如图1所示,诱导C0群体产生单倍体;用二倍体C0群体的混合花粉给入选的单倍体授粉;诱导C1群体产生单倍体进入第二个HRS周期。两个商业杂交种Moldavian 291MV(FAO-290)和Porumbeni 331MV(FAO-330)被用作对照。

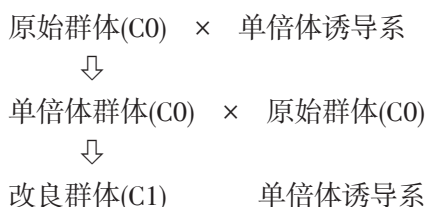


图1 单倍体轮回选择的1个周期

Fig.1 A cycle of haploid recurrent selection

2009年来自爱荷华州立大学的27个群体(FAO-500~700),分别是10个B-SSS群体(P1, P9~P17), 14个N-SSS群体(P2, P6~P8, P18~P27), 1个Iowa Early Rootworm Synthetic群体(P3), 1个兰卡斯特组合群体(P4), 1个(Tuxpeno×Lancaster 2)综合群体(P5)。这27个群体都被测试并且与包括SPC4和SAC3群体在内的育种材料分别在单倍体和双单倍体水平进行比较。

3个自交系MK01、092、A619和两个由这3个自交系组配的 F_1 代杂交种MK01×A619和MK01×092被用来控制单倍体水平表现型的变异范围。为了展示变异区间,样本被平均分为5组,根据 $n=\log^2 N$ 的规则(n -组数, N -样本的大小)和组的平均值为基础作图。

田间试验设3个重复,10 m²两行区(行长7 m,行间距70 cm),植株密度每个小区60株。株高是雄穗顶部的高度;双单倍体的产量将子粒烘干到水分14%后进行测量;测量子粒千粒重,将每个小区的子粒混合后取两个500子粒的样本进行称量;使用Infratec TM 1241谷物分析仪测量子粒蛋白质和油分含量。

2 结果与分析

SPC4群体的产量和生长性状表现比SAC3群体要好,且差异显著(表1)。该群体是由不同的种质组合而成的,因此很有可能对单倍体的轮回选择产生不同的结果。SPC4和SAC3杂交形成的综合群体,在产量上并没有表现出比SPC4群体有优势,株高却表现出显著增长。

2008年SPC4群体的产量是9 700 kg/hm²,2009年为103 000 kg/hm²。对照杂交种Moldavian 291MV和Porumbeni 331MV的产量与SPC4群体相比没有显著优势。从穗行数来看,SPC4群体的穗行数显著多于对照,株高也显著高于杂交种Porumbeni 331MV。对照杂交种的千粒重较高,所有群体的蛋白质和油分含量均较高(表1)。

爱荷华州立大学的4个群体P4、P11、P15和P22产量显著高于SPC4群体,且P15、P17和P18群体的穗长比SPC4群体长,穗行数都少于SPC4群体(图2、图3、图4)。只有1个群体P23的株高比SPC4群体高而且穗长在单倍体水平也比SPC4群体长(图5、图6)。

SPC4群体不论是与商业杂交种比较还是和爱荷华州立大学的群体比较都表现出优势,单倍体轮回选择在群体自身改良上有较大的潜能。在单倍体

水平上的群体比较分析表明,单倍体轮回选择确实改良了SPC4群体,这是由于增加了加性有利基因的频率。通过该实验,还发现了3个群体P18、P22和P23可以作为加性有利基因的资源。2010年,将这些群体与育种材料杂交,来达到利用新种质进行群体改良的目的。同时,确定在这些杂交后代中是否出现超亲分离,希望通过利用单倍体植株来鉴别超

亲分离。这种估算方法的拟合已经相当清晰和有效,由杂交种(MK01 × 092 和 MK01 × A619)产生的大约 15%单倍体,在株高和穗长上的表现显著地超出其最优亲本的表现(图 7、图 8、图 9、图 10)。不同群体间的杂交,通过双单倍体给单倍体授粉,可以使优良基因的组合导入到育种材料中。

表 1 经HRS改良两个双单倍体群体SPC4和SAC3、SPC4和SAC3合成群体、两个对照杂交种(2008、2009)的相关性状平均值

Table 1 Means of two diploid populations improved by HRS(SPC4 and SAC3), a synthetic composed of these populations, and two check hybrids(2008, 2009)

基因型 Genotype	产量(kg/hm ²)		穗长(cm)		穗行数(行)		株高(cm)		千粒重(g)		蛋白含量(%)		油分含量(%)	
	Yield		Ear length		Kernel rows		Plant height		1 000-kernel weight		Protein content		Oil content	
	2008	2009	2008	2009	2008	2009	2008	2009	2008	2009	2008	2009	2008	2009
SPC4	9 700	10 300	18.0	20.3	17.7	18.1	298	300	310	299	10.9	11.6	4.7	4.7
SAC3	5 100	5 200	15.7	16.4	13.7	13.4	212	221	244	247	12.0	11.8	5.3	5.0
SPC4×SAC3	9 800	9 900	18.0	19.6	16.9	17.1	309**	310**	316	292	10.5	11.1	5.0	5.0
Moldavian 291MV	10 100	10 900	19.2	20.5	15.0*	16.2*	297	299	340	310	9.9	10.5	4.4	4.9
Porumbeni 331MV	9 800	9 900	18.1	18.4	14.5*	16.6*	260*	260*	350	315	10.2	10.4	4.4	4.7
LSD _(0.05)	0.9	1.1	2.7	2.9	0.8	1.2	9	10						

注:*显著低于SPC4群体;**显著超过SPC4群体。
Notes: *Significantly($P<0.05$) inferior to the SPC4 population; ** significantly($P<0.05$) exceed the SPC4 population.

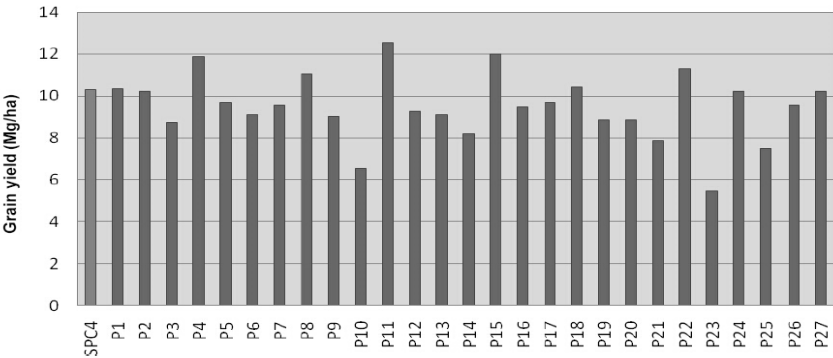


图2 27个合成群体、SPC4的产量平均值分布(2009)

Fig.2 Distribution of the means of 27 synthetics in comparison with SPC4 for grain yield(2009)

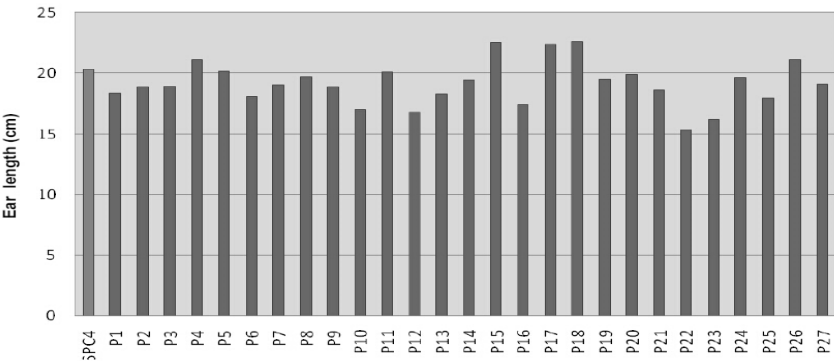


图3 27个合成群体、SPC4的穗长平均值分布(2009)

Fig.3 Distribution of the means of 27 synthetics in comparison with SPC4 for ear length(2009)

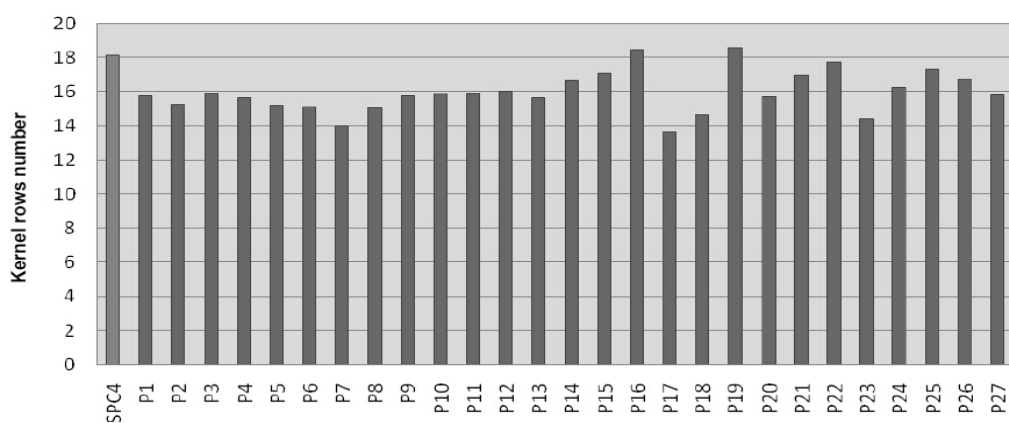


图4 27个合成群体、SPC4的穗行数平均值分布(2009)

Fig.4 Distribution of the means of 27 synthetics in comparison with SPC4 for kernel row number(2009)

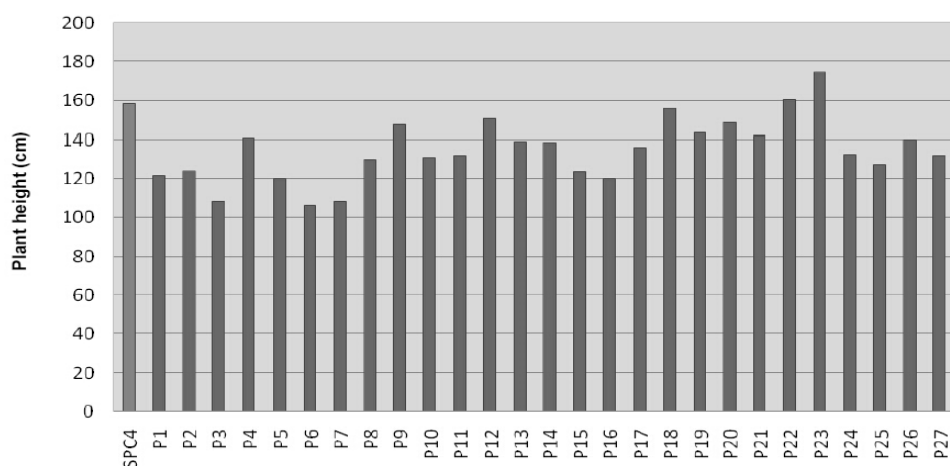


图5 27个合成群体、SPC4的单倍体的株高平均值分布(2009)

Fig.5 Distribution of the means of 27 synthetics in comparison with SPC4 for plant height at the haploid level(2009)

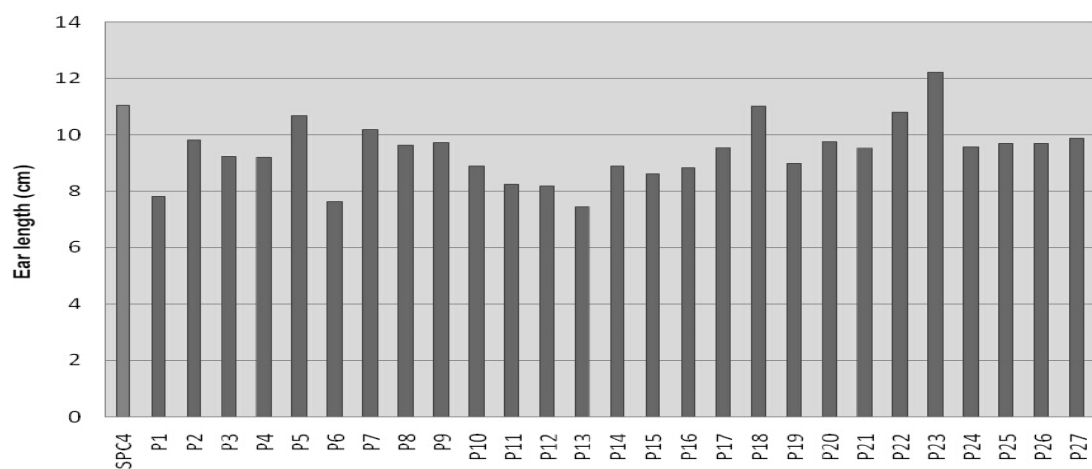


图6 27个合成群体、SPC4的单倍体的穗长平均值分布(2009)

Fig.6 Distribution of the means of 27 synthetics in comparison with SPC4 for ear length at the haploid level (2009)

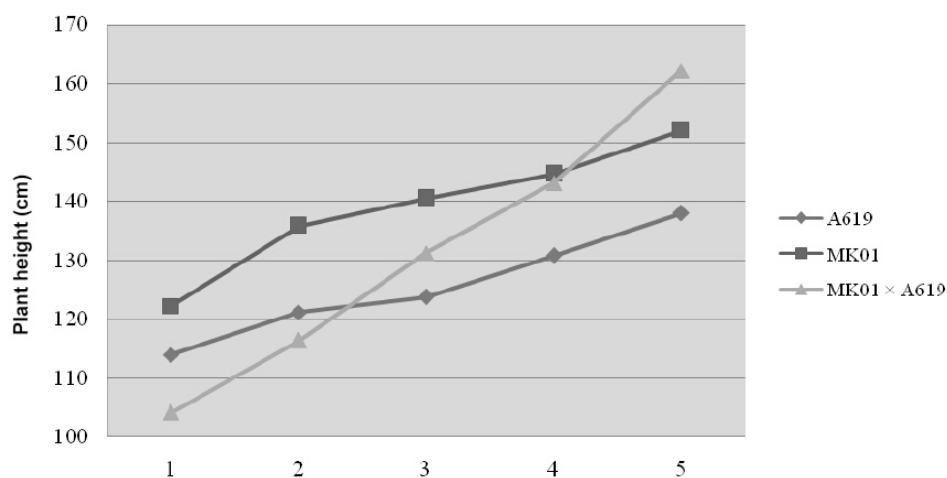


图7 自交系 MK01和 A619、MK01 × A619 单倍体株高的 5 组平均值分布(2009)

Fig.7 Distribution of the plant height means of five groups in the lines MK01 and A619 and their hybrid MK01 × A619 at the haploid level(2009)

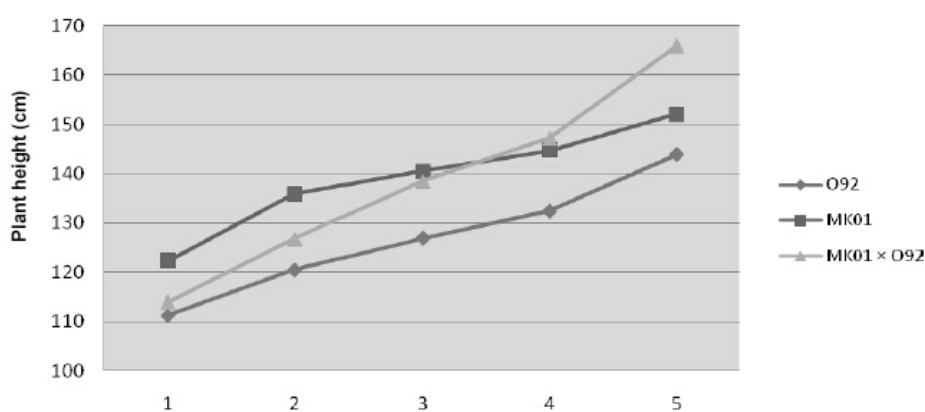


图8 自交系 MK01和 O92、MK01 × O92 单倍体株高的 5 组平均值分布(2009)

Fig.8 Distribution of the plant height means of five groups in the lines MK01 and O92 and their hybrid MK01 × O92 at the haploid level(2009)

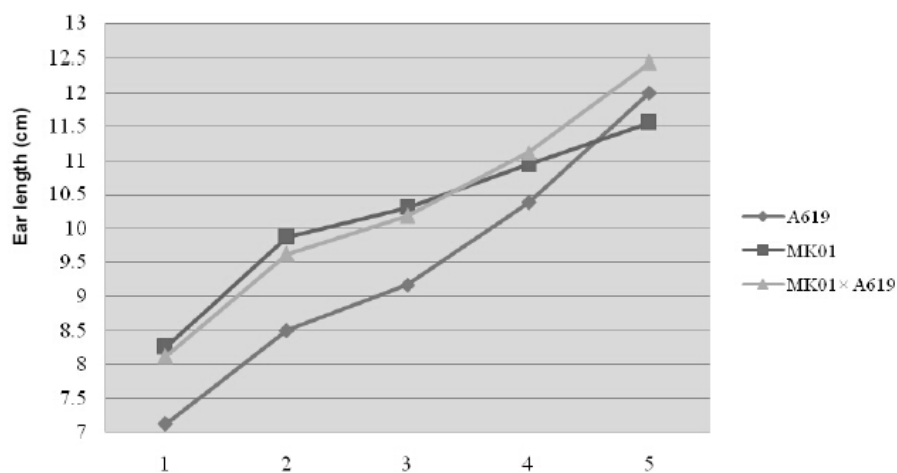


图9 自交系 MK01和 A619、MK01 × A619 单倍体穗长的 5 组平均值分布(2009)

Fig.9 Distribution of the ear length means of five groups in the lines MK01 and A619 and their hybrid MK01 × A619 at the haploid level(2009)

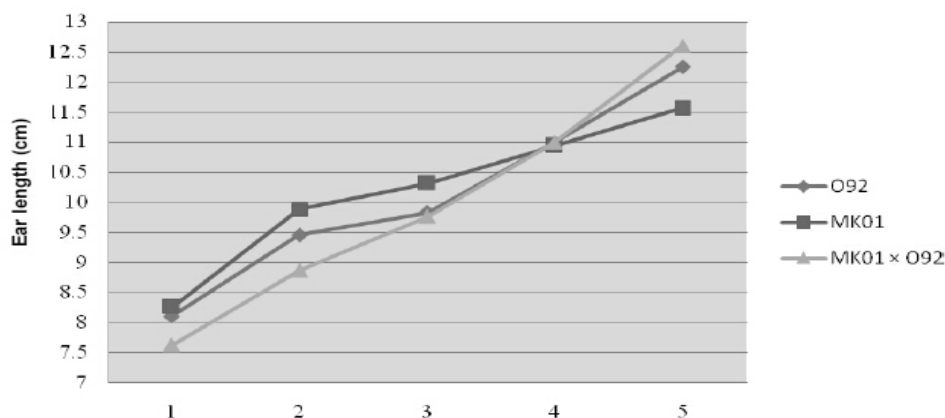


图10 自交系MK01和O92、MK01×O92单倍体穗长的5组平均值分布(2009)

Fig.10 Distribution of the ear length means of five groups in the lines MK01 and O92 and their hybrid MK01 × O92 at the haploid level (2009)

3 结 论

单倍体轮回选择可以显著改良综合群体。高产的综合群体不仅可以应用在育种工作中,同样可以用来作为杂交种使用。在育种工作中,单倍体在鉴定优良种质和在育种材料中积累加性基因的应用上具有巨大的潜力。在理论和实践中单倍体需要获得更多的关注,应把其作为一项常规工具用来选择由加性基因控制的性状。

参考文献:

- [1] Coe E H. A line of maize with high haploid frequency[J]. Am. Nat., 1959, 93: 381-382.
- [2] Tyrnov V S, Zavalishina A N. Inducing high frequency of matroclinal haploids in maize[J]. Dokl. Akad. Nauk., 1984, 276: 735-738.
- [3] Lashermes P, Beckert M. A genetic control of maternal haploidy in maize (*Zea mays* L.) and selection of haploid inducing lines[J]. Theor. Appl. Genet., 1988, 76: 405-410.
- [4] Lashermes P, Gaillard A, Beckert M. Gynogenetic haploid plants analysis for agronomic and enzymatic markers in maize (*Zea mays* L.) [J]. Theor. Appl. Genet., 1988, 76: 570-572.
- [5] Sarkar K R, Pandey A, Gayen P, et al. Stabilization of high haploid inducer lines[J]. Maize Genet. Coop. Newslet., 1994, 68: 64-65.
- [6] Shatskaya O A, Zabirowa E R, Shcherbak V S, Chumak M V. Mass induction of maternal haploids in corn[J]. Maize Genet. Coop. Newslet., 1994, 68: 51.

- [7] Chalyk S T. Creating new haploid-inducing lines of maize[J]. Maize Genet. Coop. Newslet., 1999, 73: 53-54.
- [8] Röber F K, Gordillo G A, Geiger H H. In vivo haploid induction in maize - Performance of new inducers and significance of doubled haploid lines in hybrid breeding[J]. Maydica, 2005, 50: 275-283.
- [9] Rotarencu V A, Dicu G, State D, Fuiá S. New inducers of maternal haploids in maize[J]. Maize Genet. Coop. Newslet., 2010, 84: 21-23.
- [10] Chase S S. Monoploids and diploids of maize: a comparison of genotypic equivalents[J]. Amer. J. Bot., 1964, 51: 928-933.
- [11] Chalyk S T, Ostrovsky V V. Comparison of haploid and diploid maize (*Zea mays* L.) plants with identical genotypes[J]. J. Genet. Breed., 1993, 47: 77-80.
- [12] Sprague G F, Eberhart S A. Corn breeding. Corn and corn improvement[C]. Agron. Monogr. 18. ASA, CSSA, and Madison. WI: 1977.
- [13] Hallauer A R, Miranda F J B. Quantitative genetics in maize breeding[C]. Iowa State University Press (Ames), 1988.
- [14] Chalyk S T, Chebotar O D. Utilizing maternal haploids to identify major genes controlling plant height in maize[J]. Czech. J. Genet. Plant Breed., 1999, 35: 73-77.
- [15] Rotarencu V A, Chalyk S T, Eder J. Utilization of maize haploid plants in a recurrent selection procedure[J]. J. Genet. Breed., 2004, 58: 61-72.
- [16] Chalyk S T, Rotarencu V A. Using maternal haploid plants in recurrent selection in maize[J]. Maize Genet. Coop. Newslet., 1999, 73: 56-57.

(责任编辑:李万良)

(上接第38页)

- [10] Song T M. Fast determination of pulsed NMR to the oil content of crop kernel[J]. Acta Agronomica Sinica., 1989, 15(2): 160-166.
- [11] Saghai-Maroo M A, Soliman K M, Jorgensen R A, et al. DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population, and population dynamics[J]. Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 1984, 81(24): 8041-8018.
- [12] Knapp S J, Stroup W W, Ross W M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean basis[J]. Crop Sci., 1985, 25: 192-

194.

- [13] Zeng Z B. Precision mapping of quantitative trait loci[J]. Genetics, 1994, 136: 1457-1468.
- [14] Churchill G A, Doerge R W. Empirical threshold values for quantitative trait mapping[J]. Genetics., 1994, 138: 963-971.
- [15] Song X F. Identification of QTL for kernel oil content and analysis of related traits in maize[J]. Dissertation of China Agricultural University, 2004.

(责任编辑:朴红梅)