

利用种子性状 QTL 定位高油玉米淀粉含量 QTL

李学慧¹, 申顺先¹, 李玉玲², 曹雯梅¹, 杜红¹

(1. 河南农业职业学院, 河南 中牟 451450; 2. 河南农业大学 农学院, 河南 郑州 450002)

摘要:以普通玉米自交系 8984 与高油玉米自交系 GY220 为亲本组配得到 284 个 $F_{2:3}$ 家系群体, 利用 185 个 SSR 标记构建玉米遗传连锁图谱。通过包含母体效应的种子性状 QTL 作图方法对玉米籽粒淀粉含量进行 QTL 定位和效应分析, 共检测到 7 个与淀粉含量相关的 QTL, 分别位于第 5、8、10 染色体上, 除 qSTA8-3 的遗传作用方式表现为加性外, 其余 QTL 作用方式为部分显性。单个 QTL 贡献率为 5.87% ~ 10.93%, 累计贡献率为 53.37%。所有 QTL 的增效基因均来自普通玉米亲本 8984。淀粉含量 QTL qSTA5-2 贡献率较大, 可以作为进一步精细定位的主要目标 QTL。

关键词:高油玉米; 淀粉含量; 种子性状 QTL; QTL 定位

中图分类号: S513.03 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2012)02-0097-03

QTL Analysis of Starch Content in High-oil Maize Using Seed Trait QTL

LI Xue-hui¹, SHEN Shun-xian¹, LI Yu-ling², CAO Wen-mei¹, DU Hong¹

(1. Henan Vocational College Agriculture Zhongmu 451450, China;

2. Agronomy College of Henan Agricultural University Zhengzhou 450002, China)

Abstract: $F_{2:3}$ populations consisted of 284 plants were developed from the cross between a normal maize inbred 8984 and a high-oil maize inbred GY220, and a genetic linkage map including 185 SSR markers constructed by (8984/GY220) F_2 population. The quantitative trait loci (QTL) of starch content were identified and their effects were evaluated using SeedTraitQTL containing maternal effect. A total of seven QTL were detected in the $F_{2:3}$ population, located on chromosome 5, 8 and 10 respectively. Six QTLs showed partially dominant effects but qSTA8-3 showed additive. Contribution of single QTL to phenotypic variation varied from 5.87% to 10.93%, and total contributions of all QTLs were 53.38%. The allele of all QTLs were contributed by the normal maize parent 8984. The QTL qSTA5-2 with higher contribution could be used as the main objective QTL in fine mapping.

Key words: High-oil maize; Starch content; Seed Trait QTL; QTL analysis

高油玉米与普通玉米相比, 具有籽粒品质好、秸秆持绿性好等优点, 然而由于种质资源相对缺乏^[1], 籽粒产量仍不占优势。淀粉是籽粒的主要成分, 也是产量的主要决定因素之一。胚乳占籽粒总质量的 80% ~ 85%, 全部淀粉大约有 98% 在胚乳中^[2]。胚乳是三倍体组织, 其遗传机制也比二倍体农艺性状复杂的多。随着分子标记技术和分子数量遗传学的发展, 不同学者提出了分析三倍体胚乳性状的不同理论^[3-7]。Wu 等研究表明, 应用三倍体模型定位玉米胚乳蛋白品质组分 QTL 结果比二倍体模型更精确^[8]。李玉玲、董永彬等利用三倍体胚乳遗传模型对爆裂玉米膨爆特性、籽粒淀粉和蛋白质含量进行了 QTL 定位分析^[9-11]。

本研究以普通玉米与高油玉米自交系杂交构建的 $F_{2:3}$ 家系为材料, 利用 SSR 标记构建分子标记遗传图谱, 应用种子数量性状基因作图方法对玉米籽粒淀粉含量进行 QTL 定位和效应分析, 旨在探讨玉米籽粒淀粉的分子遗传基础, 同时为 QTL 精细定位提供相关依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

2004 年夏播以自选优良普通玉米自交系 8984 为母本、从中国农业大学引进的高油玉米自交系 GY220 为父本, 组配 F_1 , 同年冬在海南种植 F_1 , 人工套袋自交得到 F_2 。2005 年夏播在河南农业大学科

收稿日期: 2010-12-01

基金项目: 河南省科技攻关项目 (0424020025)

作者简介: 李学慧 (1979-), 女, 河南驻马店人, 讲师, 硕士, 主要从事作物遗传育种教学与研究工作。

教园区种植 F_2 ,人工套袋自交得到 284 个 $F_{2:3}$ 家系。2006 年,在河南洛阳春播和许昌农场夏播两种环境条件下分别种植 284 个 $F_{2:3}$ 家系、亲本和杂交 F_1 ,采用 α -拉丁方试验设计,单行区,重复 2 次,行长 4 m,行距 0.667 m。全部植株人工套袋,于花丝吐出 80% 以上时,在小区内进行姊妹交授粉,以避免花粉直感效应的影响,同时确保结实率。田间管理同一般大田。待玉米生理成熟后,单株收获,风干后进行室内考种和脱粒,以小区为单位混合籽粒。

1.2 淀粉含量测定

每小区随机选取无病虫害的干净完整籽粒 200 粒左右,利用 8620 型 Bruker FT-NIR 近红外光谱分析仪测定亲本、 F_1 和 $F_{2:3}$ 家系籽粒的淀粉含量,重复 3 次,以两环境的平均数进行 QTL 定位分析。

1.3 连锁图谱构建

亲本、 F_1 和 F_2 单株在苗期取叶片,采用改良的 CTAB 法^[12] 提取 DNA。参照已发表的玉米分子标记连锁图,从 MaizeGDB(<http://www.maizegdb.org>) 中选取均匀覆盖全基因组的 665 个 SSR 标记,进行亲本多态性筛选。用 Mapmaker version 3.0 对 F_2 群

体的分子标记基因型结果进行遗传连锁图谱的构建^[13],用 MapDraw 2.1 进行遗传连锁图谱的绘制。

1.4 QTL 分析

根据 Wang 等^[14] 提出的包含母体效应的籽粒性状 QTL 作图方法,利用 SeedTraitQTL Explorer V1.0 对淀粉含量进行定位和效应分析。QTL 的作用方式按 Stuber 等^[15] 的标准判定,根据显性效应值与加性效应值比值的绝对值 DR 的大小判断,当 $DR \leq 0.2$ 时为加性, $0.2 < DR \leq 0.8$ 时为部分显性, $0.8 < DR \leq 1.2$ 时为显性, $DR > 1.2$ 时为超显性。

2 结果与分析

2.1 玉米亲本及 $F_{2:3}$ 家系的淀粉含量

2 种环境条件下玉米亲本及 $F_{2:3}$ 家系的淀粉含量见表 1。由表 1 可知,普通亲本 8984 的淀粉含量高于高油亲本 GY220,两亲本在不同环境中表现差异不大。 $F_{2:3}$ 家系在夏播及合并分析时均呈超双亲分离。其偏度和峰度的绝对值均小于 1,呈正态分布,说明籽粒淀粉含量可能受微效多基因控制。

表 1 玉米亲本及 $F_{2:3}$ 家系的淀粉含量

Tab. 1 Starch content of two maize parents and $F_{2:3}$ families

环境 Environment	亲本 Parents		$F_{2:3}$ 家系 $F_{2:3}$ families				
	8984	GY220	变幅 Range	平均数 \pm 标准差 Average \pm S	变异系数/% CV	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
春播 Spring sowing	65.16	61.05	61.63 ~ 68.65	64.70 \pm 1.22	1.89	-0.07	-0.03
夏播 Summer sowing	64.16	61.45	59.78 ~ 67.20	63.83 \pm 1.36	2.13	-0.05	-0.38
合并 Combination	64.66	61.25	60.71 ~ 67.51	64.26 \pm 1.15	1.79	-0.21	0.04

表 2 玉米 $F_{2:3}$ 群体淀粉含量的 QTL 定位

Tab. 2 QTLs detected for starch content in $F_{2:3}$ population

QTL	标记区间 Marker-interval	基因座 Bin locus	位置 Position	LOD	加性效应 A	显性效应 D	贡献率/% R^2	作用方式 Action
qSTA5-1	umc2115 - bnlgl879	5.02	17.8	5.07	0.45	0.10	8.60	PD
qSTA5-2	umc1162 - bnlg2323	5.04	46.9	7.50	0.51	0.09	10.93	PD
qSTA8-1	bnlg2082 - umc1360	8.03	159.8	3.45	0.37	0.07	5.87	PD
qSTA8-2	bnlg2046 - umc1562	8.04 ~ 8.05	185.2	4.32	0.42	-0.07	7.44	PD
qSTA8-3	bnlg162 - umc1149	8.05 ~ 8.06	211.0	3.76	0.38	-0.04	6.04	A
qSTA8-4	umc1960 - bnlgl823	8.06 ~ 8.07	232.7	3.46	0.38	-0.09	6.20	PD
qSTA10-1	phi050 - umc2163	10.03 ~ 10.04	117.1	4.56	0.43	0.16	8.29	PD

注: A 为加性, PD 为部分显性。

Note: A. Additive; PD. Partial dominance.

2.2 玉米遗传连锁图谱的构建

从 665 对 SSR 引物中筛选出 212 对在双亲间具有多态性的标记(占 31.88%),对 $F_{2:3}$ 群体进行标记分析。通过卡方测验去除 12 对严重偏分离的标记,对 200 个 SSR 分子标记位点进行连锁分析,有 15 个标记未被划入连锁群中。该 SSR 分子标记图谱包含 185 个标记位点,覆盖 10 条染色体,图谱的总长度为 2 111.7 cM,相邻两标记间的平均距离为

12.3 cM。大部分标记所属的染色体同已经发表的数据和 MaizeGDB 中的结果基本一致。有 1 个标记例外,原来位于第 10 染色体上的 umc1336(10.03)被定位在第 6 染色体(6.00)。

2.3 淀粉含量的 QTL 定位分析

共检测到 7 个与淀粉含量相关的 QTL,分别位于第 5、8 和 10 染色体上(表 2),单个 QTL 贡献率为 5.87% ~ 10.93%,累计贡献率为 53.37%,仅有 1 个

QTL qSTA5-2 的贡献率大于 10%。除 qSTA8-3 的遗传作用方式表现为加性外,其余 QTL 作用方式为部分显性,表明籽粒淀粉遗传基础以部分显性为主。所有 QTL 的增效基因均来自普通玉米亲本 8984。

3 讨论

不同学者利用不同种质玉米对籽粒淀粉含量进行了相关 QTL 定位研究。Berke 等^[16]利用 IHO(伊利诺斯高油家系)和 ILO(伊利诺斯低油家系)构建了 200 个 S_1 群体,通过方差分析法用 RFLP(限制性内切酶片段长度多态性)标记进行研究分析,共检测到 28 个与淀粉含量相关的 QTL,表现为加性、加性-显性和显性效应的 QTL 个数分别为 10 个、17 个和 1 个,其中主效 QTL 位于第 2(2.07)、3(3.04)、9(9.03)染色体上。董永彬等^[10]利用普通玉米和爆裂玉米自交系构建 $F_{2:3}$ 群体,采用三倍体胚乳遗传模型和区间作图法在春播、夏播 2 种环境条件下共检测到 10 个与淀粉含量相关的 QTL,其中春播检测到的 QTL 夏播时均被检测到。张淑贞等^[17]以农系 531 和农系 110 杂交衍生的 83 个 DH 系构成的 DH 群体为材料,共检测到与淀粉含量相关的加性 QTL 1 个,上位性 QTL 8 个,加性 QTL 位于第 3(3.06 ~ 3.07)染色体上,贡献率较大,为 38.99%。

本研究通过普通玉米和高油玉米杂交构建 $F_{2:3}$ 群体,应用种子性状 QTL 作图专用软件进行分析,共检测到 7 个与淀粉含量相关的 QTL,分别位于第 5(5.02、5.04)、8(8.03、8.04 ~ 8.05、8.05 ~ 8.06、8.06 ~ 8.07)和 10(10.03 ~ 10.04)染色体上。单个 QTL 贡献率均不是很大,贡献率最大的 QTL qSTA5-2 仅为 10.93%,位于 5.04 bin 位点,Berke 等^[16]也在该位点及 8.03bin 位点检测到淀粉含量 QTL。Wassom 等^[18]利用回交群体在 8.03bin 位点,Dudley 等^[19]利用测交群体在 8.03、8.05 和 10.03 bin 位点检测到淀粉含量 QTL,与本研究结果有较好的一致性。此外,董永彬等^[10]在 5.02 ~ 5.03、5.03 ~ 5.04 bin 位点,Wassom 等^[18]和 Dudley 等^[19]均在 5.03 bin 位点也检测到与淀粉含量相关的 QTL,说明在 5.02 ~ 5.04 和 8.03 bin 位点可能存在控制玉米淀粉含量的 QTL。

本研究仅在 3 条染色体而未在其他染色体上检测到淀粉含量 QTL。同一性状的 QTL 在不同研究中检测结果不完全一致的原因包括:构建分离群体的亲本种质、群体类型、试验环境及 QTL 分析所用到的遗传模型不同等。前人大多应用二倍体遗传模型对籽

粒性状进行分析,本研究利用的种子性状 QTL 将母、子两代遗传组成相结合,是一种新的包含母体效应的籽粒性状 QTL 作图方法,可能会在一定程度上提高淀粉含量 QTL 的统计功效。其中在第 5 染色体上检测到的淀粉含量 QTL qSTA5-2 贡献率大于 10%,距两侧标记 umc1162 和 bnlg2323 分别为 5cM 和 3.8 cM,可以作为进一步精细定位的主要目标 QTL。

致谢:扬州大学胡治球老师和汤在祥老师在软件应用及数据处理上提供了很大帮助,在此深表谢意!

参考文献:

- [1] 宋同明. 高油玉米自交系的培育与改良[J]. 作物杂志, 1991(3): 13-14.
- [2] 于振文. 作物栽培学各论[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003: 106-107.
- [3] 朱军, 许馥华. 胚乳性状的遗传模型及其分析方法[J]. 作物学报, 1994, 20(3): 264-270.
- [4] 莫惠栋, 徐辰武. 质量-数量性状的遗传分析 III. 受三倍体遗传控制的胚乳性状[J]. 作物学报, 1994, 20(5): 513-519.
- [5] 徐辰武, 李稻, 孙长森, 等. 胚乳性状数量基因的定位方法[J]. 生命科学研究, 2001, 5(4): 314-320.
- [6] 何小红, 胡治球, 王伟, 等. 谷类作物胚乳品质性状的 QTL 分析方法[J]. 扬州大学学报: 农业与生命科学版, 2005, 26(1): 45-50.
- [7] 王学枫, 汤在祥, 王亚民, 等. 基于 NC III 和 TTC 设计的胚乳性状 QTL 区间作图方法[J]. 作物学报, 2008, 34(10): 1734-1743.
- [8] Wu R L, Lou X Y, Ma C X, et al. An improved genetic model generates high-resolution mapping of QTL for protein quality in maize endosperm[J]. The Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA, 2002, 99: 11281-11286.
- [9] 李玉玲, 董永彬, 崔党群, 等. 利用三倍体胚乳遗传模型定位爆裂玉米膨爆特性 QTL[J]. 中国农业科学, 2006, 39(3): 448-455.
- [10] 董永彬, 李玉玲, 牛素贞. 利用三倍体胚乳遗传模型定位玉米籽粒淀粉含量 QTL[J]. 遗传, 2006, 28(11): 1401-1406.
- [11] 李玉玲, 王延召, 董永彬. 利用三倍体胚乳遗传模型定位爆裂玉米子粒蛋白含量 QTL[J]. 玉米科学, 2006, 14(6): 13-16.
- [12] Saghai-Maroo M A, Soliman K M, Jorgensen R A, et al. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics[J]. Pnas, 1984, 81: 8014-8018.
- [13] Lincoln S, Daly M, Lander E. Mapping genetic mapping with MAPMAKER/EXP3.0[J]. Cambridge: Whitehead Institute Technical Report, 1992.
- [14] Wang X F, Hu Z Q, Wang W, et al. A mixture model approach to the mapping of QTL controlling endosperm traits with bulked samples[J]. Genetica, 2008, 132: 59-70.
- [15] Stuber C W, Edwards M D, Wendel J. F₁ Molecular marker facilitated investigations of quantitative trait loci in maize. II. Factors influencing yield and its component traits[J]. Crop Sci, 1987, 27: 639-648.
- [16] Berke T G, Rocheford T R. Quantitative trait loci for flowering, plant ear height and kernel traits in maize[J]. Crop Sci, 1995, 35: 1542-1549.
- [17] 张淑贞, 刘志增, 李丁, 等. 玉米 DH 群体籽粒品质性状的 QTL 分析[J]. 河北农业大学学报, 2008, 31(3): 1-5.
- [18] Wassom J J, Wong J C, Martinez E, et al. QTL associated with maize kernel oil, protein, and starch concentrations; kernel mass; and grain yield in Illinois high oil \times B73 back-cross-derived lines[J]. Crop Sci, 2008, 48: 243-252.
- [19] Dudley J W, Dijkhuizen A, Paul C, et al. Effects of random mating on marker-QTL associations in the cross of the Illinois high protein-Illinois low protein maize strains[J]. Crop Sci, 2004, 44: 1419-1428.