

基于 SSR 标记的玉米循环群体选系材料的遗传基础分析

高婷婷¹, 郑淑波¹, 张志军¹, 周德龙², 王敏², 路明¹, 刘文国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)/农业部东北中部玉米生物学与遗传育种重点实验室, 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: 利用 SSR 标记技术对 53 份玉米循环群体选系材料和 9 个测验种进行分析, 分析其遗传多样性, 明确其遗传距离和杂种优势群划分, 从分子遗传基础角度为循环育种策略奠定基础。结果表明, 39 个 SSR 标记在 62 份材料中共检测出 162 个等位基因变异, 铁 7922 改良系和吉 13S228 改良系中分别检测出 83、140 个等位基因变异, 位点多态性信息指数(PIC)平均分别为 0.45、0.26、0.37; 基因多样性指数平均分别为 0.51、0.31、0.42; 吉 13S228 改良系的遗传多样性高于铁 7922 改良系。遗传距离变幅在 0.11 ~ 1.87, 平均 0.76; 吉 13S228 改良系群体与吉 13S228 间的遗传距离最小(0.09), 铁 7922 改良系群体与铁 7922 间的遗传距离亦较近(0.16), 揭示改良系的遗传背景以改良受体为主。按照 UPGMA 聚类法、主成分分析和模型聚类方法, 划分为两大类群, SS 群(铁 7922 及其循环选系材料、B73、掖 478 等)和 NSS 群(吉 13S228 及其循环选系材料和标准测验种 Mo17、丹 340、黄早四等), 符合玉米商业育种的两个杂种优势群思路。

关键词: 玉米; 循环群体; 遗传多样性

中国分类号: S513.035.3

文献标识码: A

Genetic Base Analysis of Maize Inbred Lines from Recycling Selection by SSR Marker

GAO Ting-ting¹, ZHENG Shu-bo¹, ZHANG Zhi-jun¹, ZHOU De-long², WANG Min², LU Ming¹, LIU Wen-guo¹

(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, Changchun 130033;

2. Jilin Jinong Hi-tech Inc., Ltd., Gongzhuling 136100, China)

Abstract: SSR marker technology was used to analyze the selection materials and test species of 53 maize circulating populations. The results showed that a total of 162, 83, and 140 allelic variations were detected in 39 SSR markers in 62 materials, Tie7922 improved lines, and Ji13S228 improved lines, with an average of 4.05, 2.13, and 3.51. The point polymorphism information index(PIC) averaged 0.45, 0.26, and 0.37, respectively; the genetic diversity of the improved 13S228 improved line was higher than that of the Tie7922 improved line. The genetic distance ranged from 0.11–1.87, with an average of 0.76; the genetic distance between the 13S228 improved line group and Ji 13S228 was the smallest(0.09), and the genetic distance between the Tie7922 improved line group and the Tie7922 was also close(0.16). According to UPGMA clustering method, principal component analysis and model clustering method, it was divided into two groups: SS group(Tie7922 and its improved lines, B73, Ye478, etc.) and NSS group(Ji 13S228 and its improved lines and standard test lines Mo17, Dan 340 and Huangzao 4, etc.), which were in line with the idea of two heterosis groups in commercial maize breeding.

Key words: Maize; Recycling population; Genetic diversity

录用日期: 2019-05-28

基金项目: 国家玉米产业技术体系项目(CARS-02-06)

作者简介: 高婷婷(1991-), 女, 硕士, 主要从事玉米遗传育种研究。Tel: 18629862085 Email: 732147263@qq.com

刘文国和路明为本文通讯作者。

致 谢: 本研究得到国家玉米产业技术体系研发中心等相关单位的大力支持, 在此一并表示感谢。

种质扩增、改良与创新是玉米育种技术发展的基础,是新品种选育的基石。国外跨国公司特别是美国先锋公司现代SS和NSS两大杂种优势群的演变和发展,对我国玉米种质改良及杂种优势群的发展给予了启示。构建玉米规模化种质资源创新体系,可以更有效地加速我国玉米商业育种的进程^[1]。我国要开展玉米商业育种,就要实行循环育种策略,循环育种策略就是以杂种优势模式为基础,开展群体之间的相互轮回选择和自交系之间的二环系育种策略^[2]。近年来,国家玉米产业技术体系聚焦我国种业发展的瓶颈,全力推进以循环选系为主线、性状与配合力测试为手段的玉米前育种系统建设,创制出一批育种新材料,开展了配合力等性状鉴定,但缺乏分子水平上的鉴定与分析。当前,分子标记技术已经被广泛应用于种质的遗传鉴定分析^[3-5]。Smith等利用131对SSR引物开展了玉米遗传多样性的研究,其聚类结果与已知的系谱分析基本吻合^[6]。刘志斋等利用40个核心SSR标记对820份代表我国玉米种质基础的自交系进行分析,揭示其遗传多样性与群体结构^[7]。目前,分子标记技术已经成为快速揭示种质遗传基础的有效手段。但目前,利用分子标记技术对应用循环育种策略选育的材料进行分析鲜有报道。

本研究基于SSR标记技术对应用循环育种策略选育的新材料进行鉴定,分析其遗传多样性,明确其遗传距离和杂种优势群划分,从分子遗传基础角度为循环育种策略奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

2014年春季在吉林省农业科学院公主岭试验基地,以A群骨干系铁7922和自选系吉13S228作为受体,分别与同类群优良的供体系杂交(部分供体系来自于国家玉米产业技术体系引进并经过系统鉴定的优良美国解密自交系,A群供体为LM-16、PHHB9、WS49;B群供体为WS49、W6F513、Z8501、904、W7M114、X820、J8606、PHP02、798-1、PHJ33)。2014年冬季在海南加代自交,2015年春季在北方通过高密度150 000株/hm²对F₂代进行筛选鉴定,以循环育种策略选育出53份新系(表1),其中,A群13份,B群40份。以铁7922、吉13S228和代表我国玉米主要类群的5个骨干自交系黄早四(塘四平头群)、掖478(PA群)、B73(BSSS)、Mo17(Lancaster群)和丹340(旅大红骨群)及骨干系4134(A群)、1018(B群)为标准测验种,共计62份材料。

表1 53份循环群体选系材料及测验种

Table 1 Fifty three circulating group selection materials and test species

序号 No.	名称 Name	血缘 Consanguinity	遗传背景 Genetic background	序号 No.	名称 Name	血缘 Consanguinity	遗传背景 Genetic background
1	S1813	W4M029×铁7922	A	20	S1833	904×吉13S228	B
2	S1814	W4M029×铁7922	A	21	S1835	PHP02×吉13S228	B
3	S1815	W4M029×铁7922	A	22	S1836	J8606×吉13S228	B
4	S1816	LM-16×铁7922	A	23	S1837	J8606×吉13S228	B
5	S1817	LM-16×铁7922	A	24	S1838	J8606×吉13S228	B
6	S1818	LM-16×铁7922	A	25	S1840	J8606×吉13S228	B
7	S1819	LM-16×铁7922	A	26	S1841	Z8501×吉13S228	B
8	S1820	LM-16×铁7922	A	27	S1842	Z8501×吉13S228	B
9	S1821	PHHB9×铁7922	A	28	S1843	Z8501×吉13S228	B
10	S1822	PHHB9×铁7922	A	29	S1844	Z8501×吉13S228	B
11	S1823	PHHB9×铁7922	A	30	S1845	Z8501×吉13S228	B
12	S1824	PHHB9×铁7922	A	31	S1846	Z8501×吉13S228	B
13	S1825	PHHB9×铁7922	A	32	S1847	Z8501×吉13S228	B
14	S1826	798-1×吉13S228	B	33	S1848	Z8501×吉13S228	B
15	S1827	798-1×吉13S228	B	34	S1849	PHJ33×吉13S228	B
16	S1828	798-1×吉13S228	B	35	S1850	PHJ33×吉13S228	B
17	S1829	904×吉13S228	B	36	S1851	W6F513×吉13S228	B
18	S1831	904×吉13S228	B	37	S1852	W6F513×吉13S228	B
19	S1832	904×吉13S228	B	38	S1853	W6F513×吉13S228	B

续表1 Continued 1

序号 No.	名称 Name	血缘 Consanguinity	遗传背景 Genetic background	序号 No.	名称 Name	血缘 Consanguinity	遗传背景 Genetic background
39	S1854	W6F513×吉 13S228	B	51	S1868	WS49×吉 13S228	B
40	S1855	W6F513×吉 13S228	B	52	S1869	X820×吉 13S228	B
41	S1857	W6F513×吉 13S228	B	53	S1870	X820×吉 13S228	B
42	S1858	W6F513×吉 13S228	B	54	吉 13S228	吉 V022×M54	B
43	S1859	W6F513×吉 13S228	B	55	丹 340	-	B
44	S1860	W7M114×吉 13S228	B	56	黄早四	-	B
45	S1861	W7M114×吉 13S228	B	57	掖 478	-	A
46	S1862	W7M114×吉 13S228	B	58	Mo17	-	B
47	S1863	W7M114×吉 13S228	B	59	铁 7922	-	A
48	S1864	WS49×吉 13S228	B	60	B73	-	A
49	S1865	WS49×吉 13S228	B	61	4134	-	A
50	S1867	WS49×吉 13S228	B	62	1018	-	B

1.2 实验方法

1.2.1 DNA的提取

将供试自交系种子种植于苗盘,长至3~5叶期采集叶片,采用CTAB法提取并纯化DNA,经紫外分光光度计检测DNA的质量和浓度,并将DNA浓度稀释至50 ng/ μ L,备用。

1.2.2 SSR扩增

采用《玉米品种鉴定技术规程SSR标记法》(NY/T1432-2014)中的40对核心SSR标记进行基因型分析,引物由北京奥科鼎盛生物科技有限公司合成。

PCR反应体系:采用10 μ L的扩增反应体系,其中,含终浓度为2.4 mmol/L的Primers(F+R) 0.15 μ L,终浓度为0.4U的Primix Taq酶5 μ L,浓度为50 ng/ μ L的DNA模板1.5 μ L,3.35 μ L的dd H₂O。

PCR反应条件为,DNA预变性5 min;94 $^{\circ}$ C变性45 s,60 $^{\circ}$ C退火45 s,72 $^{\circ}$ C 1 min,共进行35个循环;72 $^{\circ}$ C终延伸5 min,4 $^{\circ}$ C保存。不同引物选择适宜的退火温度。

电泳检测:利用QIAxcel Advanced(毛细管电泳仪)进行毛细管电泳荧光检测。

1.3 数据分析方法

采用遗传多样性分析、聚类分析、主成分分析按刘文国等的方法进行^[8]。利用STRUCTURE 2.3软件^[9]分析群体遗传结构,具体操作过程:先设定群体数目(K)为1~10,将MCMC(Markov Chain Monte Carlo)开始的不作数迭代(length of burnin period)设为10 000次,再将不作数迭代后的MCMC(Number of MCMC Reps after Burnin)设为100 000次,每个K值运行5次(iteration为5)。

$\Delta K=m[|L(K+1)-2L(K)+L(K-1)|/s[L(K)]]$,m为均值,s为标准误,依据似然值最大的原则选取1个合适的K值,画出基于模型的群体遗传结构图。基于混合模型的亚群划分,计算各自交系Q值(第i自交系其基因组变异源于第k群体的概率)。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性分析

2.1.1 62份材料的遗传多样性分析

利用40对SSR引物对62份玉米材料进行分析,筛选获得39对具有显著多态性的引物。遗传多样性分析表明(表2),共检测出162个等位基因变异,每个位点检测出2~6个等位基因数,平均4.05个,其中,A5、A11、A12、A22和A40扩增的等位基因变异最多(6个),A18、A19和A28最少(2个)。每个SSR位点的多态性信息量变化幅度为0.18~0.75,平均0.45。基因多样性指数范围在0.18~0.72,平均0.51。

2.1.2 不同改良群体选系材料的遗传多样性分析

2.1.2.1 铁7922循环群体选系材料的遗传多样性分析

在铁7922群体选系中,39对SSR标记共检测出83个等位基因变异,每个标记检测出1~4个等位基因,平均2.13个。A10和A17的等位基因变异最丰富(4个),A5、A8、A15、A18、A27、A28、A30、A33、A34和A39的等位基因变异最低(1个)。每个标记的多态性信息量在0~0.53,平均0.26,其中,A4最大(PIC=0.54),A5、A8、15、A18、A27、A28、A30、A33、A34和A39最低(PIC=0),表明这些标记在铁7922改良系中无差异。其他标记具有良好的多态性,基因

多样性指数在0~0.61,平均为0.31。

2.1.2.2 吉13S228循环群体选系材料的遗传多样性分析

在吉13S228群体选系中,39对SSR标记共检测出140个等位基因变异,每个标记检测出2~5个等位基因,平均3.51个,其中,A5、A9、A22、A29、A33和A40等位基因变异最丰富(5个),A15、A18、A19和

A28的等位基因变异最低(2个)。每个标记的多态性信息量在0.13~0.63,平均0.37,其中,A22最大(PIC=0.63),A19最低(PIC=0.13)。基因的多样性指数在0.14~0.68,平均0.42。从整体分析来看,这些标记在吉13S228改良系间的多态性较强,具有良好的多态性。

表2 39个标记在62份材料间的遗传多样性分析

Table 2 Summary of genetic diversity among 39 SSRs markers detected in 62 inbred lines

编号 No.	引物 Primer	频数 Frequency	等位 基因数 Allele No.	基因多样性 Gene diversity	多态性 信息量 PIC	编号 No.	引物 Primer	频数 Frequency	等位 基因数 Allele No.	基因多样性 Gene diversity	多态性 信息量 PIC
1	A1	0.69	3	0.46	0.39	21	A22	0.32	6	0.78	0.75
2	A3	0.58	4	0.54	0.46	22	A23	0.64	4	0.48	0.39
3	A4	0.58	4	0.60	0.54	23	A24	0.54	4	0.61	0.54
4	A5	0.50	6	0.63	0.56	24	A25	0.66	3	0.48	0.39
5	A6	0.41	3	0.63	0.55	25	A26	0.62	4	0.50	0.41
6	A7	0.72	4	0.43	0.38	26	A27	0.53	5	0.60	0.53
7	A8	0.64	4	0.54	0.49	27	A28	0.62	2	0.47	0.35
8	A9	0.43	5	0.72	0.67	28	A29	0.72	5	0.45	0.43
9	A10	0.41	4	0.66	0.59	29	A30	0.48	3	0.61	0.52
10	A11	0.45	6	0.70	0.65	30	A31	0.50	5	0.58	0.49
11	A12	0.77	6	0.38	0.35	31	A32	0.45	4	0.59	0.49
12	A13	0.64	4	0.53	0.47	32	A33	0.45	3	0.54	0.47
13	A14	0.70	3	0.45	0.40	33	A34	0.82	3	0.30	0.26
14	A15	0.87	4	0.23	0.22	34	A35	0.48	4	0.68	0.62
15	A16	0.79	3	0.34	0.30	35	A36	0.90	4	0.18	0.17
16	A17	0.50	4	0.64	0.57	36	A37	0.87	4	0.24	0.22
17	A18	0.56	2	0.49	0.37	37	A38	0.67	4	0.46	0.39
18	A19	0.87	2	0.22	0.19	38	A39	0.83	3	0.28	0.26
19	A20	0.40	4	0.68	0.62	39	A40	0.53	6	0.65	0.60
20	A21	0.70	4	0.45	0.40	平均		0.62	4.05	0.51	0.45

2.2 遗传距离和聚类分析

2.2.1 62份材料的遗传距离和聚类分析

根据39对引物的162个等位基因变异结果计算各自交系间的遗传距离,表明62份材料间的遗传距离变幅在0.11~1.87,平均0.76,30.6%集中于0.75~1,59.4%集中于0.50~1(图1),S1842和S1843、S1869和吉13S228之间的遗传距离最小,均为0.11,表明其亲缘关系较近,遗传背景较相似。S1818、S1826、S1865和1018与黄早四之间的遗传距离最大,均为1.87,表明这些材料与黄早四血缘关系较远,遗传差异较大。

根据遗传距离进行聚类分析,62份材料可分成6个类群(图2),结合各类群中是否含有不同种质类群的代表自交系来确定类群的名称。类群1为类吉

13S228群,含有自交系吉13S228及其改良系,共计39份,占总数的62.90%;类群2为Reid群,含有B73、铁7922及其改良系,共计19份,占总数的30.64%;类群3为塘四平头群,只有黄早四,占总数的1.60%;类群4只含有1018,占总数的1.60%;类群5为旅大红骨群,只含有丹340;类群6为Lancaster群,只含有Mo17。将聚类分析的结果与53份循环选系材料的系谱对比,有51份自交系符合,占总数的96.22%,2份自交系(S1832和S1870)则与系谱不符。

2.2.2 不同改良群体间的遗传距离和聚类分析

将铁7922改良系和吉13S228改良系群体与9个标准测验种进行遗传距离分析表明(图3),遗传距离变幅0.09~1.72,均值0.89,平均值和遗传距离变幅较大,其中,吉13S228改良系群体和自交系吉

13S228间的遗传距离最小(0.09),铁7922改良系群体和自交系铁7922间的遗传距离也较近(0.16),说明改良系的遗传背景在育种选择中主要还是以改良受体为主。

对铁7922和吉13S228这两个改良系群体与测验种4134进行遗传距离分析,4134与铁7922改良系群体的遗传距离较近(0.33),与吉13S228改良系群体遗传距离相对较远(0.61),这与系谱关系较为一

致。与测验种1018进行遗传距离分析,1018与二者遗传距离较远,其中,与铁7922改良系群体的遗传距离(0.92)大于与吉13S228改良系群体的遗传距离(0.71),说明铁7922改良系群体与1018之间筛选出优良组合的概率较大,杂种后代表现更具优势潜力。遗传关系最远的为铁7922、B73与黄早四间的遗传距离(1.72),表明Reid群与塘四平头群间的血缘关系较远,遗传差异较大。

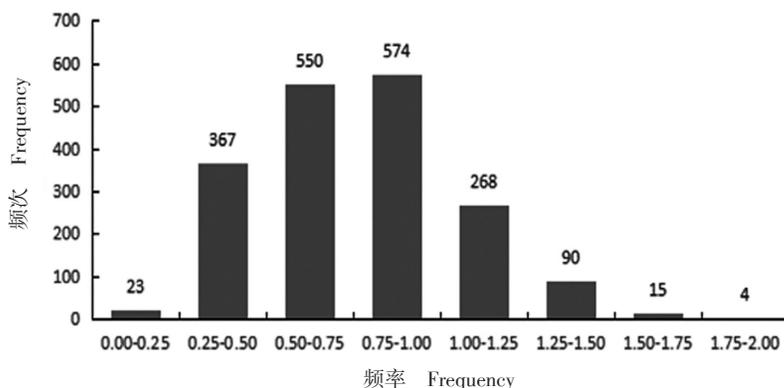


图1 62份材料的Nei's(1972)遗传距离的频次分布

Fig.1 Distribution of pairwise Nei's(1972) genetic distance calculated for 62 maize inbred lines genotyped with 39 SSR markers

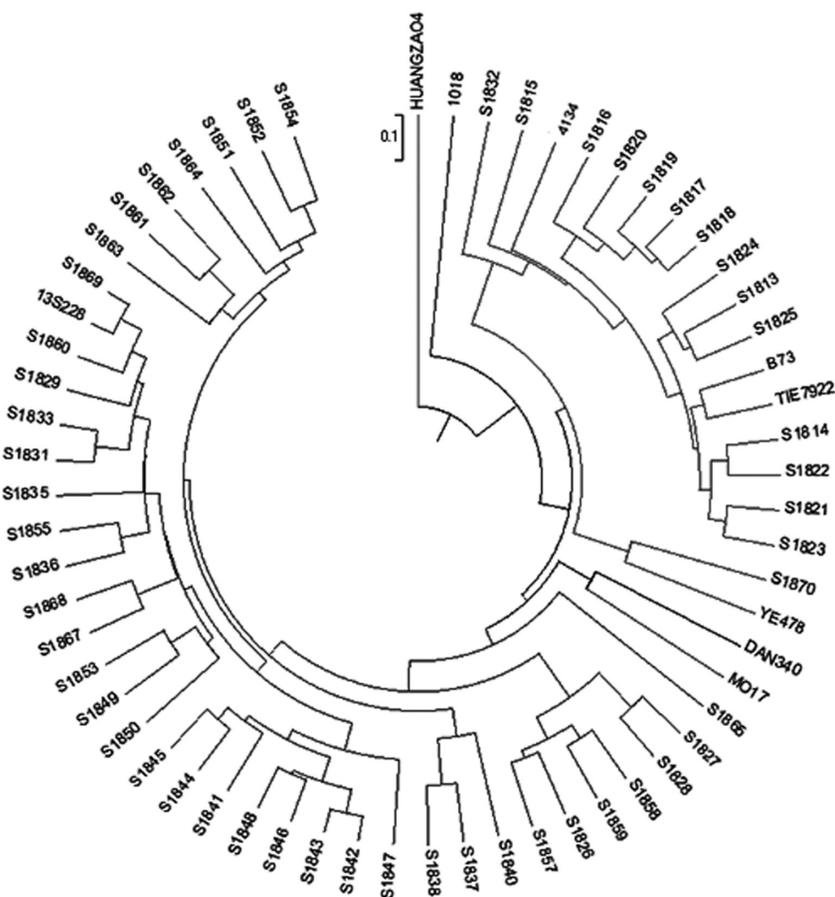


图2 供试自交系的UPGMA聚类图

Fig.2 The UPGMA tree for tested inbred lines

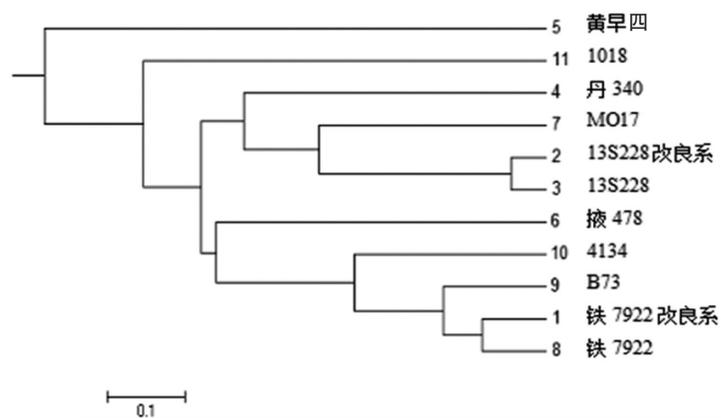


图3 11个群体间的聚类图

Fig.3 Dendrogram between 11 groups

2.2.3 群体内的遗传距离和聚类分析

2.2.3.1 铁 7922 群体内的遗传距离和聚类分析

将3个铁 7922 改良系群体与受体铁 7922 之间的遗传距离进行分析表明(图4),与受体铁 7922 相比, W4M029×铁 7922 与其遗传距离最近(0.21), LM-16×铁 7922 与其遗传距离最远(0.24)。改良系群体间 PHHB9×铁 7922 与 W4M029×铁 7922 之间的遗传距离最近(0.15), PHHB9×铁 7922 与 LM-16×铁 7922 之间的遗传距离较远(0.23)。

2.2.3.2 吉 13S228 群体内的遗传距离和聚类分析

将10个吉 13S228 改良系群体与受体吉 13S228

间的遗传距离进行分析表明(图5),可划分成4个亚群,最大的亚群内包括5个改良群体,分别为吉 13S228、X820×吉 13S228、W7M114×吉 13S228、Z8501×吉 13S228 和 904×吉 13S228;第二个亚群包括3个,分别为 PHJ33×吉 13S228、J8606×吉 13S228 和 WS49×吉 13S228;第三个亚群为 798-1×吉 13S228 与 W6F513×吉 13S228, PHP02×吉 13S228 独自一群。与受体吉 13S228 遗传距离最近的改良系群体为 X820×吉 13S228(0.16),最远的为 798-1×吉 13S228 (0.50), PHP02×吉 13S228 与 789-1×吉 13S228 改良系群体间的遗传距离最远(0.69)。

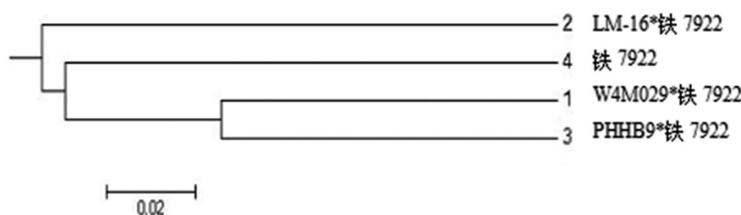


图4 铁 7922 群体内聚类图

Fig.4 Tie 7922 group clustering diagram

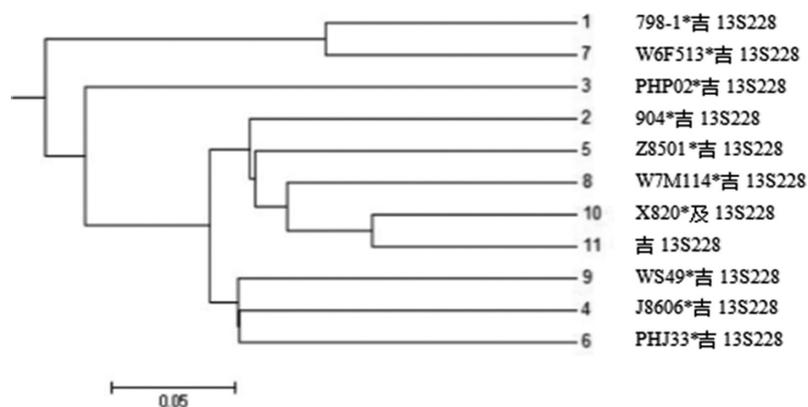


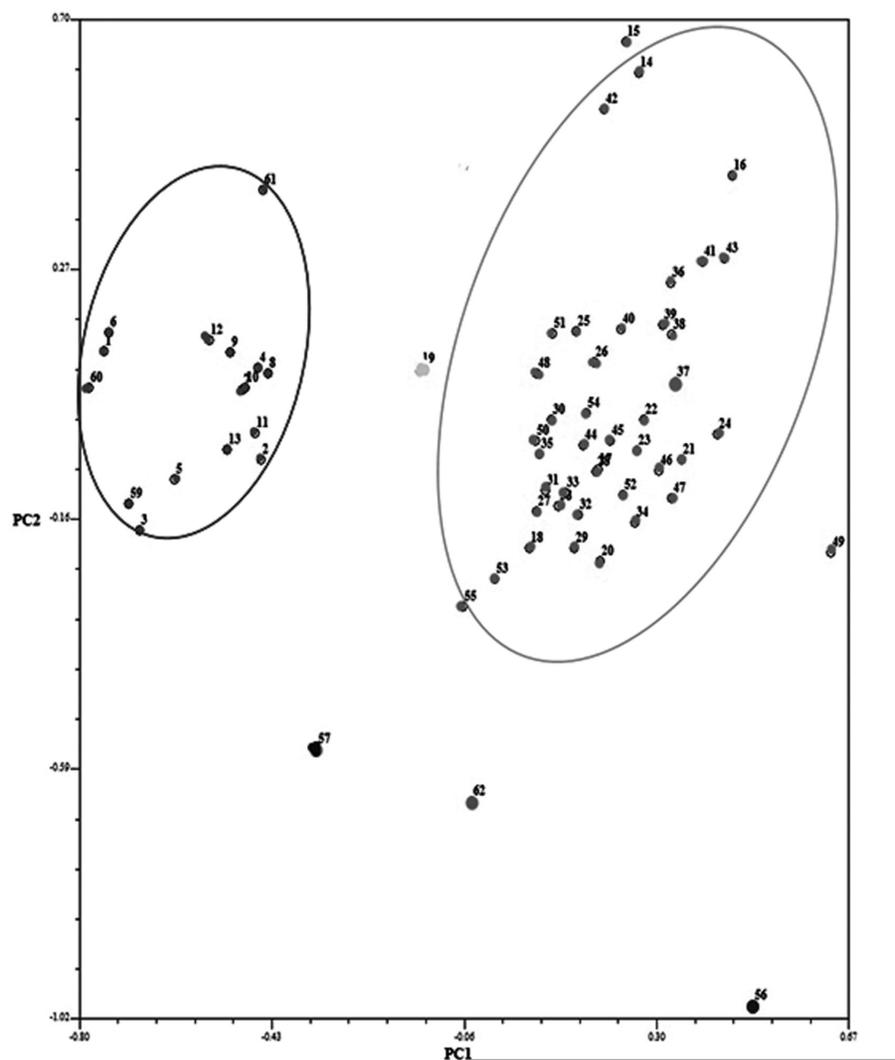
图5 吉 13S228 群体内聚类图

Fig.5 The Ji 13S228 group clustering diagram

2.3 主成分分析

基于Nei's遗传距离,利用NTSYS-pc2.11软件进行主成分分析,前2个主成分可解释等位基因变异的64.24%,在由PC1(42.89%)和PC2(21.35%)做出的二维图中(图6),根据各自交系的集中程度,可清楚地鉴定出2大类群,一个为左面的黑色类群,代表自交系有铁7922及其改良系和标准测验种B73、

4134这16个自交系,属于典型的A群种质;另一个为右面的深灰色类群,代表自交系有吉13S228及其改良系和标准测验种Mo17,属于典型的Lancaster群,其中,798-1×吉13S228选育的3个自交系(14,15,16)和W6F513×吉13S228选育的1个自交系(42)偏离稍远。除此之外,标准测验种掖478、1018、黄早四则位于最下方,距离较远。



注:1~62代表的自交系同表1。下图同。

Note: 1-62 represent inbred line the same as table 1. The same below.

图6 基于39个SSR标记对62份自交系的二维PCA分析

Fig.6 2D Principal component analysis (PCA) of 62 inbred lines genotyped with 39 SSR markers

利用三维图可以更好更准确地揭示类群的划分。前3个主成分可解释等位基因变异的77.96%,在由PC1(42.89%)、PC2(21.35%)和PC3(13.72%)做出的三维图中(图7),可清楚地鉴定出趋向于两大类群,一类为左面的黑色类群,代表自交系有铁7922及其改良系和标准测验种B73、4134、掖478这17个自交系,属于典型的SS群种质;另一类为右面的深

灰色类群,代表自交系有吉13S228及其改良系和标准测验种Mo17、丹340、黄早四;1018位于三维图的最下边,与这两类群的距离较远,属于较独特的种质。但根据当前商业化的育种思路和育种实践,本研究的类群划分完全符合SS和NSS的两群理论,以A群种质为SS类群,以吉13S228及其改良系和标准测验种Mo17、丹340、黄早四和1018作为NSS类群。

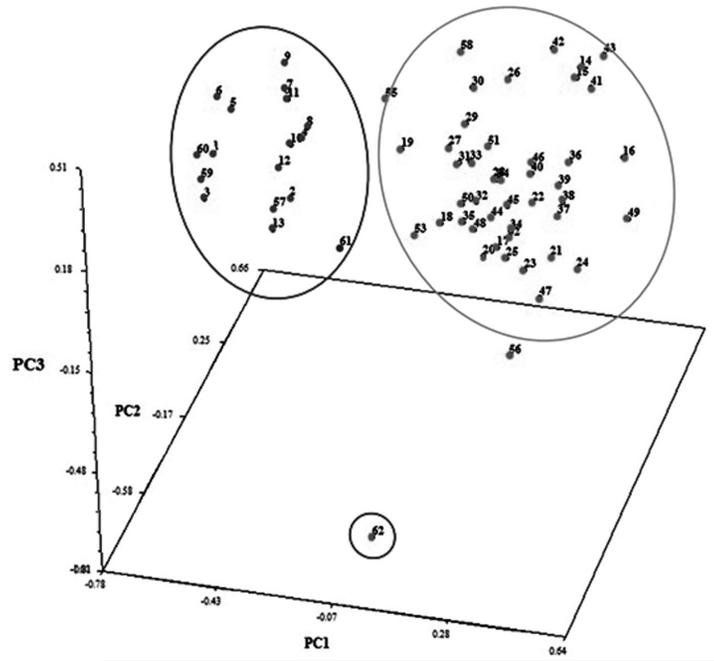


图7 基于39个SSR标记对62份自交系的三维PCA分析

Fig.7 3D Principal component analysis(PCA) of 62 inbred lines genotyped with 39 SSR markers

2.4 模型聚类 and 遗传结构分析

群体遗传结构和模型聚类分析表明, K=1 ~ 10

时, ΔK 在 K=2 时出现明显峰值(图8), 即 62 份材料可分为 2 个类群。以类群属性比率(基于标记所揭示

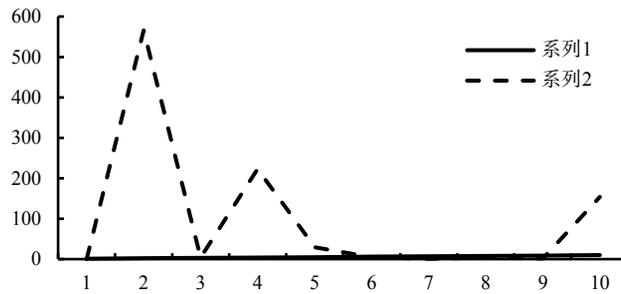


图8 ΔK的变化曲线

Fig.8 Curve changes ΔK

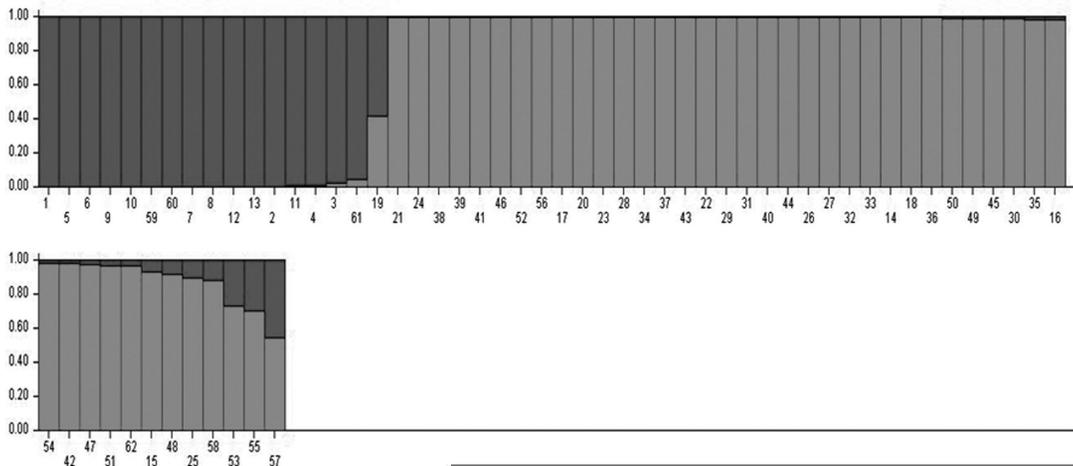


图9 62份材料的遗传结构

Fig.9 Population structure of 62 inbred line

的研究材料的遗传组分在各类群上的分布百分比,=60%的遗传组分称为类群属性比率,<60%的遗传组分则称为非类群属性比率)作为划分依据时,62份材料被划分到2个类群中,根据已有的各自交系系谱及代表性自交系,根据两群论,这2个类群可划分为SS群(黑色)、NSS群(深灰色)。

在2个类群中,SS群的典型代表系有B73、铁7922、4134,共16份材料,占总数的25.8%。NSS群的典型代表系为Mo17,包含46份材料,占总数的74.19%(图9)。聚类结果均与系谱符合。

3 结论与讨论

3.1 遗传多样性比较分析

本研究以39对SSR引物利用毛细管电泳检测技术对62份玉米自交系进行了分析,与前人研究相比,每对引物平均检测等位基因4.05个,要高于国内同类研究。在李新海等和吴承来等研究中所用的SSR标记分别为64、112个,自交系分别为70、97个,数量均比本研究要多,这说明利用毛细管电泳技术的分辨率更高,能检测到更多的等位基因。

本研究中,吉13S228改良系群体检测的等位基因变异、基因多样性指数、多态性信息量均高于铁7922改良系群体,表明吉13S228改良系群体的遗传多样性高于铁7922改良系群体,出现此现象的原因可能与供体的个数有关,铁7922群体中含有3个供体,吉13S228群体中含有10个供体,供体的个数及来源差异越大对遗传多样性具有重要意义。因此,开展循环育种,应增加供体自交系数量,且要有合理的遗传距离,以增加遗传多样性,拓宽种质遗传基础。

3.2 杂种优势群分析

本研究通过主成分分析和基于模型聚类的遗传结构分析,均清楚直观地划分为两大类群,一类为SS群种质(铁7922及其循环选系材料、B73、4134、掖478),另一类为NSS群种质(吉13S228及其循环选系材料和标准测验种Mo17、丹340、黄早四、1018),符合玉米商业育种的两个杂种优势群思路。国外的玉米杂种优势群理论也是在不断地形成和完善。1976年之前,美国玉米自交系还没有推开杂种优势群,到20世纪90年代才初步形成两个杂种优势的轮廓。欧洲较美国稍晚,2003年时SS和NSS两群自交系间还有相互重叠,选自先锋杂交种的自交系单独成群,而到2008年先锋自交系大部分融入NSS一群,2012年两个杂种优势群就已经明显独立^[10]。因此,只要坚持循环育种策略持之以恒地开展种质遗传改良,就一定会建立具有中国特色的玉米商业育

种技术体系。

参考文献:

- [1] 董占山,高玉峰,柴宇超,等.玉米育种理论技术新拓展与商业育种实践[J].玉米科学,2016,24(1):1-7.
Dong Z S, Gao Y F, Chai Y C, et al. New development of corn breeding theory and technology and commercial breeding practice[J]. Journal of Maize Sciences, 2016, 24(1): 1-7. (in Chinese)
- [2] 张世煌.玉米种质创新和商业育种策略[J].玉米科学,2006,14(4):1-3,6.
Zhang S H. Maize germplasm innovation and commercial breeding strategy[J]. Journal of Maize Sciences, 2006, 14(4): 1-3, 6. (in Chinese)
- [3] 李新海,袁力行,李晓辉,等.利用SSR标记划分70份我国玉米自交系的杂种优势群[J].中国农业科学,2003,36(6):622-627.
Li X H, Yuan L X, Li X H, et al. Using the SSR marker to divide the heterotic group of 70 maize inbred lines in China[J]. Chinese Agricultural Sciences, 2003, 36(6): 622-627. (in Chinese)
- [4] 刘杰,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.
Liu J, Chen G. SSR markers for genetic variation and dominant group division of maize inbred lines[J]. Northwest Plant Journal, 2002, 22(4): 741-750. (in Chinese)
- [5] 吴承来,张倩倩,董炳雪,等.我国部分玉米自交系遗传关系和遗传结构解析[J].作物学报,2010,36(11):1820-1831.
Wu C L, Zhang Q Q, Dong B X, et al. Analysis of genetic relationship and genetic structure of some maize inbred lines in China[J]. Journal of Crop Science, 2010, 36(11): 1820-1831. (in Chinese)
- [6] Smith J S C, Chin E C L, Shu H, et al. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize(*Zea mays* L.): Comparisons with data from RFLPs and pedigree[J]. TAG Theoretical and Applied Genetics, 1997, 95: 163-173.
- [7] 刘志斋,吴迅,刘海利,等.基于40个核心SSR标记揭示的820份中国玉米重要自交系的遗传多样性与群体结构[J].中国农业科学,2012,45(11):2107-2138.
Liu Z Z, Wu X, Liu H L, et al. Genetic diversity and population structure of 820 important maize inbred lines revealed based on 40 core SSR markers[J]. Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2012, 45(11): 2107-2138. (in Chinese)
- [8] 刘文国,张志军,赵万庆,等.基于SSR荧光标记的吉单系列玉米品种遗传分析[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2016,44(10):25-36,44.
Liu W G, Zhang Z J, Zhao W Q, et al. Genetic analysis of Jidan series maize varieties based on SSR fluorescent labeling[J]. Journal of Northwest University(Natural Science Edition), 2016, 44(10): 25-36, 44. (in Chinese)
- [9] Hubisz M, Falush D, Stephens M, et al. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information[J]. Molecular Ecology Resources, 2009, 9(5): 1322-1332.
- [10] 张世煌.商业育种只需要两个杂种优势群[J].种子科技,2014,32(7):7-8.
Zhang S H. Commercial breeding requires only two heterotic groups [J]. Seed Technology, 2014, 32(7): 7-8. (in Chinese)

(责任编辑:朴红梅)