

利用 SNP 标记及配合力划分 超甜玉米自交系的杂种优势群

贺囡囡, 冯云敢, 蒙云飞, 韦爱娟, 弓 雪, 卢生乔, 韦桂旺, 吕巨智

(广西农业科学院玉米研究所, 南宁 530007)

摘要: 划分超甜玉米自交系的杂种优势群, 筛选配合力高的甜玉米自交系, 构建新的杂种优势更强的甜玉米群体, 为优良甜玉米的选育提供依据。本研究选用 23 个自育超甜玉米自交系, 采用 NC II 设计得到 60 (3 × 20) 个组合, 研究它们的产量配合力效应并结合 56K SNP 标记将供试材料进行杂种优势群的划分。结果表明 23 个自交系的平均杂合率为 2.59%, 纯度较高; 除 GX06 和 GX10, GX14 和 GX15, GX16 和 GX17 的遗传相似度较高外, 其余自交系之间的遗传相似度均小于 90%, 可作为不同的材料在育种上应用; 测验系 GX21 和被测系 GX01、GX03、GX12、GX13、GX18 的产量 GCA 正向效应值较高, 在产量性状上是非常优良的自交系; 进化树、主成分分析和产量 SCA 聚类图将 23 个超甜玉米自交系分为 GX21 群、GX22 群和 GX23 群, 其中 GX22 (HJZ33) 群称为父本群, 包含的自交系为 GX02、GX11、GX19、GX20 及测验系 GX22 自身共 5 个, GX21 (GTL273) 和 GX23 (YC26) 群称为母本群, 包含的自交系为 GX01、GX03~GX10、GX12~GX18 及测验系 GX21 和 GX23 共 18 个。SNP 标记和产量 SCA 分群结果基本一致, 使用 SNP 标记化划分杂种优势群可以明显缩短玉米育种周期。

关键词: 超甜玉米; 自交系; 杂种优势群; 配合力; SNP

Classifying Heterotic Groups of Super-sweet Corn Inbred Lines by Combining Ability and SNP Markers

HE Nan-nan, FENG Yun-gan, MENG Yun-fei, WEI Ai-juan, GONG Xue,

LU Sheng-qiao, WEI Gui-wang, LYU Ju-zhi

(Maize Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007)

Abstract: Classifying heterotic groups of super-sweet corn inbred lines, selecting inbred lines of high combining ability and constructing new stronger heterotic groups could provide basis for breeding excellent sweet corns. 23 self-bred super-sweet corn inbred lines were used to make up 60 (3 × 20) hybrid combinations with NC II design to classify heterotic groups by analyzing the combining ability of yield and 56K SNP markers. The results indicated that the average heterozygosity of 23 inbred lines was 2.59%, and the homozygosity was higher. Except for GX06 and GX10, GX14 and GX15, GX16 and GX17, the genetic similarity between the inbred lines was less than 90%, which could be used as different inbred lines in breeding. The positive effect value of GCA in yield of the tester line GX21 and the tested lines GX01, GX03 GX12, GX13, GX18 was higher and they were excellent inbred lines. The results of evolutionary tree, PCA and clustering diagram of SCA classified the 23 super-sweet corn inbred lines into GX21 group, GX22 group and GX23 group. GX22 (HJZ33) group was named

收稿日期: 2020-05-12 修回日期: 2020-05-21 网络出版日期: 2020-06-30

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20200512004>

第一作者研究方向为鲜食玉米遗传育种, E-mail: henan0537@163.com

通信作者: 韦桂旺, 研究方向为鲜食玉米遗传育种, E-mail: weigw005@sina.com

基金项目: 广西自然科学基金项目 (2018GXNSFBA294005); 广西创新驱动科技重大专项项目 (桂科 AA17204064); 广西重点研发计划 (桂科 AB18221050)

Foundation projects: Guangxi Natural Science Foundation Project (2018GXNSFBA294005), Guangxi Major Science and Technology Project of Innovation Drive (GuiKe AA17204064), Guangxi Key Research and Development Plans (GuiKe AB18221050)

the male parent group, including 5 inbred lines (GX02, GX11, GX19, GX20 and the tester line GX22), GX21 (GTL273) and GX23 (YC26) groups were named the female parent groups, including 18 inbred lines (GX01, GX03-GX10, GX12-GX18 and the tester lines GX21 and GX23). The results of SNP markers agreed with SCA of yield basically and using SNP markers to classify heterotic groups could shorten the corn breeding cycle significantly.

Key words: super-sweet corn; inbred lines; heterotic groups; combining ability; SNP

甜玉米原产于美洲,其英文名为 sweet corn,是甜质型玉米的简称,因其籽粒在乳熟期含糖量高而得名,是集粮、果、蔬、饲为一体的经济作物,俗有“水果玉米”和“蔬菜玉米”之称^[1]。甜玉米是受一个或多个隐性基因控制的胚乳突变体,分为普通甜玉米、超甜玉米和加强甜玉米,其中超甜玉米分别受 *bt1*、*bt2*、*sh1*、*sh2* 四个单隐性基因团控制^[2-3]。美国是开展甜玉米育种和生产最早的国家,自应用杂交种以来,对玉米基础材料的系谱关系和杂种优势群划分始终比较清楚,一直坚持类群内选系,类群间组配,也非常重视对玉米基础材料的调查及外来种质的引进和改良,其育种和单产水平始终处于世界前列^[4-5]。我国的甜玉米起步较晚,基础研究相对薄弱,品种比较单一,长期以来都是处于被动状态,老品种丰产性能下降和抗病性能的退化,又制约了我国甜玉米生产的发展^[6]。而杂种优势模式是玉米育种理论和实践的基础,合理地划分杂种优势群,构建最佳的杂种优势模式可以明显地提高育种效率,加速商业化育种的进程,这对我国玉米育种具有非常重要的意义^[7-8]。刘海忠等^[9]对 120 份来自美国和塞尔维亚及 2 份中国的玉米自交系进行遗传多样性和聚类分析,将 122 份玉米自交系分为 9 大主要类群,为来自欧美的自交系在玉米育种中的合理利用提供可靠依据。张丰屹等^[10]通过整合分析欧洲西南、东南和北部玉米种质的配合力及杂种优势研究结果,发现有应用潜力的 23 个优良玉米群体,开展改良,拓宽我国玉米种质类群遗传基础的研究。宫庆友等^[11]研究 13 个甜玉米自交系农艺性状的配合力,并根据特殊配合力对甜玉米自交系进行了杂种优势群的划分。番兴明等^[12]利用 SSR 标记技术对 18 个优质蛋白玉米自交系和 4 个代表国内主要杂种优势群的标准测验种进行杂种优势群的划分,将供试的 18 个优质蛋白玉米自交系划分为 5 群,结果表明 SSR 标记划群与田间产量配合力划分结果及系谱分析基本一致。单核苷酸多态性 (SNP, single nucleotide polymorphism) 是指在基因

组水平上因单个核苷酸的转换、颠换、缺失和插入导致的 4 种变异,是继 SSR 等标记之后的第三代新型分子标记,具有分布密度高、与功能基因的关联度高、遗传稳定性高等优点,可广泛应用于遗传多样性分析、遗传基础分析、重要性状的基因定位及品种鉴定等方面,是近年来植物遗传资源研究的重要方向^[13-16]。赵久然等^[17]利用 SNP 标记分析 344 份玉米自交系,将自交系群体分为 8 个类群,揭示了中国玉米育种种质的遗传多样性和群体遗传结构。杨兆顺等^[18]利用 288 个 SNP 标记研究了 46 份玉米自交系的杂种优势群,将 46 份自交系划分为 4 组。卢柏山等^[19]利用 1031 个 SNP 标记将 39 份甜玉米材料划分为 5 个类群,分别为华珍母本群、京甜糯 2 群、彩甜糯群、温带种质群和华珍父本群。史亚兴等^[20]使用 SNP 标记将 39 份糯玉米自交系划分为 5 大类群并明确亲缘关系,证明 SNP 标记可以为糯玉米种质资源利用及品种选育提供参考。目前杂种优势群的划分主要有 3 种方法:一是根据育种试验,通过配合力和杂种优势的实际表现来确定;二是根据育种家的经验,通过分析材料的地理来源和亲缘关系来确定;三是利用 SSR、SNP 等分子标记技术划分杂种优势群,但将 SNP 标记和配合力分析结合起来划分甜玉米的杂种优势群还未见报道。本研究以产量配合力聚类分析结果结合 SNP 标记分析结果划分 23 个超甜玉米自交系的杂种优势群,筛选配合力高的甜玉米材料,构建新的杂种优势更强的甜玉米群体,为甜玉米的选育提供理论依据,提高甜玉米育种的效率。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验选用 3 个自育的超甜玉米骨干自交系 (GX21、GX22 和 GX23) 作为测验系,20 个新选育的超甜玉米自交系 (GX01~GX20) 作为被测系,使用 NC II 方法组配 60 个组合。材料来源于广西农业科学院玉米研究所,具体材料来源见表 1。

表 1 23 个超甜玉米自交系名称及来源

Table 1 23 super-sweet corn inbred lines

编号 Number	名称 Name	来源 Source	编号 Number	名称 Name	来源 Source
GX01	ET1048-H	不详	GX13	XT90133	先甜 90
GX02	HJF-H	华珍	GX14	XT901612	先甜 90
GX03	US2121	美国甜玉米	GX15	XT901613	先甜 90
GX04	GTL2937	美国甜玉米	GX16	XT90M211	先甜 90
GX05	GTL1239	美国甜玉米	GX17	XT90M212	先甜 90
GX06	S301122	泰国甜玉米	GX18	XT90M313	先甜 90
GX07	S301123	泰国甜玉米	GX19	ZT68M	正甜 68
GX08	XT5H11	先甜 5 号	GX20	GTL270	宜山怀远糯(桂甜 171 父本)
GX09	XT5H23	先甜 5 号	GX21	GTL273	泰国甜玉米单交种 SC7335(桂甜 181 母本)
GX10	XT5HM	先甜 5 号	GX22	HJZ33	华珍(桂甜 181 和桂甜 161 父本)
GX11	XT90F	先甜 90	GX23	YC26	美国甜玉米单交种 3451(桂甜 161 和桂甜 171 母本)
GX12	XT90M	先甜 90			

1.2 试验方法

1.2.1 SNP 标记 采用 CTAB 法提取 23 个超甜玉米材料的 DNA 并进行质量检测^[21],用中玉金标记(北京)生物技术股份有限公司研发的 56K SNP 芯片进行基因型检测,基因检测后用 Affymetrix (Thermo Fisher) Axiom Analysis Suite 软件进行基因分型分析。

1.2.2 田间试验设计 2017 年冬季在海南用 3 个测验系作母本,20 个被测系作父本,采用 NC II 设计配制 60 个组合,2018 年 3 月 6 日将 23 个超甜玉米自交系及 60 份组合种植在广西农科院玉米研究所明阳基地。组合试验采用随机区组设计,3 次重复,每个小区种植 4 行,行长 4 m,行距 0.7 m,株距 0.27 m,种植密度为 53572 株/hm²,常规田间管理。成熟期除行头植株外其余全部收获计算小区产量。

1.3 统计方法

使用中玉芯 1 号对基因型进行统计,通过对数据质控(DQC)>0.82 和标记检出率(CR)>97% 的样品进行 SNP 位点质控,剩余 32732 个标记,

从中选取缺失率(miss)<0.1、最小等位基因频率(maf)>0.05 的 27676 个 SNP 标记用于后续分析,使用样品的杂合标记数除以总标记数计算样品的杂合率;使用基因型一致的标记个数除以能成功分型的标记总数计算自交系之间的遗传相似度;使用 GCTA 对样品进行主成分分析^[22],使用 Treebest 软件的 nj-tree 模型构建进化树^[23];将田间试验数据利用 Excel 表格和 DPS 9.0 数据处理软件进行配合力和聚类分析。

2 结果与分析

2.1 SNP 标记结果

2.1.1 样品杂合率统计 样品杂合率能够反映材料的纯合程度,自交代数越高的材料样品杂合率越低,高代材料的样品杂合率一般不超过 10%^[21]。使用 56K SNP 标记对 23 个自育超甜玉米自交系进行杂合率分析,结果见表 2。23 个超甜玉米自交系的杂合率变异幅度为 1.95%~4.24%,全部小于 5%,平均值 2.59%,纯合度较高。

表 2 23 个超甜玉米自交系的杂合率统计

Table 2 Heterozygosity of the 23 super-sweet corn inbred lines

(%)

编号 Number	杂合率 Heterozygosity	编号 Number	杂合率 Heterozygosity	编号 Number	杂合率 Heterozygosity	编号 Number	杂合率 Heterozygosity
GX01	2.04	GX07	2.33	GX13	2.58	GX19	4.24
GX02	2.04	GX08	3.32	GX14	2.62	GX20	2.19
GX03	2.17	GX09	2.49	GX15	2.63	GX21	1.95
GX04	3.15	GX10	2.19	GX16	2.36	GX22	2.64
GX05	3.22	GX11	3.18	GX17	2.29	GX23	2.14
GX06	2.15	GX12	2.33	GX18	3.28		

2.1.2 遗传相似度分析 遗传相似度分析既能从中挑选相似度低的材料进行材料测配,又能挑选相似度高材料进行群体改良。一般材料之间的遗传相似度 <90% 可作为不同自交系在育种上使用^[24]。

从表 3 可以看出 GX06 和 GX10, GX14 和 GX15, GX16 和 GX17 的遗传相似度不小于 90%, 不能作为不同的材料; 其余自交系的遗传相似度均小于 90%, 可作为不同的材料在育种上应用。

表 3 23 个超甜玉米自交系之间的遗传相似度

Table 3 Genetic similarity between the 23 super-sweet corn inbred lines

遗传相似度 Genetic similarity	GX01	GX02	GX03	GX04	GX05	GX06	GX07	GX08	GX09	GX10	GX11	GX12	GX13	GX14	GX15	GX16	GX17	GX18	GX19	GX20	GX21	GX22	GX23
GX01	1.00	0.66	0.62	0.62	0.60	0.61	0.61	0.61	0.62	0.61	0.61	0.61	0.61	0.61	0.61	0.61	0.61	0.60	0.66	0.62	0.62	0.66	0.61
GX02	0.66	1.00	0.59	0.60	0.60	0.61	0.61	0.60	0.61	0.61	0.61	0.61	0.61	0.60	0.60	0.60	0.60	0.61	0.59	0.61	0.62	0.76	0.61
GX03	0.62	0.59	1.00	0.68	0.62	0.58	0.57	0.57	0.57	0.58	0.57	0.56	0.57	0.56	0.56	0.57	0.57	0.56	0.57	0.57	0.58	0.59	0.61
GX04	0.62	0.60	0.68	1.00	0.64	0.59	0.58	0.58	0.59	0.60	0.58	0.58	0.58	0.58	0.58	0.58	0.58	0.58	0.58	0.59	0.59	0.61	0.62
GX05	0.60	0.60	0.62	0.64	1.00	0.64	0.65	0.65	0.65	0.65	0.66	0.66	0.64	0.64	0.64	0.66	0.67	0.66	0.59	0.59	0.66	0.60	0.61
GX06	0.61	0.61	0.58	0.59	0.64	1.00	0.88	0.78	0.81	0.90	0.68	0.70	0.70	0.69	0.69	0.68	0.68	0.70	0.60	0.62	0.75	0.62	0.61
GX07	0.61	0.61	0.57	0.58	0.65	0.88	1.00	0.76	0.77	0.88	0.68	0.67	0.67	0.67	0.67	0.69	0.69	0.69	0.60	0.61	0.77	0.61	0.61
GX08	0.61	0.60	0.57	0.58	0.65	0.78	0.76	1.00	0.82	0.83	0.67	0.72	0.69	0.72	0.72	0.73	0.73	0.69	0.60	0.61	0.71	0.61	0.61
GX09	0.62	0.61	0.57	0.59	0.65	0.81	0.77	0.82	1.00	0.85	0.69	0.72	0.71	0.71	0.71	0.70	0.70	0.68	0.61	0.62	0.77	0.62	0.62
GX10	0.61	0.61	0.58	0.60	0.65	0.90	0.88	0.83	0.85	1.00	0.70	0.67	0.68	0.68	0.69	0.68	0.68	0.70	0.60	0.61	0.76	0.62	0.62
GX11	0.61	0.61	0.57	0.58	0.66	0.68	0.68	0.67	0.69	0.70	1.00	0.65	0.76	0.74	0.76	0.77	0.75	0.78	0.62	0.61	0.69	0.63	0.63
GX12	0.61	0.61	0.56	0.58	0.66	0.70	0.67	0.72	0.72	0.67	0.65	1.00	0.83	0.87	0.85	0.79	0.79	0.80	0.60	0.61	0.70	0.62	0.61
GX13	0.61	0.61	0.57	0.58	0.64	0.70	0.67	0.69	0.71	0.68	0.76	0.83	1.00	0.82	0.82	0.75	0.76	0.77	0.62	0.61	0.71	0.62	0.62
GX14	0.61	0.60	0.56	0.58	0.64	0.69	0.67	0.72	0.71	0.68	0.74	0.87	0.82	1.00	0.97	0.82	0.80	0.79	0.61	0.60	0.68	0.62	0.60
GX15	0.61	0.60	0.56	0.58	0.64	0.69	0.67	0.72	0.71	0.69	0.76	0.85	0.82	0.97	1.00	0.82	0.81	0.78	0.61	0.60	0.68	0.62	0.60
GX16	0.61	0.60	0.57	0.58	0.66	0.68	0.69	0.73	0.70	0.68	0.77	0.79	0.75	0.82	0.82	1.00	0.94	0.77	0.62	0.61	0.70	0.61	0.60
GX17	0.61	0.60	0.57	0.58	0.67	0.68	0.69	0.73	0.70	0.68	0.75	0.79	0.76	0.80	0.81	0.94	1.00	0.77	0.62	0.60	0.70	0.61	0.61
GX18	0.60	0.61	0.56	0.58	0.66	0.70	0.69	0.69	0.68	0.70	0.78	0.80	0.77	0.79	0.78	0.77	0.77	1.00	0.60	0.60	0.69	0.62	0.61
GX19	0.66	0.59	0.57	0.58	0.59	0.60	0.60	0.60	0.61	0.60	0.62	0.60	0.62	0.61	0.61	0.62	0.62	0.60	1.00	0.60	0.63	0.61	0.62
GX20	0.62	0.61	0.57	0.59	0.59	0.62	0.61	0.61	0.62	0.61	0.61	0.61	0.61	0.60	0.60	0.61	0.60	0.60	0.60	1.00	0.62	0.60	0.61
GX21	0.62	0.62	0.58	0.59	0.66	0.75	0.77	0.71	0.77	0.76	0.69	0.70	0.71	0.68	0.68	0.70	0.70	0.69	0.63	0.62	1.00	0.63	0.64
GX22	0.66	0.76	0.59	0.61	0.60	0.62	0.61	0.61	0.62	0.62	0.63	0.62	0.62	0.62	0.62	0.61	0.61	0.62	0.61	0.60	0.63	1.00	0.62
GX23	0.61	0.61	0.61	0.62	0.61	0.61	0.61	0.61	0.62	0.62	0.63	0.61	0.62	0.60	0.60	0.60	0.61	0.61	0.62	0.61	0.64	0.62	1.00

2.1.3 进化树分析 23 个超甜玉米自交系可被划分为 3 个杂种优势群, 其中第 I 类群包含 GX05~GX18 和 GX21 共 15 个自交系, 第 I 类群又可分为 3 个亚群, GX11~GX18 成为第 I-1 亚群, 包含的自交系全部选自先甜 90, 第 I-2 亚群包含的自交系为 GX06~GX10 和 GX21, 材料来自泰国甜玉米和先甜 5 号, 来自美国的材料 GX05 单独成为第 I-3 亚群; 第 II 类群包含 GX01、GX02、GX19、GX20 和 GX22 共 5 个自交系, 血缘较杂; 第 III 类群包含 GX03、GX04 和 GX23 共 3 个自交系, 全部来自美国。SNP 进化树分析结果和系谱来源基本一致, 因 3 个类群中分别包含测验系 GX21、GX22 和 GX23, 所以将第 I 类群体归为 GX21 群, 第 II 类群归为

GX22 群, 第 III 类群体归为 GX23 群。

2.1.4 主成分分析 主成分分析 (PCA) 结果显示比例最高的 3 个主成分 PC1、PC2、PC3 分别占总遗传组成的 16.57%、11.39% 和 8.35%, 取前 3 个主成分利用三维成分图解释类群之间的遗传关系 (图 1)。23 个甜玉米自交系大致可以分为 4 组, 第 1 组包含的自交系为 GX21、GX06~GX10 共 6 个自交系, 与进化树第 I-2 亚群完全一致, 属于 GX21 群; 第 2 组包含 GX22、GX01、GX02、GX05、GX19 和 GX20 共 6 个自交系, 与进化树第 II 类群基本一致, 属于 GX22 群; 第 3 组包含 GX03、GX04 和 GX23 共 3 个自交系, 全部来源于美国, 与进化树第 III 类群完全一致, 属于 GX23 群; 第 4 组包含的自

交系为 GX11~GX18 共 8 个自交系,全部选自先甜 90,与进化树第 I-1 亚群完全一致,遗传相似度与测验种 GX21 更接近,将第 4 组也归为 GX21 群。

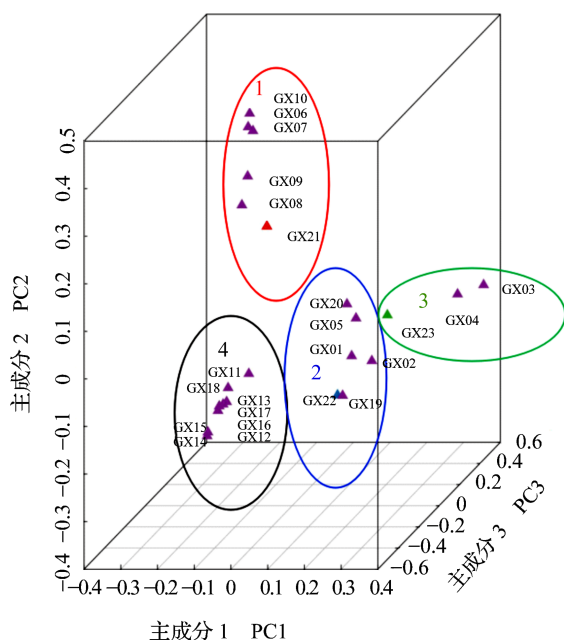


图 1 23 个超甜玉米自交系的 PCA 图

Fig.1 PCA diagram of the 23 super-sweet corn inbred lines

2.2 田间试验配合力分析

2.2.1 一般配合力分析 一般配合力 (GCA) 是指某一亲本品种和其他若干个品种杂交后,杂交后代在某个数量性状上表现的平均值,它取决于基因型中的加性效应。一般来说,一般配合力可以稳定的遗传给后代,受外界环境条件的影响比较小,是选择自交系的重要参考^[25]。从表 4 可知,3 个测验系中 GX21 的小区产量的 GCA 正向效应值最大,20 个

被测系 GCA 效应值变化范围是 -15.07~10.58,为正值自交系有 10 个,为负值的自交系有 10 个,其中 GX03 的 GCA 正向效应值最大, GX02 负向效应值最大。

综合以上分析,测验系 GX21 在产量性状上是非常优良的自交系;20 个被测系 GX01、GX03、GX12、GX13、GX18 正向效应值较大,利用这些材料容易组配出高产的组合, GX02、GX04、GX05、GX06、GX07、GX08 负向效应值较大,利用这些材料一般不容易组配出高产的组合。

2.2.2 特殊配合力分析 特殊配合力 (SCA) 是指一个亲本在与另一亲本所产生的杂交组合的性状表现中偏离两亲本平均效应的特殊效应。SCA 决定于基因型中的非加性效应 (显性和上位性效应),不能稳定遗传给下一代,受环境影响较大,对选育优良品种具有重要的指导意义^[26]。从表 5 可以看出 20 个被测系与 3 个测验系组配杂交组合都表现出不同的特殊配合力效应值,说明 20 个被测系具有丰富的遗传基础。产量 SCA 效应值为正值组合有 32 个,为负值的组合有 28 个,其中以 GX21 和 GX22 作母本的各有 11 个为正值,以 GX23 为母本的有 10 个为正值。SCA 正向效应值最高的组合是 GX23 × GX09,为 13.29, SCA 负向效应值最大的组合是 GX21 × GX06,为 -15.99。

综合以上分析,60 个杂交组合中 GX23 × GX09 的产量 SCA 值最高,其次是 GX21 × GX20、GX23 × GX06、GX21 × GX03 和 GX21 × GX05,这几个组合可利用价值较高,可进一步进行多点试验。

2.2.3 SCA 聚类分析 将 60 个组合的产量 SCA

表 4 23 个超甜玉米自交系产量一般配合力 (GCA) 相对效应值

Table 4 Relative effect value of GCA in yield of the 23 super-sweet corn inbred lines

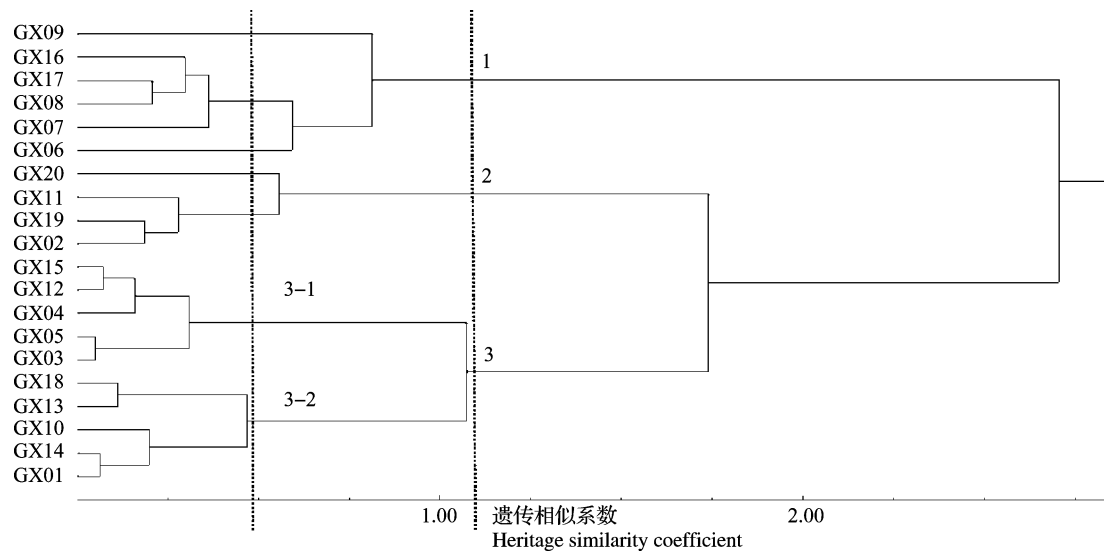
	编号	GCA 值	排名		编号	GCA 值	排名		编号	GCA 值	排名
	Number	Value of GCA	Ranking		Number	Value of GCA	Ranking		Number	Value of GCA	Ranking
被测系 The tested lines	GX01	5.95	4	被测系 The tested lines	GX11	-0.72	11	测验系 The test lines	GX21	6.19	1
	GX02	-15.07	20		GX12	8.40	2		GX22	-7.43	3
	GX03	10.58	1		GX13	6.34	3		GX23	1.25	2
	GX04	-11.41	19		GX14	-1.67	14				
	GX05	-9.10	18		GX15	-1.41	13				
	GX06	-4.10	16		GX16	3.59	8				
	GX07	-4.03	15		GX17	-0.81	12				
	GX08	-6.80	17		GX18	5.29	5				
	GX09	4.54	7		GX19	5.09	6				
	GX10	2.10	10		GX20	3.21	9				

表 5 各组合产量特殊配合力 (SCA) 相对效应值
Table 5 Relative effect value of SCA in yield

组合	SCA 值	排名	组合	SCA 值	排名	组合	SCA 值	排名
Combination	Value of SCA	Ranking	Combination	Value of SCA	Ranking	Combination	Value of SCA	Ranking
GX21 × GX01	-1.68	36	GX22 × GX01	3.83	17	GX23 × GX01	-2.15	38
GX21 × GX02	4.01	16	GX22 × GX02	-7.21	52	GX23 × GX02	3.19	20
GX21 × GX03	9.36	4	GX22 × GX03	-0.15	33	GX23 × GX03	-9.22	57
GX21 × GX04	7.64	7	GX22 × GX04	-1.75	37	GX23 × GX04	-5.89	48
GX21 × GX05	9.23	5	GX22 × GX05	-0.54	35	GX23 × GX05	-8.70	54
GX21 × GX06	-15.99	60	GX22 × GX06	6.34	10	GX23 × GX06	9.65	3
GX21 × GX07	-8.97	56	GX22 × GX07	6.26	11	GX23 × GX07	2.71	22
GX21 × GX08	-11.64	59	GX22 × GX08	2.67	24	GX23 × GX08	8.97	6
GX21 × GX09	-9.28	58	GX22 × GX09	-4.02	45	GX23 × GX09	13.29	1
GX21 × GX10	-3.99	44	GX22 × GX10	3.46	19	GX23 × GX10	0.54	28
GX21 × GX11	2.68	23	GX22 × GX11	-3.89	43	GX23 × GX11	1.20	26
GX21 × GX12	6.39	9	GX22 × GX12	0.50	29	GX23 × GX12	-6.89	51
GX21 × GX13	1.67	25	GX22 × GX13	0.97	27	GX23 × GX13	-2.63	41
GX21 × GX14	-2.48	40	GX22 × GX14	4.76	15	GX23 × GX14	-2.28	39
GX21 × GX15	6.70	8	GX22 × GX15	-0.35	34	GX23 × GX15	-6.35	50
GX21 × GX16	-5.77	47	GX22 × GX16	0.29	32	GX23 × GX16	5.48	14
GX21 × GX17	-8.62	53	GX22 × GX17	3.11	21	GX23 × GX17	5.52	13
GX21 × GX18	3.58	18	GX22 × GX18	0.45	30	GX23 × GX18	-4.03	46
GX21 × GX19	5.60	12	GX22 × GX19	-5.99	49	GX23 × GX19	0.40	31
GX21 × GX20	11.56	2	GX22 × GX20	-8.74	55	GX23 × GX20	-2.82	42

进行聚类分析并绘制柱形图。在相似系数 1.1 处可将 20 个超甜玉米自交系分为 3 类,第 1 类群包括 GX09、GX16 等 6 个自交系,第 2 类群包括 GX20、GX11、GX19 和 GX02 共 4 个自交系,第 3 类群包括 GX15、GX12、GX04 等 10 个自交系(图 2)。第 1 类群与测验系 GX21 的 SCA 值全为负值,第 2 类群与 GX22 的 SCA 值全为负值,第 3 类群又分

为 2 个亚群,第 1 亚群包括 GX15、GX12 等 5 个自交系,与 GX23 的 SCA 值全为负值,第 2 亚群包含 GX18、GX13 等 5 个自交系,基本与 GX21 和 GX23 的 SCA 值为负值(图 3);所以将第 1 类群体归结为 GX21 群,第 2 类群归结为 GX22 群,第 3 类群第 1 亚群为 GX23 群,第 2 亚群可以是 GX21 群或者 GX23 群。



使用 DPS 软件对产量 SCA 聚类分析不能聚类测验系,所以聚类结果只包含 20 个待测系
Cluster analysis of yield SCA using DPS software cannot cluster tester lines, so the result only contains 20 tested lines

图 2 20 个超甜玉米材料的聚类图
Fig.2 Clustering diagram of 20 super-sweet corn materials

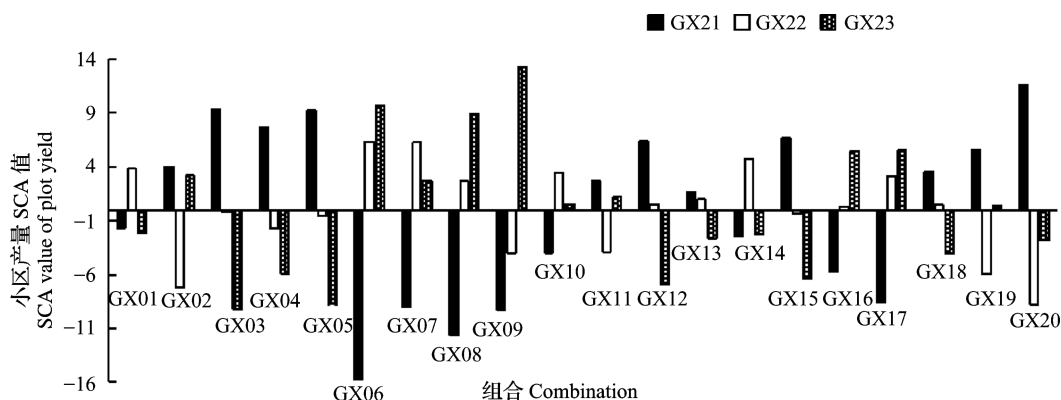


图 3 60 个组合的产量 SCA 柱形图
Fig.3 Bar diagram of SCA in yield of the 60 combinations

3 讨论

杂种优势群是指遗传基础广泛、遗传变异丰富、一般配合力较高的基础群体,从中可以不断筛选出配合力高的优良自交系^[27]。正确划分杂种优势群能够简化选配强优势组合的过程,根据杂种优势模式对来源不同优势群的自交系进行组配,能够减少育种的盲目性,从而提高育种效率,对杂种优势的预测有非常重要的意义^[28]。SNP 标记具有高检测通量、数据统计易于实现自动化等优点,可以分析玉米自交系之间的遗传距离和遗传相似度,是聚类分析和杂种优势群划分的重要基础^[29-30]。玉米自交系选育成功的实践表明,要选择国内外优良推广的杂交种或最新高产、高抗和高配合力的自交系作为基础材料,同时又要兼顾组配富有竞争能力的单交种时和另一亲本的遗传差异,相对容易达到育种目标^[31]。本研究表明 23 个超甜玉米自交系中,测验系 GX21 的产量 GCA 正向效应值最大,在产量性状上是非常优良的自交系;20 个被测系 GX01、GX03、GX12、GX13、GX18 产量 GCA 正向效应值较大,利用这些材料容易组配出高产的组合,被测系 GX02、GX04、GX05、GX06、GX07 和 GX08 负向效应值较大,利用这些材料一般不容易组配出高产的组合;60 个杂交组合中,大多数 SCA 高的组合,其双亲或者 1 个亲本的 GCA 也较高,但也有个别组合 SCA 较高,而双亲的 GCA 却不高,如 GX22 × GX06,这和高若禹等^[32]的研究结果相似。而田树云等^[33]、王兵伟等^[34]研究表明选育 GCA 高的自交系是产生强优势杂交组合的基础,并在此基础上兼顾 SCA 的选择,才可能获得优良的杂交组合。这说明研究材料不同,遗传背景不同,配合力分析的结果也不完全相同。

本研究选用的测验系是 3 个自育的骨干自交系 GX21、GX22 和 GX23,进化树、PCA 分析将 23 个超甜玉米自交系划分成 GX21 群、GX22 群和 GX23 群 3 个类群,分群结果一致;20 个待测系产量 SCA 聚类结果与 SNP 分群结果绝大部分是吻合的,而 SNP 分子标记以作物的 DNA 为研究对象,理论上可排除环境对试验结果的影响,在苗期就可以采样分析,能快速地对类群划分作出判断,而且分析结果和系谱来源基本一致,而利用配合力分群至少需要播种两季(一季测配,一季鉴定),从这个意义上讲采用 SNP 分群优点更多。

根据育种经验利用分子标记方法划分杂种优势类群的可靠性在一定程度上取决于分子标记与 SCA 的吻合程度,当二者结果不一致时,应以后者为准。对比进化树图、PCA 图及 SCA 聚类图可以看出, GX22 群比较固定,但 GX01 和 GX22 组配的组合产量 SCA 值为正值, GX11 和 GX22 组配的组合产量 SCA 值为负值,所以 GX22 群最终包含的材料为 GX02、GX11、GX19、GX20 及测验系 GX22 自身共 5 个自交系。GX22 是 2018 年广西壮族自治区审定的甜玉米品种桂甜 161 和 2019 年广西壮族自治区审定的甜玉米品种桂甜 181 的父本, GX23 和 GX21 分别是桂甜 161 和桂甜 181 的母本,按照美国商业育种的经验,精简杂种优势群,通过合并重组,使种质能向两边靠,形成 2 个杂种优势群^[35],本研究将 GX22 (HJZ33) 群归结为父本群, GX21 (GTL273) 群和 GX23 (YC26) 群归结为母本群,所以父本群 GX22 (HJZ33) 群包含的材料为 GX02、GX11、GX19、GX20 及测验系 GX22 自身共 5 个自交系;母本群包含的材料为 GX21 群和 GX23 群包含的所有材料,即 GX01、GX03~GX10、GX12~GX18 及测验系 GX21 和 GX23 共 18 个自

交系。其中父本群中的自交系 GX20 是 2018 年广西壮族自治区审定的甜玉米品种桂甜 171 的父本,母本群中的自交系 GX23 是桂甜 171 的母本,从侧面验证了父本群和母本群的划分是合理的。这和张世煌等^[36]提出的将 SS 和 PA 作为母本基础群体称为 A 群,LAN 和 PB 作为父本基础群体称为 B 群的理论是一致的。

参考文献

- [1] 王晓东. 我国甜玉米育种的研究现状及发展趋势. 黑龙江农业科学, 2014(10): 146-148
Wang X D. Research status and development trend for breeding sweet corn in China. Heilongjiang Agricultural Sciences, 2014(10): 146-148
- [2] 王娜, 史振声, 王志斌, 李凤海, 刘峰. 甜玉米品质研究进展. 玉米科学, 2007, 15(6): 47-50
Wang N, Shi Z S, Wang Z B, Li F H, Liu F. A review of studies on sweet corn quality. Journal of Maize Sciences, 2007, 15(6): 47-50
- [3] 赵军华. 浙江省甜玉米发展现状与对策研究. 杭州: 浙江大学, 2009
Zhao J H. Studies on current status and development countermeasures of sweet corn in Zhejiang Province. Hangzhou: Zhejiang University, 2009
- [4] 姚文华, 韩学莉, 汪燕芬, 谭静, 徐春霞, 陈洪梅, 番兴明. 我国甜玉米育种研究现状与发展对策. 中国农业科技导报, 2011, 13(2): 1-8
Yao W H, Han X L, Wang Y F, Tan J, Xu C X, Chen H M, Fan X M. Research status and development strategy for sweet corn breeding in China. Journal of Agricultural Science and Technology, 2011, 13(2): 1-8
- [5] 刘长华. 加拿大玉米群体杂交选系性状评价、遗传多样性及杂种优势研究. 哈尔滨: 东北农业大学, 2010
Liu C H. Study on trait evaluation, genetic diversity and the heterotic relationship of hybrid selections of Canada maize population. Harbin: Northeast Agricultural University, 2010
- [6] 叶雨盛, 孙甲, 郝楠, 李哲. 我国玉米种质资源创新的现状. 种子, 2008, 27(10): 76-78
Ye Y S, Sun J, Hao N, Li Z. Current status of corn germplasm resources innovation in China. Seed, 2008, 27(10): 76-78
- [7] 冯东升, 高树仁, 杨克军, 孙文涛. 玉米杂种优势群概述: 二群论和多群论. 中国种业, 2018(1): 29-32
Feng D S, Gao S R, Yang K J, Sun W T. Overview of maize heterotic groups: Two-group theory and multiple-group theory. China Seed Industry, 2018(1): 29-32
- [8] 张艳辉. 玉米杂种优势群与杂种优势模式应用的研究. 长春: 吉林农业大学, 2016
Zhang Y H. The research of heterotic group and heterosis model of the maize. Changchun: Jilin Agricultural University, 2016
- [9] 刘海忠, 宋炜, 王宝强, 王江浩, 张全国, 张动敏, 李兴华, 魏剑锋, 李荣改. 120 份欧美玉米自交系的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19(4): 676-684
Liu H Z, Song W, Wang B Q, Wang J H, Zhang Q G, Zhang D M, Li X H, Wei J F, Li R G. Genetic diversity analysis of 120 European and American maize inbred lines. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(4): 676-684
- [10] 张丰屹, 唐娟, 雍洪军, 李明顺, 张德贵, 苏治军, 齐建双, 李新海, 高聚林. 欧洲重要玉米群体特征及其利用途径分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19(4): 807-814
Zhang F Y, Tang J, Yong H J, Li M S, Zhang D G, Su Z J, Qi J S, Li X H, Gao J L. Characterization and potential utilization of important European maize populations. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19(4): 807-814
- [11] 宫庆友, 陈燕红, 龚衍熙, 陈川雁. 甜玉米自交系农艺性状配合力的综合分析. 广东农业科学, 2019, 46(12): 9-19
Gong Q Y, Chen Y H, Gong Y X, Chen C Y. Comprehensive analysis of combining ability of agronomic traits in sweet corn inbred line. Guangdong Agricultural Sciences, 2019, 46(12): 9-19
- [12] 番兴明, 陈洪梅, 谭静, 杨峻芸. 利用配合力和 SSR 标记对热带和温带玉米自交系进行杂种优势群划分. 西南农业学报, 2003, 16(1): 1-8
Fan X M, Chen H M, Tan J, Yang J Y. Heterotic grouping for tropical and temperate maize inbreds by analyzing combining ability and SSR markers. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2003, 16(1): 1-8
- [13] 高珊. SNP 标记在玉米研究上的应用进展. 吉林农业, 2019(24): 51
Gao S. Progress and application of SNP markers in maize. Agriculture of Jilin, 2019(24): 51
- [14] 宁治, 刘文国, 杨伟光, 路明. SNP 标记在玉米研究上的应用进展. 玉米科学, 2017, 25(1): 57-61
Ning Q, Liu W G, Yang W G, Lu M. Progress and application of SNP markers in maize. Journal of Maize Sciences, 2017, 25(1): 57-61
- [15] Semagn K, Magorokosho C, Bindiganavile S V, Makumbi D, Beyene Y, Mugo S, Prasanna B, Warburton M L. Molecular characterization of diverse CIMMYT maize inbred lines from eastern and southern Africa using single nucleotide polymorphic markers. BMC Genomics, 2012, 13(1): 113
- [16] 李念念, 王义波, 徐国平, 易黎, 王爱方, 李婷, 曹刚强. 基于 SNP 标记的玉米自交系类群划分方法和分群功效评估指标的比较. 植物遗传资源学报, 2020, 21(3): 605-615
Li N N, Wang Y B, Xu G P, Yi L, Wang A F, Li T, Cao G Q. Comparison of different grouping procedures and evaluation criteria for grouping maize inbreds using SNP data. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(3): 605-615
- [17] 赵久然, 李春辉, 宋伟, 王元东, 张如养, 王继东, 王凤格, 田红丽, 王蕊. 基于 SNP 芯片揭示中国玉米育种种质的遗传多样性与群体遗传结构. 中国农业科学, 2018, 51(4): 626-634
Zhao J R, Li C H, Song W, Wang Y D, Zhang R Y, Wang J D, Wang F G, Tian H L, Wang R. Genetic diversity and population structure of important Chinese maize breeding germplasm revealed by SNP-Chips. Scientia Agricultura Sinica, 2018, 51(4): 626-634
- [18] 杨兆顺, 袁文姬, 许高平, 韩小云, 孙天齐. 利用 SNP 标记划分 46 份玉米自交系的杂种优势群. 农业科技通讯, 2018(3): 51-52, 247
Yang Z S, Yuan W Y, Xu G P, Han X Y, Sun T Q. Division of 46 maize inbred lines into heterotic groups by SNP markers. Bulletin of Agricultural Science and Technology, 2018(3): 51-

- 52, 247
- [19] 卢柏山, 史亚兴, 宋伟, 徐丽, 赵久然. 利用 SNP 标记划分甜玉米自交系的杂种优势类群. 玉米科学, 2015, 23(1): 58-62, 68
Lu B S, Shi Y X, Song W, Xu L, Zhao J R. Heterotic grouping of sweet corn inbred lines by SNP markers. Journal of Maize Sciences, 2015, 23(1): 58-62, 68
- [20] 史亚兴, 卢柏山, 宋伟, 徐丽, 赵久然. 基于 SNP 标记技术的糯玉米种质遗传多样性分析. 华北农学报, 2015, 30(3): 77-82
Shi Y X, Lu B S, Song W, Xu L, Zhao J R. Genetic diversity analysis of waxy corn inbred lines by single nucleotide polymorphism (SNP) markers. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2015, 30(3): 77-82
- [21] Rogers S O, Bendich A J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues. Plant Molecular Biology, 1985(5): 69-76
- [22] Vilella A J, Severin J, Ureta-vidal A, Li H, Durbin R, Birney E. EnsemblCompara GeneTrees: complete, duplication-aware phylogenetic trees in vertebrates. Genome Research, 2009, 19(2): 327-335
- [23] Yang J, Lee S H, Goddard M E, Visscher P M. GCTA: a tool for genome-wide complex trait analysis. American Journal of Human Genetics, 2011, 88(1): 76-82
- [24] 姜思奇, 郭瑞, 张放, 赵艳贺, 时免免, 邓丽霞, 崔震海, 阮燕晔. 利用核心 SNP 标记划分辽宁省常用玉米自交系杂种优势群的研究. 玉米科学, 2018, 26(4): 17-23
Jiang S Q, Guo R, Zhang A, Zhao Y H, Shi M M, Deng L X, Cui Z H, Ruan Y Y. Heterotic grouping by core SNP markers for maize inbred lines widely used in Liaoning province. Journal of Maize Sciences, 2018, 26(4): 17-23
- [25] 贺囡囡, 蒙云飞, 韦桂旺, 冯云敢, 韦爱娟, 张述宽. 8 个糯玉米自交系 11 个农艺性状的配合力分析及其评价. 江苏农业科学, 2018, 46(16): 76-80
He N N, Meng Y F, Wei G W, Feng Y G, Wei A J, Zhang S K. The analysis and evaluate on combining ability of 11 agronomic traits in 8 waxy corn inbred lines. Jiangsu Agricultural Sciences, 2018, 46(16): 76-80
- [26] 高东雪. 甜玉米主要品质性状遗传及杂种优势利用. 长春: 吉林农业大学, 2019
Gao D X. Inheritance of main quality characters and utilization of heterosis of sweet maize. Changchun: Jilin Agricultural University, 2019
- [27] 林建丽, 朱正歌, 高建伟. 植物杂种优势研究进展. 华北农学报, 2009, 24(S): 46-56
Lin J L, Zhu Z G, Gao J W. Heterosis in plant research. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2009, 24(S): 46-56
- [28] 王思予. 甜玉米遗传距离与杂种优势关系的研究. 长春: 吉林农业大学, 2014
Wang S Y. Study on relations of genetic distance and heterosis in sweet maize. Changchun: Jilin Agricultural University, 2014
- [29] Jones E S, Sullivan H, Bhatramakki D, Smith J S C. A comparison of simple sequence repeat and single nucleotide polymorphism marker technologies for the genotypic analysis of maize (*Zea mays* L.). Theoretical and Applied Genetics, 2007(115): 361-371
- [30] Varshney R K, Thiel T, Sretenovic-Rajicic T, Baum M, Valkoun J, Guo P, Grando S, Ceccarelli S, Graner A. Identification and validation of a core set of informative genic SSR and SNP markers for assaying functional diversity in barley. Molecular Breeding, 2008(22): 1-13
- [31] 温振民. 多抗、高产、稳产、优质、高配合力玉米自交系育种的途径与方法探讨. 玉米科学, 2002, 10(1): 3-5, 73
Wen Z M. Breeding methodology of maize inbred line selection for multiple resistance, high combining ability, high-stable yield and high quality potential. Journal of Maize Sciences, 2002, 10(1): 3-5, 73
- [32] 高若禹, 刘鑫, 邓昆鹏, 王野, 赵仁贵. 12 份玉米自交系主要农艺性状配合力及杂种优势分析. 东北农业科学, 2016, 41(3): 14-17
Gao R Y, Liu X, Deng K P, Wang Y, Zhao R G. Analysis on combining ability and heterosis of main agronomic characters of 12 maize inbred lines. Journal of Northeast Agricultural Sciences, 2016, 41(3): 14-17
- [33] 田树云, 文仁来, 苏月贵, 何雪银, 刘亚利, 程伟东, Pichet Grudloyma. 12 个泰国玉米群体的产量配合力效应分析及其杂种优势类群的划分. 玉米科学, 2012, 20(5): 1-6
Tian S Y, Wen R L, Su Y G, He X Y, Liu Y L, Cheng W D, Pichet G. Combining abilities of 12 Tai corn populations and their heterotic grouping. Journal of Maize Sciences, 2012, 20(5): 1-6
- [34] 王兵伟, 黄安霞, 覃永媛, 覃嘉明, 时成俏. 20 个糯玉米自交系几个主要性状的配合力分析. 西南农业学报, 2012, 25(1): 22-27
Wang B W, Huang A X, Qin Y A, Qin J M, Shi C Q. Analysis on combining ability of several main characteristics using 20 wax maize inbred lines. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2012, 25(1): 22-27
- [35] 杜青, 郑加兴, 吕巨智, 文仁来, 曾艳华, 杨耀炯, 王治红, 张述宽, 唐照磊, 李石初, 程伟东. 利用 SSR 标记划分广西骨干玉米自交系的杂种优势群. 玉米科学, 2017, 25(6): 21-27
Du Q, Zheng J X, Lv J Z, Wen R L, Zeng Y H, Yang Y J, Wang Z H, Zhang S K, Tang Z L, Li S C, Cheng W D. Analysis heterotic groups of elite maize inbred lines in Guangxi by SSR makers. Journal of Maize Sciences, 2017, 25(6): 21-27
- [36] 张世煌, 田清震, 李新海, 李明顺, 谢传晓. 玉米种质改良与相关理论研究进展. 玉米科学, 2006, 14(1): 1-6
Zhang S H, Tian Q Z, Li X H, Li M S, Xie C X. Advancement of maize germplasm improvement and relevant research. Journal of Maize Sciences, 2006, 14(1): 1-6