



赵韦. 玉米抽雄期茎秆木质素含量遗传分析[J]. 黑龙江农业科学, 2022(2):10-13.

玉米抽雄期茎秆木质素含量遗传分析

赵 韦

(黑龙江省农业科学院 玉米研究所, 黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:为进一步探究玉米抽雄期茎秆木质素含量的遗传基础,以普通玉米自交系 B73 (强抗倒性)为母本、以普通玉米自交系辐 673 (弱抗倒性)为父本构建的重组自交系群体及亲本为试验材料,采用主基因+多基因联合分离分析模型,对玉米抽雄期木质素含量进行遗传分析。结果表明:玉米抽雄期茎秆木质素含量遗传符合加性-上位性+多基因遗传模型,主基因遗传率为 41.32%,多基因遗传率为 38.79%,多基因效应影响显著。因此,在抗倒伏玉米品种的选育过程中要同时注意基因间的加性效应和基因间的互作效应,也不能忽视微效多基因的累加效应。

关键词:玉米;木质素含量;主基因和多基因;遗传分析

玉米是重要的粮食、饲料和工业原料作物,也是世界上种植最广泛的谷类作物之一。目前全世界玉米的年种植面积达到 1.3 亿 hm^2 以上,总产 7 亿 t 左右,约占全球粮食总产量的 35% 左右,已经成为全球第一大粮食作物^[1]。玉米生长过程中经常会发生倒伏现象,我国每年因倒伏造成的减产损失达到 100 万 t^[2]。开展玉米抗倒伏种质筛选,进行抗倒伏优良品种选育,对于提高玉米产量、适应机械化采收及促进玉米产业发展具有重要的现实意义。

大量研究表明,玉米抗倒伏能力的强弱与茎秆中木质素的含量有一定的相关性。木质素和纤维素是玉米秸秆的主要组成物质,植物的细胞壁中含有大量的木质素,主要起到提供养分、水分运输和机械支持的作用。在玉米的 bm 突变体中发现,植物的抗倒伏能力强弱和木质素含量的变化与 COMT 基因突变作用存在一定的相关性^[3]。马延华等^[4]研究表明木质素含量的变化对玉米抗倒伏能力有一定的影响,木质素含量与饲料消化率呈极显著负相关。国内外大量研究表明木质素是多基因控制的数量性状,环境条件影响着木质素含量的变化^[5]。为进一步探究不同时期木质素含量对玉米茎秆抗倒伏能力的影响,遗传学家们已经开发了多种遗传模型及分析方法用于研究发

育的变化规律。如运用求偏导-积分的数学方法可分析发育遗传模型^[6];利用条件遗传分析方法可获得任意两个发育阶段间的净效应,利用发育时段的效应建立复杂数量性状的动态 QTL 模型,为探索挖掘影响性状动态发育的基因位点数量、位置及作用效应提供了有效手段^[7-9]。同时,玉米细胞壁基因芯片 (MAIZEWALL macro-array) 的开发^[10-11],也为研究不同发育阶段玉米细胞壁木质素代谢的调控基因表达提供了技术平台。因此,非常有必要开展玉米茎秆中木质素的遗传研究,以了解这一复杂数量性状变化的遗传机制,深入探讨木质素含量和玉米抗倒伏能力的相关性,对玉米育种工作具有重要指导意义。本研究以具有不同抗倒伏特性的玉米自交系及二者构建的重组自交系群体为材料,对玉米抽雄期茎秆木质素含量遗传规律进行分析,以期对玉米茎秆木质素遗传分析研究奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

2015 年以普通玉米自交系 B73 (强抗倒性)为母本 (P_1)、以普通玉米自交系辐 673 (弱抗倒性)为父本 (P_2),组配 F_1 杂交种亲本材料,连续多代自交获得 200 份重组自交系群体。本试验以 P_1 、 P_2 和 200 份重组自交系家系为试验材料。

1.2 方法

1.2.1 试验设计 试验于 2019—2020 年在哈尔滨市民主乡黑龙江省农业科学院国家现代农业科技示范园区进行。前茬作物为大豆,秋整地与起垄,田间施肥方式为一次性施肥,施入倍丰牌玉米专用缓控释肥 $750 \text{ kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。采取随机区组试验

收稿日期:2021-10-25

基金项目:黑龙江省自然科学基金联合引导项目 (LH2019C085);黑龙江省农业科学院“农业科技创新跨越工程”专项 (HNK2019CX08, HNK2019CX03)。

作者简介:赵韦 (1982—),男,硕士,副研究员,从事玉米遗传育种研究。E-mail:wei825@126.com。

设计,小区行长 2.4 m,行宽 65 cm,种植密度 7.5 万株·hm⁻²,3 次重复。在抽雄期每行选择 3 株整齐一致的植株,去除叶片后,将其茎秆带回实验室在 105 ℃下杀青 30 min,65 ℃条件下风干,然后粉碎、过筛,存放备用。2019 和 2020 年无台风等自然灾害性气候因素影响。

1.2.2 茎秆木质素含量测定 采用近红外漫反射光谱法^[12],使用德国 BRUKER 公司生产的 MPA 型号近红外反射光谱仪进行玉米茎秆木质素含量测定,扫描测试 64 次,模型采用已有的近红外定量分析模型进行数据分析^[13],结果以干基(%)表示。

1.2.3 数据分析 本试验以两年玉米茎秆木质素含量的平均值为基础数据进行遗传分析,次数分布和方差分析采用 SPSS 19.0 软件分析,并对群体株系间遗传差异显著性进行检验。采用章元明等^[14]的植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析软件对母本 B73、父本辐 673 和 200 份重组自交系群体木质素含量遗传规律进行分析。建立模型,运用极大似然法和 IECM 算法对相关参数作出估计,进而选择最优模型,在最优模型下进行基因效应值及遗传参数的估计。

2 结果与分析

2.1 玉米 RIL 群体及亲本木质素含量的正态分布和方差分析

亲本 P₁(B73)与亲本 P₂(辐 673)及其 RIL 群体的茎秆木质素含量表型值数据变异及分布情况详见表 1。

表 1 重组自交系群体家系和亲本木质素含量的变异参数及正态性检验				
世代	平均值/%	变幅/%	偏度值	峰度值
P ₁	9.15	9.01~9.38		
P ₂	4.46	4.26~5.33		
RIL	7.63	3.89~11.26	-0.979	0.758

由表 1 可知,P₁(B73)和 P₂(辐 673)木质素平均含量分别为 9.15%和 4.46%,重组自交系群体木质素含量变幅为 3.89%~11.26%。家系间存在超亲优势,并且峰度值和偏度值的绝对值均小于 1,数据分布符合正态分布(图 1)。RIL 群体抽雄期木质素含量方差分析结果表明(表 2),RIL 群体抽雄期木质素含量在重复间无显著差异,在家系间表现极显著差异($P<0.01$),符合相关遗传分析的条件。

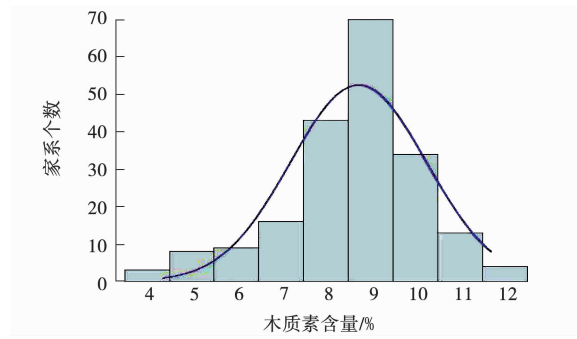


图 1 200 份 RIL 群体茎秆木质素含量的分布

表 2 RIL 群体茎秆木质素含量方差分析

变异来源	自由度	平方和	均方	F 值
区组间	1	0.5041	0.5041	25.789**
处理间	199	922.9984	4.6382	0.0001
误差	199	3.8899	0.0195	
总变异	399	927.3942		

注:*表示差异极显著($P<0.01$)。

2.2 玉米 RIL 群体及亲本抽雄期木质素含量遗传模型分析

对 P₁、P₂和 RIL 群体抽雄期的木质素含量进行遗传相关分析,运用主基因+多基因遗传模型的分析方法进行极大似然法估计。计算结果表明,E-1-3、E-1-4、E-1-5、E-1-6 和 G-0 模型的 AIC 值较小,用作备选模型(表 3)。统计量达到显著性差异的模型是 E-1-4 和 E-1-5,其余模型统计量未达到显著性差异,AIC 值最低的是 G-0 模型,所以 RIL 群体抽雄期茎秆木质素含量符合 G-0 模型。

表 3 备选模型的似然函数值(MLV)和 AIC 值		
模型	极大似然函数值	AIC 值
E-1-3	-173.86	365.23
E-1-4	-176.46	365.14
E-1-5	-176.85	364.57
E-1-6	-177.43	364.41
G-0	-171.57	361.29

2.3 玉米 RIL 群体及亲本木质素含量最适遗传模型的遗传参数估计

本研究玉米 RIL 群体木质素含量的遗传参数是采用最小二乘法进行模型中成分的均值和权重的估计。玉米茎秆木质素含量遗传受 3 对加性-上位性主基因+多基因控制,3 对主基因加性效应均为负向效应,加性效应分别为

$-0.231\ 6(d_a)$ 、 $-0.154\ 8(d_b)$ 和 $-0.156\ 2(d_c)$,第一对主基因的加性效应最高。3 对主基因两两之间的互作效应值相近。3 对主基因的综合互作效应比两基因之间互作效应低,综合互作效应 i_{abc} 为 $-0.176\ 9$ 。主基因遗传率高达41.32%,而多基因遗传率为 38.79%(表 4)。

表 4 RIL 群体及亲本木质素含量遗传参数估计

一阶参数	估计值	二阶参数	估计值
m	7.7683	σ_p^2	0.8257
d_a	-0.2316	σ_{pg}^2	0.3527
d_b	-0.1548	σ_{mg}^2	0.3621
d_c	-0.1562	σ_e^2	0.0897
i_{ab}	-2.7987	$h_{mg}^2/\%$	41.32
i_{ac}	-2.9868	$h_{pg}^2/\%$	38.79
I_{bc}	-0.2657		
i_{abc}	-0.1769		

注: m 表示群体的平均值; d_a 表示第 1 对主基因的加性效应; d_b 表示第 2 对主基因的加性效应; d_c 表示第 3 对主基因的加性效应; i_{ab} 、 i_{ac} 、 i_{bc} 、 i_{abc} 表示 3 对主基因之间的互作效应; σ_p^2 表示群体的表型方差; σ_{pg}^2 表示多基因遗传方差; σ_{mg}^2 表示主基因遗传方差; σ_e^2 表示误差方差; h_{mg}^2 表示主基因遗传率; h_{pg}^2 表示多基因遗传率。

3 讨论与结论

木质素是细胞壁的主要组成成分,茎秆木质素的含量直接影响其抗倒伏强度、饲料品质及养分的疏导作用。对玉米茎秆木质素含量数量遗传学研究方面,国内外学者主要集中在木质素含量数量性状座位(Quantitative Trait Locus, QTL)定位及关键基因的关联分析等方面。国外利用欧洲硬粒型和马齿型种质进行了茎秆木质素 QTL 定位研究,分别在玉米染色体组第 1、2、3、4、6、8、9、10 染色体上发现控制茎秆木质素含量的基因位点^[15];国内,在高油玉米材料中检测到多个控制秸秆木质素含量的基因位点^[16],这些位点主要以加性效应为主。在玉米褐色中脉突变体(bm1、bm2、bm3 和 bm4,这些突变体茎秆木质素含量很低)的研究中发现玉米茎秆木质素含量的积累与肉桂醇脱氢酶和咖啡酸甲基转移酶活性相关^[17-18]。一些学者利用欧洲小样本(35 个自交系)的硬粒和马齿群体开展了对控制木质素生化成关键酶苯丙氨酸裂解酶、咖啡酸甲基化转移酶基因序列多态性与青贮品质关联分析,发现多个与消化率有关的多态位点^[19]。

本研究采用加性-上位性+多基因遗传模型,

分析两年玉米茎秆木质素含量数据,估算木质素含量的各项方差分量,结果表明,玉米茎秆木质素含量受主效基因和多基因共同控制,并且受环境效应影响很大。在今后的研究中,既要重视主效基因加性效应和多基因的共同影响,还要考虑年际间多环境作用下的影响,在育种工作中可以采用轮回选择的方式进行木质素含量的积累选择,从而获得优良玉米新种质。

参考文献:

[1] 苏俊. 黑龙江玉米[M]. 北京:中国农业出版社,2011.

[2] 勾玲,赵明,黄建军,等. 玉米茎秆弯曲性能与抗倒能力的研究[J]. 作物学报,2008,34(4):653-661.

[3] HU H X, MENG Y J, WANG H W, et al. Identifying quantitative trait loci and determining closely related stalk traits for rind penetrometer resistance in a high-oil maize population[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 124(8): 1439-1447.

[4] 马延华,孙德全,李绥艳,等. 玉米茎皮抗穿刺强度与形态性状和化学成分含量间的相关分析[J]. 黑龙江农业科学, 2012(4):1-4.

[5] CASLER M D. *In vitro* digestibility of dry matter and cell wall constituents of smooth brome grass forage[J]. Crop Science, 1987, 27(5):931-934.

[6] DHILLON B S, GURRATH P A, ZIMMER E, et al. Analysis of diallel crosses of maize for variation and covariation in agronomic traits at silage and grain harvests[J]. Maydica, 1990, 35(3):297-302.

[7] 白琪林,陈绍江,戴景瑞. 我国常用玉米自交系秸秆品质性状及其相关分析[J]. 作物学报,2007,33(11):1777-1781.

[8] 邵书静,张仁和,史俊通,等. 近红外光谱法测定玉米秸秆饲用品质[J]. 农业工程学报,2009,25(12):151-155.

[9] 徐丁一. 我国不同年代玉米单交种及其自交系秸秆纤维品质分析[J]. 北京:中国农业科学院,2011.

[10] 马飞前,刘小刚,王红武,等. 玉米秸秆纤维品质性状及其相关分析[J]. 作物杂志,2014(4):44-48.

[11] WANG H W, HAN J, SUN W T, et al. Genetic analysis and QTL mapping of stalk digestibility and kernel composition in a high-oil maize mutant (*Zea mays* L.)[J]. Plant Breeding, 2009, 129(3):318-326.

[12] 严衍禄,吉海彦. 傅里叶变换近红外光谱技术及应用[M]. 北京:科学技术文献出版社,1994.

[13] 白琪林. 青贮玉米秸秆品质性状的遗传及其近红外测定方法的研究[M]. 北京:中国农业大学,2005.

[14] 章元明,盖钧镛. 利用 DH 或 RIL 群体检测 QTL 体系并估计其遗传效应[J]. 遗传学报,2000,27(7):634-640.

[15] 张红梅,周斌,赵团结,等. 大豆重组自交系群体 NJRISX 豆腐和豆乳得率的 QTL 分析[J]. 作物学报,2008, 34(1):678-751.

[16] WANG H W, WU B Y, SONG T M, et al. Effects of long-term selection for kernel oil concentration in KYHO, a high-oil maize population[J]. Crop Science, 2009, 49(2):

459-466.

[17] HALPIN C, HOLT K, CHOJECKI J, et al. *Brown-midrib* maize (*bm1*)-a mutation affecting the cinnamyl alcohol dehydrogenase gene[J]. *Plant Journal*, 1998, 14: 545-553.

[18] VIGNOLS F, RIGAU J, TORRES M A, et al. The brown midrib3(*bm3*) mutation in maize occurs in gene encoding caffeic acid omethyltransferase[J]. *Plant Cell*, 1995, 7: 407-416.

[19] 徐丁一, 王红武, 刘志芳, 等. 我国玉米骨干自交系秸秆纤维品质分析[J]. *作物杂志*, 2012(1): 39-43.

Genetic Analysis of Lignin Content in Maize Stalk at Tasseling Stage

ZHAO Wei

(Maize Research Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

Abstract: In order to further explore the genetic basis of lignin content in maize stem at tasseling stage, the recombinant inbred line population and parents constructed with common maize inbred line B73 (strong lodging resistance) as female parent and common maize inbred line Fu 673 (weak lodging resistance) as male parent were used as experimental materials. The combined separation analysis model of major gene and polygene was used, and genetic analysis of lignin content in maize at heading stage was carried out. The results showed that the inheritance of stem lignin content in heading stage of maize accorded with the additive epistasis + polygenic genetic model. The major gene heritability was 41.32%, and the polygenic heritability was 38.79%. Therefore, in the breeding process of lodging resistant maize varieties, we should pay attention to the additive effect and interaction effect between genes, and the cumulative effect of micro effect multi genes can not be ignored.

Keywords: maize; lignin content; major gene and polygene; genetic analysis

(上接第 9 页)

Effects of Nitrogen Application and Density Interaction on Yield and Dry Matter Accumulation Characteristics of Nendan 23

ZHOU Chao¹, WANG Jun-qiang¹, HAN Ye-hui¹, XU Jian¹, MA Bao-xin¹, SUN Shan-wen¹, DONG Yang¹, DING Xin-ying²

(1. Qiqihar Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar 161000, China; 2. Animal Husbandry and Veterinary Branch, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Qiqihar 161000, China)

Abstract: In order to promote the high-yield cultivation of spring maize in Qiqihar area, a two-year field experiment was carried out from 2020 to 2021. The new maize variety Nendan 23 was used as the test material, and 4 nitrogen application rates were set, namely 0 (N0), 120 kg·ha⁻¹ (N1), 240 kg·ha⁻¹ (N2), and 360 kg·ha⁻¹ (N3); 3 planting densities, namely 52 500 plants·ha⁻¹ (M1), 60 000 plants·ha⁻¹ (M2) and 67 500 plants·ha⁻¹ (M3), to study the effects of different combinations of nitrogen application rate and planting density on the dry matter accumulation characteristics, yield and component factors of Nendan 23 individual plants and populations. The results showed that under the same planting density, the level of nitrogen fertilizer application had significant effects on 1 000-grain weight, grain number per ear, yield, dry matter accumulation per plant after anthesis, and dry matter accumulation of the population after anthesis; with the increase of planting density, under the same fertilization level, the 1 000-grain weight and the number of grains per spike of Nendan 23 showed a decreasing trend. Therefore, according to the characteristics of the Nendan 23 variety, reasonably increased the planting density, reduced the amount of nitrogen fertilizer, coordinate the light energy and nutrient utilization efficiency of the population, and obtain higher yields. In conclusion, the suitable planting density of the maize variety Nendan 23 was 67 500 plants·ha⁻¹, and the optimal nitrogen application rate was 240 kg·ha⁻¹.

Keywords: nitrogen application and density interaction; spring maize; yield; dry matter accumulation characteristics