

引进南斯拉夫玉米自交系的类群划分与利用

李玉玲¹ 陶华¹ 陈绍江²

(1. 河南农业大学 农学院, 郑州 450002; 2. 中国农业大学 国家玉米改良中心, 北京 100094)

摘要 用7个国内不同类群自交系测定了9个南斯拉夫玉米自交系的GCA和SCA,分析了被测系的种质特点、在育种上的利用价值和途径以及测验种在生产上的商用价值。结果表明:被测系可分为5类,所代表的种质基础较广泛;9809单株产量的GCA最高,9809×S₂₂的SCA 2年都达到显著水平,9809在育种上有较大的直接组配利用价值;9809×S₂₂单株产量居首位,较对照分别增产41.56%和24.26%,具有较高的生产利用价值;其余自交系只能间接用于低优势群自交系的创新改良。本文还对各自交系适宜进一步广泛测配及重组改良的自交系类群进行了较详细的分析。

关键词 南斯拉夫玉米;玉米自交系;配合力;优势类群

中图分类号 S 330

文章编号 1007-4333(2003)01-0019-06

文献标识码 A

Classification of the heterotic groups in introduced Yugoslav maize inbreds and their utilization

Li Yuling¹, Tao Hua¹, Chen Shaojiang²

(1. Agronomy College of Henan Agricultural University Zhengzhou 450002, China;

2. National Maize Improvement Center of China, China Agricultural University, Beijing 100094, China)

Abstract The GCA and SCA of 9 introduced Yugoslavia maize inbreds were tested through their 63 crosses with 7 Chinese lines from different heterotic groups. The germplasm characteristics, value in breeding, utilization methods and the commercial value of the testcrosses were analyzed. The results were as follows: 9 tested lines were divided into 5 heterotic groups and they represented wide germplasm. The GCA of 9809 was the highest and the SCA of 9809 was higher than the ck hybrid significantly in plant yield in two years and 9809 had great value in cross-making. The single plant yield of 9809×S₂₂ was the highest in all the crosses and was higher than the ck hybrid by 41.56% and 24.26% in two years, and it had great utilization value in production. However, the rest 8 lines could only be used in the improvement of their low heterotic indirectly.

Key words Yugoslav maize; inbred lines; combining ability; heterotic groups

引进和利用国外种质对提高我国玉米育种效果,保持玉米杂交种持续增产起到了极其重要的作用,对种质扩增,拓宽玉米种质基础,继续保持玉米杂交种的增产潜力也具有重要的长远意义^[1~3]。但对未知种质基础的外引材料,必须首先弄清其与我国不同类群自交系的配合力和杂种优势表现,才能依据“高优势群自交系直接组配利用,相同或相近优势群自交系重组改良间接利用”的原则,充分发挥其在我国玉米育种中的作用,同时避免高优势群自交系相互杂交改良而导致优势群间自交系的遗传距离

减少从而降低杂种优势水平^[4]。

SCA是自交系间遗传差异大小的直接反映,并与GCA共同决定杂种优势的高低。许多学者利用SCA对供试自交系进行了成功分类,并获得了与依据分子标记和系谱分析相吻合的结果^[5~7]。本研究旨在利用国内不同优势类群骨干自交系作测验种,通过配合力测定,分析引进南斯拉夫玉米自交系与国内不同优势类群自交系的遗传关系,为进一步高效合理利用引进自交系提供理论依据。

收稿日期:2001-06-14;修回日期:2003-03-03

基金项目:河南省科技攻关资助项目(991010231)

作者简介:李玉玲,教授;陈绍江,教授,联系作者,主要从事玉米育种研究,E-mail:shaoj@mail.cau.edu.cn

1 材料与方

以引自南斯拉夫的9个自交系9801、9802、……9809为母本,以代表国内5个不同杂种优势群的7个骨干自交系为父本,1999年在河南长葛和海南三亚采用NC遗传交配设计配制了63个杂交组合。2000和2002年分别在河南新乡和长葛夏播种植63个杂交组合,根据生产实际,分别选用豫玉23号和豫玉33号为对照杂交种,田间采用了随机区组设计,2行区,3次重复,行长4m,行距67cm,株距28cm,种植密度59730株·hm⁻²,管理同一般大田,以小区为单位进行收获和室内考种,考查性状包括单株产量、穗长、穗粗、穗行数、行粒数、百粒重和出

籽率。

试验数据采用郭平仲介绍的NC遗传设计分析方法^[8]作配合力方差分析、GCA和SCA效应估算及其显著性检验,同时计算母本、父本、母本×父本对总变异的贡献PC_f、PC_m和PC_{mf}。

2 结果与分析

2.1 单株产量联合方差分析

2个环境单株产量联合方差分析结果显示,杂交组合基因型方差及其与环境互作达到极显著水平,说明不同杂交组合间存在显著的遗传差异,不同杂交组合对不同环境条件的反应也有差异(表1)。

表1 单株产量的联合方差分析表

Table 1 Variance analysis on single plant yield

变异来源	SS	df	MS	F	F _{0.05}	F _{0.01}
环境间	33 371.61	1	33 371.61	154.899**	3.879	6.738
环境的重复间	1 479.812	4	369.953	1.717	2.408	3.396
基因型	84 114.15	62	1 356.68	6.297**	1.368	1.554
基因型×环境	27 218.5	62	439.008	2.038**	1.368	1.554
机误	53 429.35	248	215.441			

2.2 被测系的类群划分及其利用潜势

配合力方差分析结果表明,除新乡点穗长的父母本互作不显著外,其余各性状的父本、母本及其互作均达到显著或极显著水平。在各性状的总变异

中,除穗粗和出籽率外,母本的贡献均大于父本,表明被测系间各性状的遗传差异较大,所代表的种质范围较宽,值得进一步研究其种质特点及其高效利用方法(表2)。

表2 各性状配合力方差分析(F值)及亲本贡献

Table 2 Combining ability variance analysis of the traits(F value) and parent contribution

变异来源	地点	单株产量	穗长	穗粗	穗行数	行粒数	百粒重	出籽率
组合	(1)	4.530**	4.037**	6.867**	7.927**	3.887**	4.771**	6.834**
	(2)	3.838**	6.196**	16.434**	8.13**	4.771**	10.709**	3.591**
母本	(1)	9.390**	14.175**	12.450**	15.677**	4.682**	9.425**	7.033**
	(2)	6.868**	23.517**	48.931**	25.986**	16.133**	32.897**	7.159**
父本	(1)	5.855**	8.198**	13.081**	19.165**	3.299**	8.548**	6.204**
	(2)	8.202**	18.281**	85.459**	33.85**	12.605**	43.609**	9.73**
母本×父本	(1)	1.774*	1.189	1.883**	1.704**	2.289**	1.693*	2.999**
	(2)	2.787**	1.798**	2.39**	1.94**	1.898**	2.898**	2.229**
PC _f (%)	(1)	47.37	53.85	44.05	43.49	35.59	43.16	39.76
	(2)	23.09	48.98	38.42	41.24	43.64	39.64	25.72
PC _m (%)	(1)	22.3	23.36	34.71	39.87	18.81	29.36	26.31
	(2)	20.68	28.55	50.32	40.29	25.57	39.41	26.22
PC _{mf} (%)	(1)	30.33	22.79	21.24	16.64	45.61	27.48	33.92
	(2)	56.23	22.47	11.26	18.47	30.79	20.95	48.06

注:(1)2000年在新乡试验点;(2)2002年在长葛试验点(下同)。

依据合并后的 SCA 直接作为配合距离,按最短距离法对 9 个引进自交系的聚类结果(图 1)表明,被测系可分为 5 类,9801、9805、9809 各成一类,9802、9804、9806、9808 为一类,9803 和 9807 为另一类。9809 与其他自交系的遗传差异最大,含有独特的种质。

2.3 被测系与国内不同类群自交系的 SCA 与利用途径

63 个组合单株产量的 SCA 效应值列于表 3。不同被测系与同一测验系 SCA 的极差和标准差较大,表明被测系所代表种质基础较宽,这与配合力方差分析及被测系的多群聚类结果一致。综合 2 年结果,在供试的 7 个测验系中,以 S₂₂、478 和 374 与各被测系 SCA 的极差和标准差较大。在被测系中既有与 S₂₂、478、374 的同缘系,也有其高配系。从同一

被测系与不同测验系 SCA 差异可以看出,9801、9808、9809 的极差和标准差较大。

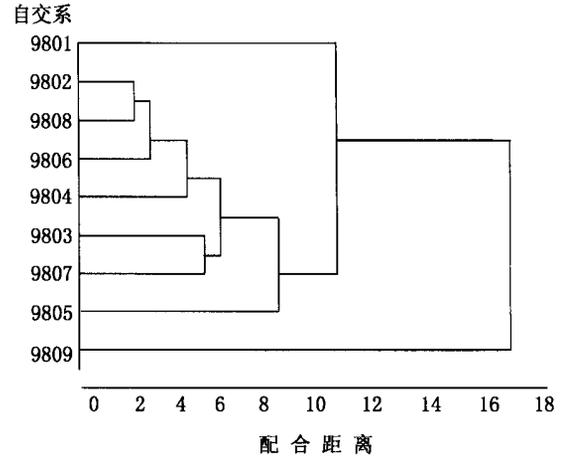


图 1 被测自交系的聚类图

Fig. 1 Cluster of the tested inbred lines

表 3 63 个组合单株产量的 SCA 效应值
Table 3 SCA value of yield per plant in 63 crosses

自交系编号	地点	豫 87-1	S ₂₂	昌 7-2	478	丹 232	豫 374	478 改	极差	标准差
9801	(1)	4.405 **	11.365 **	-6.232 **	-2.098 **	-1.413	-16.814 **	10.157 **	28.179	9.651
	(2)	13.649	29.218 **	0.112	1.559	-12.781	-32.893 **	1.136	62.111	19.532
9802	(1)	-9.966 **	-11.007 **	-3.903 **	15.830 **	-2.581 **	7.945 **	3.952 **	26.837	9.774
	(2)	-17.091	-10.432	9.049	5.446	1.359	18.367 *	-6.698	35.458	12.224
9803	(1)	5.062 **	5.555 **	-7.745 **	3.259 **	13.578 **	-1.36	-18.619 **	32.197	10.488
	(2)	-3.211	6.432	-6.374	-0.511	7.439	-21.593 *	17.819 *	39.412	12.461
9804	(1)	3.315 **	-16.426 **	-8.589 **	6.711 **	-9.237 **	13.993 **	10.233 **	30.419	11.442
	(2)	-1.786	-10.594	6.277	-7.693	11.74	8.122	-6.066	22.334	8.703
9805	(1)	4.686 **	-0.888	-1.418 *	6.849 **	-8.932 **	2.431 **	-2.729 **	15.781	5.241
	(2)	0.621	-1.499	-12.172	31.618 **	0.101	-14.744	-3.925	46.362	15.184
9806	(1)	-5.523 **	-4.064 **	4.406 **	-2.727 **	-3.975 **	5.621 **	6.262 **	11.785	5.172
	(2)	-19.063 *	-7.757	13.843	3.43	4.056	11.151	-5.66	32.906	11.546
9807	(1)	13.615 **	-8.126 **	0.878	-7.756 **	8.563 **	-4.541 **	-2.633 **	21.741	8.299
	(2)	11.343	-15.254	-7.69	-3.397	13.246	-13.012	14.763	30.017	12.876
9808	(1)	-14.980 **	-7.787 **	20.416 **	-3.050 **	1.199	1.098	3.105 **	35.396	10.981
	(2)	6.113	-9.641	-5.017	-18.407 *	-4.394	30.641 **	0.703	49.048	15.562
9809	(1)	-0.614	31.379 **	1.916 **	-17.018 **	3.068 **	-9.003 **	-9.729 **	48.397	15.617
	(2)	9.425	19.527 *	1.971	-12.045	-20.766 *	13.96	-12.072	40.293	15.226
极差	(1)	28.595	47.805	29.005	32.848	22.815	30.807	28.852		
	(2)	32.712	44.472	26.015	50.025	34.012	63.534	29.891		
标准差	(1)	8.789	14.49	8.849	9.514	7.579	9.104	9.540		
	(2)	11.782	15.352	8.587	14.135	11.185	21.202	10.075		

进一步分析各被测系的 SCA 可以看出,9802、9805、9809 的遗传基础较清晰,9809 可归入国内 Reid 类群并与国内唐四平头、外杂选类群等其他优良自交系广泛测交,从中筛选商用杂交种,同时可以与 Reid 类群自交系相互杂交改良,扩增 Reid 类群种

质。9802 和 9805 可能主要含有南斯拉夫国内种质,与 Reid 类群为高优势群,并与我国唐四平头,旅大红骨类群自交系具有较大的遗传相似性。其他 7 个自交系均同时与我国 2 个高优势类群自交系的 SCA 为极显著正值或负值,表明这些自交系的遗传基础

较为复杂,可与其高优势类群自交系广泛测交,与低优势类群自交系重组改良。但这些自交系能否与国内不同类群自交系构建新的杂种优势模式尚有待进一步研究。

2.4 被测系的 GCA 及其在育种上的直接利用价值

从被测系各性状的 GCA(表 4)可以看出,9809 单株产量的 GCA 为极显著最大正值,综合 2 年试验结果,除出籽率和长葛的行粒数、穗长外,其余各穗粒性状的 GCA 为显著或极显著正值,表明 9809 可以全面提高其所配组合的穗粒性状而提高产量,是一个有较大直接组配利用价值的自交系,且其 SCA 变幅大,正值高,可组配出有突破性组合。9806 单株产量的 GCA 也为显著正值(1.842 和 8.447),但均

极显著低于 9809,且其部分穗粒性状的 GCA 为显著或极显著负值,单株产量 SCA 的极差和标准差也较小,最大 SCA 正值较小(6.262 和 13.843)(表 3),表明用其组配杂交组合可显著提高部分穗粒性状而提高单株产量,但同时又会显著减小其它穗粒性状,最终使单株产量提高的幅度较小,难以组配出产量有突破性的组合。9808 单株产量的 GCA 为正值,6 个穗粒性状中仅穗行数为显著正值,虽然其 SCA 的极差和标准差均较大,最大 SCA 正值也较高,但用其组配出突破性组合的机率也较小。而 9805 的 2 年结果有正有负,6 个穗粒性状中穗长和行粒数的 GCA 为极显著正值,而穗粗和穗行数为显著或极显著负值,表明用其组配有突破性组合有机率也较小。

表 4 被测系各性状的 GCA 效应值
Table 4 GCA value of the traits in the tested inbred lines

自交系编号	地点	单株产量	穗长	穗粗	穗行数	行粒数	百粒重	出籽率
9801	(1)	-9.387**	0.342	-0.260**	-1.026**	1.635*	-2.519**	0.413
	(2)	-1.379	0.945**	-0.216**	-1.243**	0.889	-1.351**	1.119**
9802	(1)	-13.515**	-2.196**	0.140**	0.878**	-4.984**	0.414	-3.376**
	(2)	-0.179	-1.369**	0.236**	1.185**	-5.444**	3.592**	-2.262**
9803	(1)	-2.044**	0.957**	-0.141**	-2.312**	1.492	6.920**	0.471
	(2)	-3.592	1.393**	-0.34**	-2.196**	3.032**	0.84*	1.331**
9804	(1)	-1.463**	-0.381	0.054	-1.074**	-0.365	0.515	-0.914**
	(2)	-10.12**	-1.088**	0.103**	-0.862**	-0.063	0.073	-1.277**
9805	(1)	1.166**	1.928**	-0.351**	-0.598**	3.540**	0.143	1.976**
	(2)	-1.945	2.093**	-0.393**	-0.529*	5.127**	-3.151**	0.529
9806	(1)	1.842**	-0.796**	0.216**	1.354**	-1.899*	-1.176	-0.457
	(2)	8.447*	-0.541*	0.179**	0.661**	0.079	-0.198	0.721
9807	(1)	-6.096**	-0.696**	0.04	1.212**	0.73	-3.395**	0.710*
	(2)	-10.483**	-1.569**	0.065	0.852**	-2.444**	-1.627**	0.779
9808	(1)	0.668**	0.061	0.021	0.688**	-1.746*	-1.961*	1.133**
	(2)	1.443	0.107	0.112**	0.566*	-0.444	0.016	-0.481
9809	(1)	30.166**	0.780**	0.283**	0.878**	1.587*	1.886*	0.314
	(2)	17.809**	0.031	0.255**	1.566**	-0.73	1.806**	-0.46

其余被测系单株产量的 GCA 均为极显著负值,SCA 的极差和标准差较小,最大 SCA 正值也较低,因此,难以组配出高产组合,在育种上直接组配利用的价值不大,可针对其正向 GCA 性状重组改良其低优势类群自交系,间接发挥其作用,但具体适宜的被改良系和性状重组方式及实际改良利用效果尚有待进一步研究。

2.5 测交种产量表现及其在生产上的直接利用价值

供试 63 个杂交种的单株产量存在极显著差异,其中新乡点仅 4 个组合超 CK,长葛点有 15 个组合超 CK,其亲本组成及各性状表现(表 5)可以看出,2

年超 CK 组合多含 9809,表明 9809 在育种上有较大的直接组配利用价值,这与 GCA 和 SCA 分析结果相一致,同时表明 GCA 对自交系组配利用价值的决定性作用。

在各超对照组合中,9809 × S₂₂ 单株产量最高,2 年分别较对照增产 41.56% 和 24.26%。从其各单株产量构成因素来看,其高产原因在于穗长、穗行数和百粒重,3 个性状 2 年平均分别较对照高 14%、6.01% 和 7.85%,现已重点复配,进一步试验。其余超 CK 的较高产组合的增产因素各有不同,明年将提高多点试验进一步鉴定。

表 5 超对照高产组合及各性状表现

Table 5 Crosses with higher yield than control (CK) and their traits performance

杂交组合	单株产量/g	穗长/cm	穗粗/cm	穗行数	行粒数	百粒重/g	出籽率/%
新乡							
9809 ×S ₂₂	168.6	14.67	4.48	13.67	36.67	39.03	91.33
9809 ×昌 7-2	130.2	14.4	4.67	16	36.67	30.13	90.67
9809 ×87-1	125.7	13.4	4.77	16.33	29	32.9	84.67
9809 ×丹 232	119.6	13.63	4.83	17.33	29	35.57	86.7
CK	119.1	13.7	4.5	12.7	37	35	91.5
长葛							
9809 ×S ₂₂	152.97	17.17	4.52	16.00	33.33	27.63	88.97
9809 ×豫 87-1	152.34	14.03	5.29	19.33	25.67	27.33	81.93
9808 ×豫 374	143.75	16.03	4.63	16.00	32	28.63	87.00
9801 ×S ₂₂	143.47	18.27	4.23	14.33	38.67	25.07	89.51
9809 ×豫 374	143.44	16.70	4.50	15.33	32.33	29.47	85.11
9801 ×豫 87-1	137.37	15.00	4.80	15.67	29	27.17	86.36
9808 ×豫 87-1	132.65	13.90	5.08	18.67	28.33	27.67	81.38
9806 ×豫 374	131.29	14.87	4.47	15.33	32	25.80	86.42
9806 ×昌 7-2	130.02	14.73	4.73	16.00	32.33	24.60	88.48
9802 ×豫 374	129.86	15.77	4.41	15.00	27.33	29.43	85.54
9809 ×昌 7-2	127.51	13.77	4.80	18.00	30.33	26.47	85.90
9805 ×S478	127.05	19.20	4.07	14.67	39.67	22.10	88.79
9807 ×豫 87-1	125.96	12.20	5.11	19.33	26.33	26.47	88.27
9805 ×豫 87-1	123.77	16.50	4.37	17.33	35.67	20.87	86.41
9803 ×478 改	123.60	16.67	4.37	12.67	33.67	29.40	88.34
CK	123.10	14.20	4.64	15.33	29.67	26.50	86.31

3 讨 论

3.1 南斯拉夫玉米自交系的种质基础与进一步利用

南斯拉夫国内玉米种质具有较丰富的遗传基础,某些种质相互杂交具有较强的杂种优势,也形成了不同的高优势模式,但其利用杂种优势的主模式仍为南国内种质 ×美种质 (Reid 或 Lan 类)^[9]与我国的美种质 (Reid 或 Lan 类) ×唐四平头或旅大红骨的模式相似。由此推测,引进自交系可能属于 Reid、Lan、南国内种质类群之一。对于引进的 Reid 或 Lan 类自交系可与我国相应高优势类群自交系组配利用,同时用于重组改良我国的 Reid、Lan 类群自交系;南国内种质自交系一方面可与我国 Reid、Lan 类群自交系直接组配利用,另一方面,如果这些自交系与我国唐四平头、旅大红骨类自交系无优势,则可重组改良间接加以利用,如果有强优势,则可直接组配利用,并可以形成新的杂种优势利用模式。对本研究引进的 9 个自交系,与我国不同优势类群自交系的 SCA 和产量表现分析结果表明,9802 和 9805 应

归为南国内种质,9809 应归为 Reid 类,其余自交系的遗传基础可能比较复杂,不仅与我国同一优势类群自交系 (S₂₂和昌 7-2) 的优势表现不同 (9801、9803、9806 和 9808),而且同时与 2 个高优势类群自交系 (478 与 S₂₂ 或昌 7-2) 具有显著的正向或负向 SCA (9801、9803、9804、9806、9807、9808),难以明确归入国内某一类群,其种质特点尚待进一步研究。

3.2 玉米自交系杂种优势类群的划分方法与应用结果

玉米杂种优势类群是杂交组合组配和自交系创新改良的重要依据^[2]。对于未知系谱来源自交系优势类群的划分方法已由依据形态性状、同工酶、SCA 和杂种优势发展到分子标记聚类,虽然分子标记是快而准确的自交系分类办法,但仍存在某些自交系的分类结果与育种实践不相一致^[10]及费用大,难以普及等缺点。依据 SCA 进行自交系分群,不仅简便实用,而且与依据分子标记分群结果和系谱来源分析相吻合,并且可以使类群划分与测交利用相结合,起到事半功倍的结果,因此,在玉米育种实践中有较

大的利用价值。

测验系的代表性是影响依据 SCA 分类结果可靠性的关键。中国农科院作物所经过多年试验提出了当前适宜应用的 5 个标准测验系^[4],但随着种质不断扩增,育种工作的不断发展及骨干自交系的演化,标准测验系也应随之改变。

参 考 文 献

- [1] 曾三省. 中国玉米杂交种的种质基础 [J]. 中国农业科学, 1991, 23(4): 1~9
- [2] 陈彦惠, 李玉玲. 玉米遗传育种学 [M]. 郑州: 河南科技出版社, 1996
- [3] 周洪生. 21 世纪初我国玉米遗传育种及玉米生产的发展战略 [J]. 玉米科学, 1996, 4(4): 1~5
- [4] 李明顺, 张世煌, 彭泽斌, 等. 玉米半外来种质的构建与利用 [J]. 中国农业科学, 2000, 33(增刊): 15~19
- [5] 铁双贵, 郑用珺, 刘丁良, 等. 玉米人工合成群体的配合力效应及遗传潜势研究 [J]. 作物学报, 2000, 26(1): 28~34
- [6] 袁力行, 张世煌, 傅俊骅, 等. 玉米遗传多样性与杂种优势群研究 [J]. 中国农业科学, 2000, 33(增刊): 9~14
- [7] 刘新芝, 彭泽斌, 思杨, 等. 50 个常用玉米自交系配合力的聚类分析 [J]. 玉米科学, 1994, 2(1): 1~9
- [8] 郭玉仲. 数量遗传分析 [M]. 北京: 北京师范学院出版社, 1987
- [9] Radovic G, Jelovac D. Identification of the heterotic patterns in Yugoslav maize germplasm [J]. Maydica, 1995, 40: 223~227
- [10] Mechinger A E, Gumber R K. Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants [J]. CSSA Spec. Publ. 25. CSSA. Madison, W. I. 1998: 29~44

www.cnki.net