

基于染色体片段导入系发掘抗玉米丝黑穗病主效 QTL

吉海莲¹, 翁建峰¹, 吕香玲³, 王振华², 谢传晓¹, 张世煌¹, 李新海¹

(¹ 中国农业科学院作物科学研究所/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京 100081;

² 东北农业大学农学院, 哈尔滨 150030; ³ 沈阳农业大学农学院, 沈阳 110161)

摘要: 选用抗玉米丝黑穗病自交系 Mo17 和 SH15 为供体, 与受体感病自交系黄早四和昌 7-2 构建回交群体 ($BC_3F_1 \backslash BC_4F_2$), 通过田间人工接种玉米丝黑穗病原菌鉴定抗病性表现, 评价群体抗病性。研究结果显示黄早四 \times (黄早四 \times Mo17) BC_4F_2 群体发病率明显高于 BC_3F_1 群体; 两个 BC_4F_2 黄早四 \times (黄早四 \times Mo17) 和昌 7-2 \times (昌 7-2 \times SH15) 群体的发病率差异较大。采用 SSR 标记分析抗病株的供体染色体导入片段, 发现随着回交次数的增多, 导入片段数量减少, 但不同回交群体中供体导入片段数目明显不同。通过连锁不平衡分析, 在染色体 2.09 和 3.04 区段发掘和验证 2 个抗玉米丝黑穗病主效 QTL, 连锁标记分别为 umc2077 和 phio53 或 bnlg1965。本文研究结果为抗丝黑穗病基因精细定位和分子聚合育种提供了信息和材料。

关键词: 玉米; 玉米丝黑穗病; 染色体片段导入系; 连锁不平衡分析; 数量性状基因位点

Identification of Major QTL for Head Smut Resistance Based on Donor Chromosome Segment Introgression Line and Linkage Disequilibrium Analysis in Maize

Ji Hai-lian¹, WENG Jian-feng¹, LV Xiang-ling³, WANG Zhen-hua², XIE Chuan-xiao¹,
ZHANG Shi-huang¹, LI Xin-hai¹

(¹ The National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; ² College of Agronomy, Northeast Agricultural University, Harbin 150030; ³ College of Agronomy, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161)

Abstract: Mo17 and SH15, two head smut resistant inbred lines as donor parents were chosen to produce BC_3F_1 and BC_4F_2 populations of Huangzao4 \times (Huangzao4 \times Mo17) and Chang7-2 \times (Chang7-2 \times SH15) with two susceptible inbred lines Huangzao4 and Chang7-2 as recurrent parents, respectively. These populations were evaluated for head smut resistance with artificial inoculation under field condition. The disease incidence for BC_4F_2 populations of Huangzao4 \times (Huangzao4 \times Mo17) was higher than that of BC_3F_1 population. The disease incidence was found different for the BC_4F_2 populations of Huangzao4 \times (Huangzao4 \times Mo17) and Chang7-2 \times (Chang7-2 \times SH15). The resistant individuals were genotyped by SSR markers on maize bins 2.09 and 3.04. The number of donor introgression segments in BC_4F_2 resistant plants was becoming less than that in BC_3F_1 , and also varied between populations. Using linkage disequilibrium analysis, two major QTL for head smut resistance were identified, which are on bin 2.09 and bin 3.04, linked with umc2077 and phio53/bnlg1965, respectively. The results obtained provided both useful genetic information and materials for QTL mapping and marker assisted selection for head smut resistance in maize.

Key words: Maize; Head smut; Introgression line; Linkage disequilibrium analysis; Quantitative trait loci

收稿日期: 2011-07-07 修回日期: 2011-09-02

基金项目: “863”计划项目(2007AA10Z172); 国际科技合作项目资助(2007DFA31010)

作者简介: 吉海莲, 硕士研究生, 从事玉米抗病分子育种

通讯作者: 张世煌, 研究员。E-mail: cshzhang2000@yahoo.com.cn

李新海, E-mail: Lixh2008caas@yahoo.cn

丝黑穗病是我国北方春玉米区的主要病害^[1], 培育和种植抗病品种是防治该病害的有效途径。研究表明, 玉米对丝黑穗病的抗性虽然属数量性状遗传^[2-7], 但是遗传力较高^[5]。近年来, 分子标记技术的发展为抗病遗传研究开辟了新途径^[8]。迄今为止, 多位学者^[4, 9-11]在除第 7 染色体外的其余 9 条玉米染色体上均检测到抗病 QTL。吉海莲等^[12]采用元分析技术在玉米染色体 2.09 和 3.04 区域分别确定 1 个“一致性抗病 QTL”。Chen 等^[11]精细定位了位于染色体 2.09 区域的抗病 QTL。这些研究结果为揭示抗玉米丝黑穗病遗传机制和开发抗病基因的分标记提供了基础。

近年来, 借助于回交方法构建的各种回交导入系, 不仅可用于分子聚合育种研究, 也是进一步定位与分离有利基因的重要材料。Yano 等^[13]用含有 1505 个水稻单株的近等基因系群体, 成功地图位克隆了水稻光敏感 QTL-Hd1; Monforte 等^[14]通过研究一系列来源于不同供体的 QTL-近等基因系, 精细定位了多个控制番茄果实性状的基因。通过杂交、回交与自交方法相结合, Li 等^[15]将来自全球水稻主产 213 个品种中蕴涵的基因导入 19 个优良品种, 培育出大量回交导入群体(BC₂F₂、BC₃F₂、BC₄F₂等); 在适宜环境条件下对多种农艺性状进行鉴定与分子标记分析, 建立了有利基因/QTL 发掘和聚合改良的水稻分子育种技术平台。本课题组以骨干玉米自交系掖 478、昌 7-2 等为受体, 以 200 多份优异自交系为供体, 创建了一批回交导入群体(BC₂F₂、BC₃F₂、BC₄F₂等), 并初步对部分群体开展了抗病、耐旱鉴定和新基因发掘研究。

本文以不同世代、不同组合的回交群体为材料, 通过田间人工接种玉米丝黑穗菌鉴定抗病株, 采用 SSR 标记鉴定供体染色体导入片段, 通过连锁不平衡分析, 发掘和验证抗玉米丝黑穗病主效 QTL, 探索建立基于供体染色体片段导入系的玉米抗病 QTL 发掘技术, 为抗玉米丝黑穗病分子标记辅助育种和基因克隆提供信息和材料。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以抗病玉米自交系 Mo17 和 SH15 为供体、感病自交系黄早四和昌 7-2 为受体^[16], 组配回交群体黄早四 × (黄早四 × Mo17) 和昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15)。供体亲本与受体亲本杂交并回交, 产生 F₁ 和 BC₁F₁ 群体; 以受体亲本为母本, 将 45 个 BC₁F₁ 植株花粉混合授

于母本, 回交组配 BC₂F₁ 群体; 如此回交 2 ~ 3 代, 在 BC₃F₁ 和 BC₄F₁ 群体中选择 30 个抗病单株进行自交, 创建 BC₃F₂ 和 BC₄F₂ 群体。回交群体组配在中国农科院北京昌平试验基地和海南试验基地进行。

以黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₃F₁、BC₄F₂ 和昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15) BC₄F₂ 及供体、受体亲本为材料, 进行抗病性鉴定及 QTL 分析。

1.2 抗病性鉴定

在北京中国农科院作物科学所试验基地分别于 2005 年春对黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₃F₁ 群体、2006 年春对 2 个 BC₄F₂ 群体进行了抗病性鉴定。采用田间人工接种方法鉴定回交群体的抗病性, 将上年在黑龙江哈尔滨收集并过 400 目筛的玉米丝黑穗病菌原菌按 0.1% 比率与细土混合配成菌土; 播种时先播下种子, 覆盖菌土 100g/穴, 上面再覆细田土。在玉米乳熟期, 调查田间发病情况。分别调查每个群体的总株数和发病株数, 确定抗病株和感病株, 计算群体的发病率^[16]。

1.3 抗病植株的供体染色体导入片段分析

根据 maizeGDB 网站提供的信息, 基于吉海莲等^[12]抗玉米丝黑穗病 QTL 元分析结果, 选取玉米染色体 2.09 和 3.04 ~ 3.05 区段的 55 对 SSR 引物分别对回交群体的 2 个亲本进行多态性筛选。利用在亲本间呈多态性的 SSR 引物, 对群体内的 64 个抗病株进行基因型分析。采用 χ^2 测验供体染色体导入片段频率与基因频率期望值符合度; 采用 GGT32 软件进行图示基因型分析 (<http://www.dpw.wau.nl/pv/pub/GGT>)。采用 CTAB 法^[17]提取亲本和抗病株基因组 DNA; SSR 标记分析参考 CIMMTY 手册(1998)^[18]。

1.4 基于供体染色体导入片段分析抗玉米丝黑穗病 QTL

在随机回交交配群体中, 某一位点 DNA 标记的基因和基因型频率是固定的。若回交植株或株系在某一位点上的供体染色体导入片段频率显著偏离理论期望值, 则可以认为对该位点存在选择效应, 其中供体导入片段频率高表明存在对供体基因的有利选择, 反之则存在对供体基因的不利选择; 同时可以推断在高频率基因型的标记处存在性状相关的 QTL。当这种偏分离相关性是由于供体纯合子引起, 表明基因间存在着加性效应; 如果偏分离是由于供体杂合子引起, 表明基因间存在着超显性效应; 若偏分离是由于供体纯合子和杂合子共同引起, 则表明存在着部分或者完全显性。用 χ^2 值测验抗病植株中供体导入片段频率与

期望值的差异显著性,进而检测出因选择形成的目标性状相关 QTL。为了减少误差,选择较高的显著水平 $P \leq 0.0001$ 。

2 结果与分析

2.1 回交群体抗病性表现

在玉米乳熟期调查群体的田间发病率。

表 1 回交导入群体的抗病性表现

Table 1 Evaluation for disease resistance in backcross introgression populations

年份	回交群体	世代	群体植株数量	发病株	发病率(%)
Year	Backcross population	Generation	No. of plants	No. of infected plants	Disease incidence
2005	黄早四 × (黄早四 × Mo17)	BC ₃ F ₁	860	95	11
2006	黄早四 × (黄早四 × Mo17)	BC ₄ F ₂	144	75	52
2006	昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15)	BC ₄ F ₂	270	209	77

2.2 抗病单株供体导入片段分析

分别选用 2.09 和 3.04 ~ 3.05 区段在黄早四与 Mo7 间呈多态性的 22 对引物和在昌 7-2 与 SH15 间呈多态性的 18 对引物,以受体黄早四和昌 7-2 为对照,分析黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₃F₁ 及 BC₄F₂ 群体和昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15) BC₄F₂ 群体的抗病单株基因型,并进行图示基因型分析。研究表明,在染色

2005 年黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₃F₁ 群体发病率为 11%; 2006 年 BC₄F₂ 群体发病率为 52%; 2006 年昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15) BC₄F₂ 群体发病率为 77%。这显示黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₄F₂ 群体发病率明显高于 BC₃F₁ 群体; 相同世代(BC₄F₂) 不同遗传背景的回交群体发病率差异较大(表 1)。

体 2.09 和 3.04 SSR 标记分析区间,黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₄F₂ 群体比 BC₃F₁ 群体的供体导入片段数明显减少(图 1 - 图 4); 昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15) BC₄F₂ 群体与黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₄F₂ 群体的供体导入片段数差异较大(图 5、图 6)。这显示随着回交次数增多,供体导入片段减少; 不同遗传背景的回交群体供体导入片段数目也明显不同。

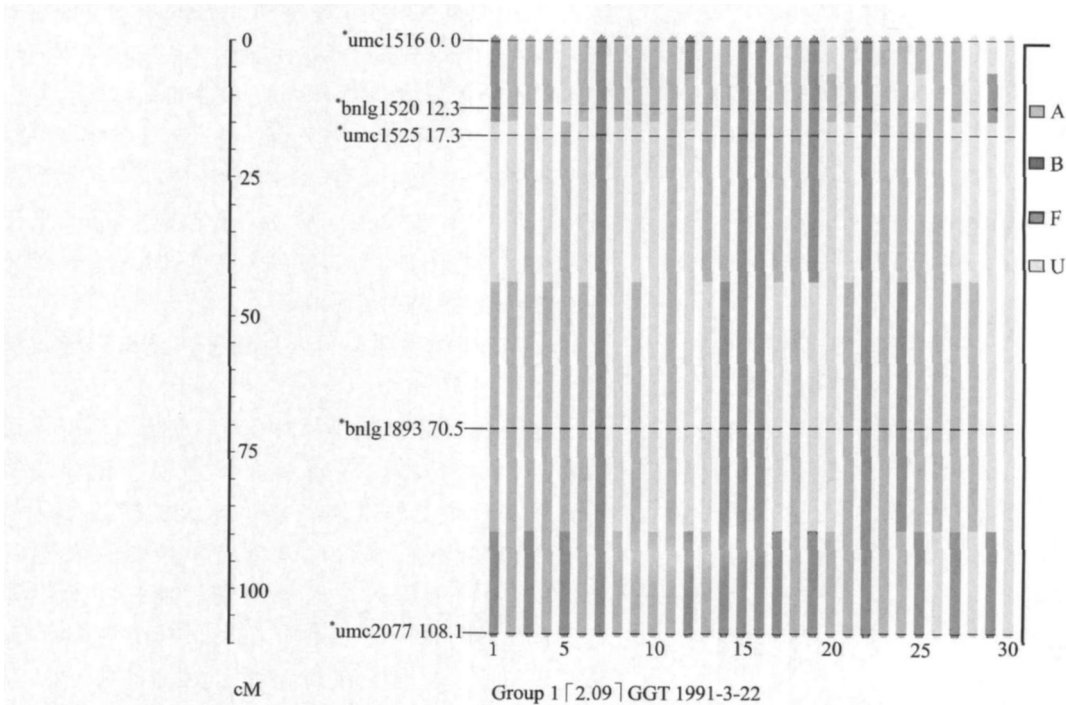


图 1 黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₃F₁ 群体 30 个抗病单株在 bin 2.09 区段的图示基因型分析

Fig. 1 Donor introgression segment drawing in 30 resistant plants of Huangzao 4 × (Huangzao4 × Mo17) BC₃F₁ population on bin 2.09

A: 受体亲本片段, B: 纯合供体片段, F: 杂合片段, U: 缺失片段,下同

A, B, F, U represents recurrent parents fragments,

homozygote donors fragments, heterozygote fragments and missing fragments, respectively. The same as below

在黄早四 \times (黄早四 \times Mo17) BC_4F_2 群体的 17 个抗病株中, 在 2.09 标记分析区间有 6 株未鉴定出供体片段, 11 株鉴定出 27 条供体片段, 介于 1~6 条之间, 平均为 2.45 条; 在 3.04 标记分析区间有 2 株没有鉴定出供体片段, 15 株鉴定出

26 条供体片段, 介于 1~6 条, 平均为 1.73 条。有 11 株在 2.09 和 3.04 标记分析区间都鉴定出供体导入片段, 有 4 株仅在 3.04 标记分析区间鉴定出导入片段, 有 2 株在两个分析区间都没有鉴定出导入片段(图 3、图 4)。

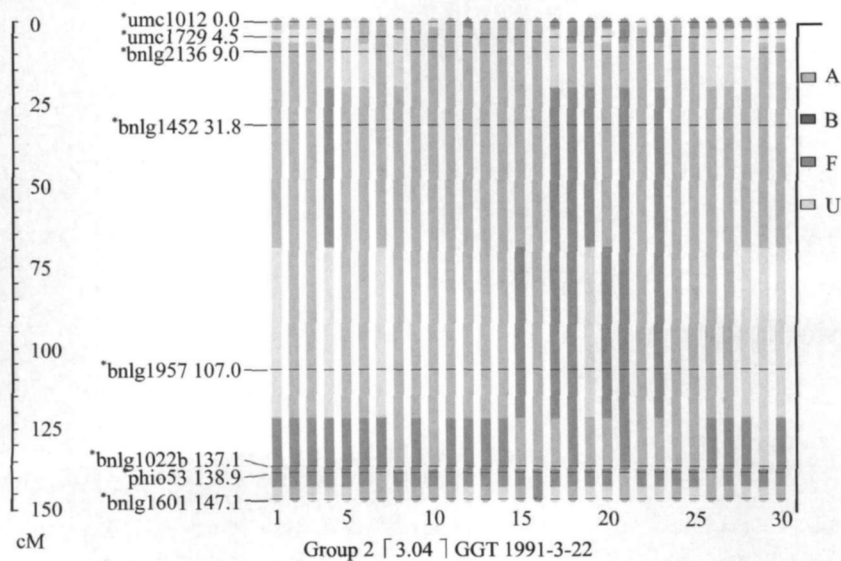


图 2 黄早四 \times (黄早四 \times Mo17) BC_3F_1 群体 30 个抗病单株在 bin 3.04 区段图示基因型分析

Fig. 2 Donor introgression segment drawing in 30 resistant plants of Huangzao 4 \times (Huangzao4 \times Mo17) BC_3F_1 population on bin 3.04

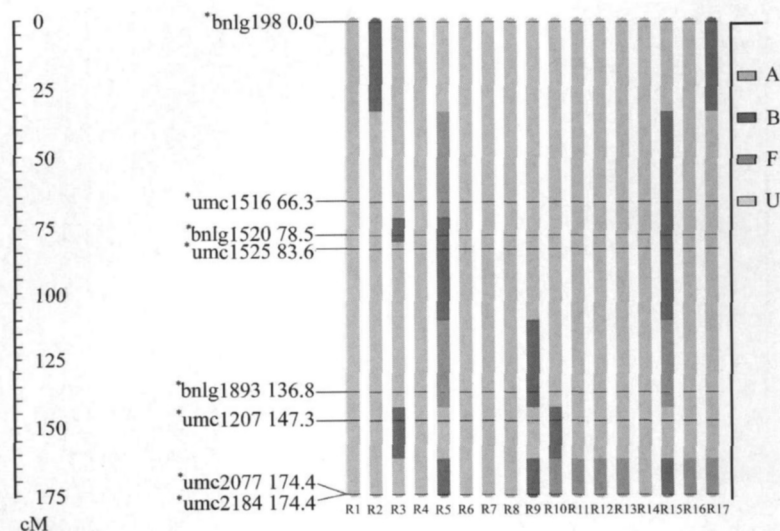


图 3 黄早四 \times (黄早四 \times Mo17) 的 BC_4F_2 群体 17 个抗病单株在 bin 2.09 区段图示基因型

Fig. 3 Donor introgression segment drawing in 17 resistant plants in Huangzao 4 \times (Huangzao4 \times Mo17) BC_4F_2 population on bin 2.09

在昌7-2 × (昌7-2 × SH15) BC₄F₂群体的17个抗病株中,在2.09标记分析区间有10株未鉴定出供体片段,7株鉴定出9条供体片段,介于1~2之间,平均为1.29个;在3.04标记分析区

间有17株共鉴定出97条供体片段,介于1~11之间,平均为5.69个。有7株在两个区间都含有供体导入片段,有10株仅在3.04区间含有导入片段(图5、图6)。

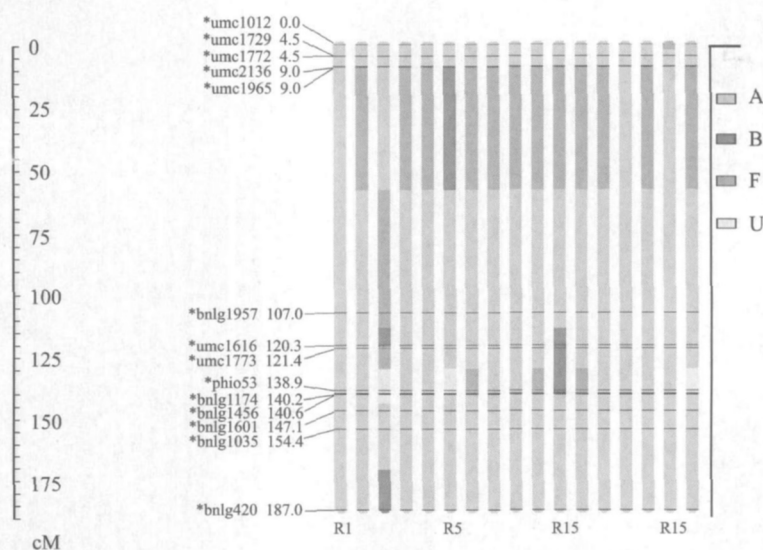


图4 黄早四 × (黄早四 × Mo17) 的 BC₄F₂ 群体 17 个抗病单株在 bin 3.04 区段图示基因型分析

Fig.4 Donor introgression segment drawing in 17 resistant plants in Huangzao 4 × (Huangzao4 × Mo17) BC₄F₂ population on bin 3.04

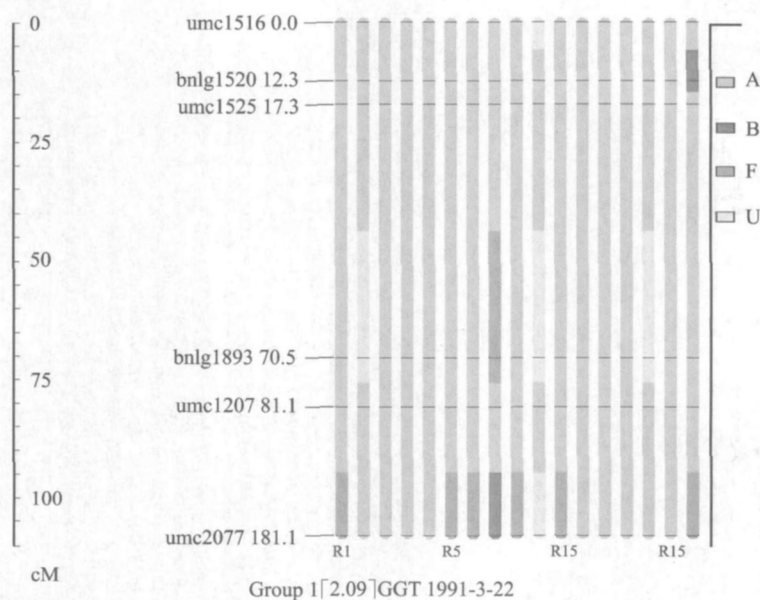


图5 昌7-2 × (昌7-2 × SH15) BC₄F₂ 群体 17 个抗病单株在 bin 2.09 区段图示基因型分析

Fig.5 Donor introgression segment drawing in 17 resistant plants of Chang7-2 × (Chang7-2 × SH15) BC₄F₂ population on bin 2.09

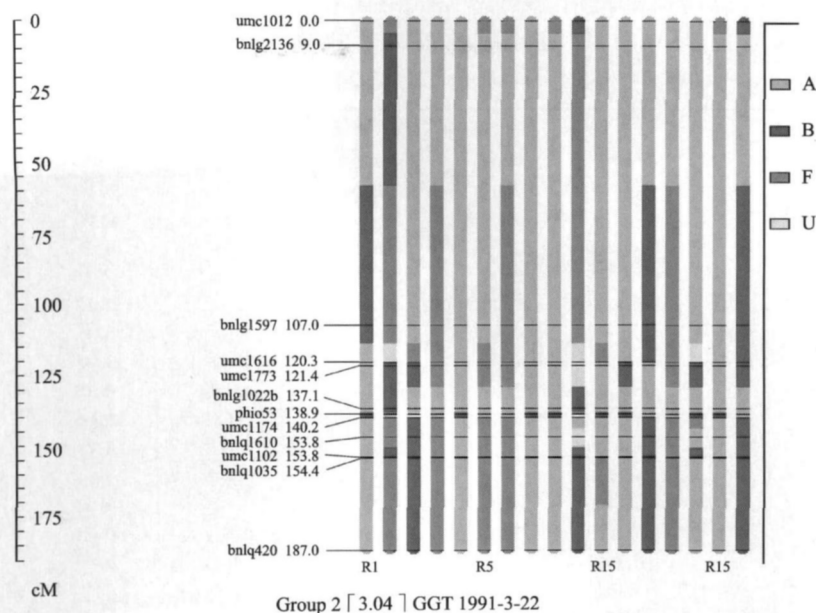


图6 昌7-2 × (昌7-2 × SH15) BC₄F₂群体17个抗病单株在bin3.04区段图示基因型分析

Fig. 6 Donor introgression segment drawing in 17 resistant plants of Chang7-2 x (Chang7-2 x SH15) BC₄F₂ population on bin3.04

2.3 基于供体导入片段进行抗病 QTL 分析

选取两个回交导入群体昌7-2 × (昌7-2 × SH15) BC₄F₂和黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₄F₂根据连锁不平衡 QTL 定位原理,采用卡方值检验某一位点上的供体导入片段频率是否显著偏离理论期望值,寻找连锁分子标记(表2)。

在黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₄F₂群体中于2.09和3.04区段分别发现 bnlq1520、umc2077、umc2184 标记和 umc1965、phi053 标记位点导入片段频率出现严重的偏分离现象。在昌7-2 × (昌7-2 × SH15) BC₄F₂群体中于2.09和3.04区段分别发现 umc2077 标记和 umc1012、bnlg1957、umc1616、umc1773、phi053、umc1174、bnlg1601、umc1102、bnlg1035、bnlg420 标记位点导入片段频率出现严重的偏分离现象。对两个群体抗病株标记基因型分离的卡方测验显示在2.09区段 umc2077 标记位点和3.04区段 phi053 标记位点均出现了严重的偏分离现象。

对每个区段标记位点的导入片段频率卡方值进行联合作图(图7、图8)。两个群体在2.09区段的

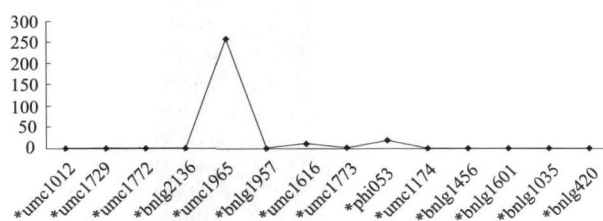
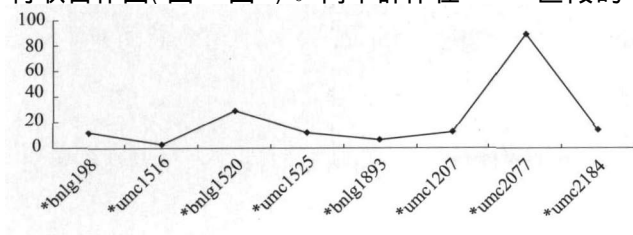


图7 黄早四 × (黄早四 × Mo17) 的 BC₄F₂ 群体在 2.09 和 3.04 ~ 3.05 区段 SSR 标记卡方显著性检验
Fig. 7 Significant test for χ^2 value of SSR markers of Huangzao4 x (Huangzao4 x Mo17) BC₄F₂ population on bin2.09 and bin 3.04 - 3.05

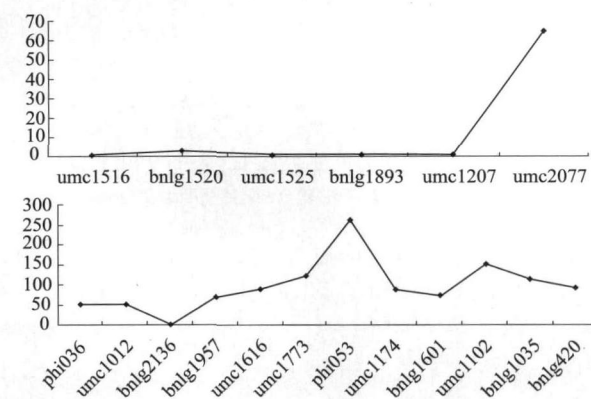


图8 昌7-2 × (昌7-2 × SH15) 的 BC₄F₂ 群体 2.09 和 3.04 ~ 3.05 区段 SSR 标记卡方显著性检验
Fig. 8 Significant test for χ^2 value of SSR markers of Chang7-2 x (Chang7-2 x SH15) BC₄F₂ population on bin2.09 and bin 3.04 - 3.05
标记的排列顺序参照 IBM 2005 Neighbors map
The sequence of markers reference IBM 2005 Neighbors map

表 2 BC₄F₂ 世代 2. 09 和 3. 04 区段 SSR 标记的基因频率和效应

Table 2 Gene frequencies and effects for SSR markers on 2. 09 and 3. 04 in 34 resistant plants of BC₄F₂ generation

群体 Population	标记 Marker	染色体 Bin	图谱位置 Coordinate	卡方值 Chi-Squ	杂合频率 Het-Freq	供体频率 Introq-Freq	基因作用 方式 GA
黄早四 × (黄早四 × Mo17)	bnlg198	2. 09	518. 04	11. 95	0	0. 12	A
	umc1516	2. 09	584. 3	2. 53	0. 06	0. 09	
	bnlg1520	2. 09	596. 55	28. 98	0	0. 18	
	umc1525	2. 09	601. 62	11. 95	0	0. 12	
	bnlg1893	2. 09	654. 8	6. 39	0. 12	0. 12	
	umc1207	2. 09	665. 37	11. 95	0	0. 12	
	umc2077	2. 09	692. 4	88. 60	0. 35	0. 35	PD
	umc2184	2. 09	692. 4	14. 14	0. 18	0. 15	PD
	umc1012	3. 04	159	0. 68	0. 06	0. 03	PD
	umc1729	3. 04	163. 5	0. 84	0	0	
	umc1772	3. 04	163. 5	0. 84	0	0	
	bnlg2136	3. 04	168. 02	0. 84	0	0	
	umc1965	3. 04	168. 02	258. 81	0. 71	0. 41	
	bnlg1957	3. 04	266. 03	0. 68	0. 06	0. 03	
	umc1616	3. 04	279. 32	11. 95	0	0. 12	PD
	umc1773	3. 04	280. 4	2. 53	0. 06	0. 09	
	phi053	3. 04	297. 9	18. 64	0. 21	0. 20	
	umc1174	3. 04	299. 2	0. 68	0. 06	0. 03	
	bnlg1456	3. 04	299. 63	0. 79	0	0	
	bnlg1601	3. 04	306. 1	0. 84	0	0	
	bnlg1035	3. 04	313. 4	0. 84	0	0	PD
	bnlg420	3. 04	345. 99	2. 56	0	0. 06	
昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15)	umc1516	2. 09	584. 3	0. 79	0	0	
	bnlg1520	2. 09	596. 55	2. 56	0	0. 06	
	umc1525	2. 09	601. 62	0. 84	0	0	
	bnlg1893	2. 09	654. 8	0. 95	0. 07	0. 04	
	umc1207	2. 09	665. 37	0. 84	0	0	
	umc2077	2. 09	692. 4	65. 31	0. 38	0. 25	PD
	umc1012	3. 04	159	51. 29	0. 29	0. 26	PD
	bnlg2136	3. 04	168. 02	2. 53	0. 06	0. 09	PD
	bnlg1957	3. 04	266. 03	68. 94	0. 29	0. 32	
	umc1616	3. 04	279. 32	89. 27	0. 43	0. 36	PD
	umc1773	3. 04	280. 4	119. 21	0. 25	0. 44	PD
	phi053	3. 04	297. 9	261. 49	0	0. 53	A
	umc1174	3. 04	299. 2	88. 60	0. 35	0. 35	PD
	bnlg1601	3. 04	306. 1	74. 20	0. 31	0. 34	PD
	umc1102	3. 04	312. 8	151. 67	0. 24	0. 47	PD
	bnlg1035	3. 04	313. 4	114. 02	0. 35	0. 41	PD
	bnlg420	3. 04	345. 99	94. 24	0. 29	0. 38	PD

频率指在 SSR 标记位点上供体等位基因所占的比例。χ² 值由抗病单株实际基因型偏离 BC₄F₂ 群体理论分离比率计算而得。GA: QTL 效应。A: 供体纯合体的频率显著高于期望值 推测基因作用方式为加性; OD: 杂合体的频率显著高于期望值 推测基因作用方式为超显性; CD 或 PD: 供体纯合和杂合体的频率高于期望值 推测基因作用方式为完全显性或部分显性。P = 0. 001、0. 0001 时 χ² 值分别为 13. 8 和 18. 4

The frequency indicates the frequency of introgression at each marker and χ² coefficient was obtained based on the deviations of the observed genotypic frequencies in the selected ILs from the expectations in BC₄F₂ population. Values at significance levels of p = 0. 001 and 0. 0001 are 13. 8 and 18. 4 respectively. Gene actions(GA) is inferred based on the observed genotypic frequencies of the selected ILs in which additivity(A) is suggested by excess donor homozygote, complete or partial dominance(CD or PD) by excess of both donor homozygote and heterozygote, and overdominance(OD) by excess heterozygote

χ² 高峰值均位于 umc2077 标记位点; 对抗病株携带的供体片段频率进行分析, 发现该位点供体片段导入频率大于 25% (理论频率 1. 6%), 推测在 umc2077 标记附近存在 1 个抗病 QTL。在黄早四 × (黄早四 × Mo17) BC₄F₂ 群体中, 在 3. 04 区段的 χ² 高峰值位于 umc1965 标记位点, 供体片段导入频率为 41%。在 phi053 处也表现偏分离, 供体片段导入频率

为 20%。在昌 7-2 × (昌 7-2 × SH15) BC₄F₂ 群体中 χ² 高峰值位于 phi053 标记, 供体片段导入频率为 53% , 由此推测在这两个标记附近或之间存在抗病 QTL。

3 讨论

培育和种植抗病品种是解决玉米丝黑穗病病害的重要途径, 发掘主效抗病基因及分子标记是开展

抗病分子育种的技术前提。Lübberstedt 等^[4]利用欧洲玉米种质采用复合区间作图法,分别定位了 3 个(位于第 6、8 和 9 染色体)和 8 个(位于第 1、2、3、4、5、6(2)和 8 染色体) QTL。Lu 等^[9]利用单因子方差分析法在第 1、3、9、10 染色体上发现影响丝黑穗病的抗性基因位点。Li 等^[10]利用黄早四 × Mo17 群体采用复合区间作图法,分别在染色体 1.02、2.08 ~ 2.09、2.09、3.04 和 8.02 区域检测到抗病 QTL。吉海莲等^[12]整合 22 个抗丝黑穗病 QTL,采用元分析技术,在 2.09 和 3.04 区域获得 2 个“一致性”抗病 QTL,图距分别为 8.79 cM 和 18.92 cM。

回交导入系之间以及导入系与轮回亲本之间实际上类似于近等基因系,它们之间任何表型上的差异可以认为是由于导入片段引起的。因此,分析各导入系间以及导入系与轮回亲本间的差异,可以鉴定出导入片段携带的染色体区段即 QTL,为发掘目标性状 QTL 提供了材料基础^[19]。Paterson 等^[20]、Eshed 和 Zamir^[21]利用回交导入系定位了一系列与番茄产量和加工品质有关的 QTL。Li 等^[15]、徐建龙等^[22]利用回交导入系定位了水稻抗病和抗旱相关 QTL。本文分别在 2.09 区段的 umc2077 位点和 3.04 区段 phi053 及 umc1965 位点,各检测到 1 个抗玉米丝黑穗病 QTL,同时显示两个区段上的 QTL 作用方式表现为显性或部分显性。本研究结果与 Li 等^[10] QTL 定位结果一致,进一步验证了此区段存在抗病 QTL;同时说明了基于供体染色体导入片段发掘抗病 QTL 的可行性。

利用回交导入系进行 QTL 定位的同时,也鉴定出部分只含有单个片段的导入系,这些单位点导入系消除了大部分遗传背景的干扰,导入片段中的基因/QTL 可看作单个孟德尔因子,从而可以进一步构建近等基因系,为 QTL 精细定位奠定基础。本文获得 2.09 区域单个片段导入系 2 份,3.04 ~ 3.05 单个片段导入系 4 份。这些材料经过重复抗病鉴定后,可以用于构建近等基因系,从而为主效 QTL 精细定位提供材料。

参考文献

- [1] 李凤海,史振声. 诱发 2002 年辽宁省玉米丝黑穗病大发生的主要因素[J]. 辽宁农业科学, 2003(4): 23-25
- [2] 马秉元,李亚玲,段双科. 玉米对丝黑穗病的抗性与遗传初步研究[J]. 中国农业科学, 1983(4): 12-17
- [3] Stromberg E L, Stienstra W C, Kommedahl T, et al. Smut expression and resistance of corn to *Sphacelotheca reiliana* in Minnesota

- [J]. Plant Dis, 1984, 68: 880-884
- [4] Lübberstedt T, Xia X C, Tan G, et al. QTL mapping of resistance to *Sporisorium reiliana* in maize [J]. Theor Appl Genet, 1999, 99: 593-598
- [5] 段永钊,李兴鑫,艾方珍,等. 陕西省玉米丝黑穗病抗源筛选与鉴定[J]. 西北农业学报, 1992, 1(4): 83-86
- [6] 梅振邦,徐国英,王河成,等. 玉米对丝黑穗病的抗性遗传规律[J]. 山西农业科学, 1982(11): 10-13
- [7] Ali A, Baggett J R. Inheritance of resistance to head smut disease in corn [J]. J Amer Soc Hort Sci, 1990, 115(4): 668-672
- [8] 李建生. 玉米分子育种研究进展 [J]. 中国农业科技导报, 2007, 9(2): 10-13
- [9] Lu X W, Brewbaker J L. Molecular mapping of QTLs conferring resistance to *sphacelotheca reiliana*(*kühn*) *clint* [J]. Maize Genet Cooper Newsl, 1999, 73: 36
- [10] Li X H, Gao S R, Shi H L, et al. Analysis of QTL for resistance to head smut(*Sporisorium reiliana*) in maize [J]. Field Crop Res, 2008, 106(2): 148-155
- [11] Chen Y S, Chao Q, Tan G Q, et al. Identification and fine-mapping of a major QTL conferring resistance against head smut in maize [J]. Theor Appl Genet, 2008, 117: 1241-1252
- [12] 吉海莲,李新海,谢传晓,等. 基于元分析的抗玉米丝黑穗病 QTL 比较定位 [J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(2): 132-139
- [13] Yano M, Katayose Y, Ashikari M, et al. Hd1, A major photoperiod sensitivity quantitative trait locus in rice, is closely related to the *Arabidopsis* flowering time gene CONSTANS [J]. Plant Cell, 2000, 12: 2473-2483
- [14] Monforte A J, Friedman E, Zamir D. Comparison of a set of allelic QTL-NILs for chromosome 4 of tomato: Deductions about natural variation and implications for germplasm utilization [J]. Theor Appl Genet, 2001, 102: 572-590
- [15] Li Z K, Fu B Y, Gao Y M, et al. Genome-wide introgression lines and a forward genetics strategy for genetic and molecular dissection of complex phenotypes in rice(*Oryza sativa* L.) [J]. Plant Mol Biol, 2005, 59(1): 33-52
- [16] Wang Z H, Li X H, Xie C X, et al. Genetic diversity in a collection of Chinese maize inbred lines for resistance to head smut caused by *Sporisorium reiliana* [J]. Maydica, 2008, 53(1): 47-54
- [17] Saghai-Marouf M A, Soliman K, Jorgensen R A, et al. Ribosomal DNA spacer length polymorphism in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics [J]. Proceed Natl Acad Sci USA, 1984, 81: 8014-8018
- [18] CIMMYT Applied Molecular Genetics Laboratory [M]. Mexico: Laboratory protocol, CIMMYT, 1998
- [19] Bernacchi D, Beck-Bunn T, Emmatty D, et al. Advanced backcross QTL analysis of tomato. II: Evaluation of near-isogenic lines carrying single-donor introgressions for desirable wild QTL-alleles derived from *Lycopersicon hirsutum* and *L. pimpinellifolium* [J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 170-180
- [20] Paterson A H, DeVerna J W, Lanini B, et al. Fine Mapping of quantitative trait loci using selected overlapping recombinant chromosomes in an interspecies cross of tomato [J]. Genetics, 1990, 124: 735-742
- [21] Eshed Y, Zamir D. An introgression line population of *Lycopersicon pennellii* in the cultivated tomato enables the identification and fine mapping of yield-associated QTL [J]. Genetics, 1995, 141(3): 1147-1162
- [22] 徐建龙,薛庆中,罗利军,等. 近等基因导入系定位水稻抗稻曲病数量性状位点的研究初报 [J]. 浙江农业学报, 2002, 14(1): 14-19