

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2013.01007

8 个合成群体改良玉米杂交种郑单 958 的育种潜力分析

雍洪军^{1,2}, 李明顺², 张德贵², 李新海², 潘光堂¹, 张世煌², 荣廷昭¹

1. 四川农业大学玉米研究所, 雅安 625014;
2. 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081

摘要: 玉米群体含有有利等位基因, 可作为改良杂交种的优异种质。针对持续改良我国主要玉米杂交种郑单 958 产量性状和商品品质的需求, 文章以 8 个合成群体为供体, 郑单 958 亲本自交系为受体, 组配 16 个测交组合。2009 和 2010 年分别在北京顺义和河南新乡测量产量和籽粒容重。4 个遗传参数评价显示, 合成群体可以作为新的有利等位基因供体改良杂交种性状, 其中 WBMC-4 和陕综 3 号两个群体具有同时改良杂交种产量和籽粒容重的潜力, 可分别用于改良亲本自交系郑 58 和昌 7-2, 以及拓宽我国主要玉米类群 PA 和四平头的种质基础。

关键词: 玉米; 合成群体; 种质改良; 杂交种

Analysis on breeding potential of eight synthetic populations to improve a Chinese maize hybrid Zhengdan 958

YONG Hong-Jun^{1,2}, LI Ming-Shun², ZHANG De-Gui², LI Xin-Hai², PAN Guang-Tang¹, ZHANG Shi-Huang², RONG Ting-Zhao¹

1. Maize Research Institute, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014, China;
2. Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

Abstract: Maize (*Zea mays* L.) populations are potential sources of favorable alleles absent in parental inbred lines to improve elite hybrids. The maize hybrid Zhengdan 958 has been hampered by the lack of favorable new alleles for improving yield and commodity quality. In the present study, 16 testcrosses made by using eight synthetic populations as the donors and the two parental lines of Zhengdan 958 as the receptors were evaluated in 2009 and 2010 at Shunyi, Beijing and Xinxing, Henan Province for grain yield and test weight. Four genetic parameters were used to determine the breeding potential of eight synthetic populations as the donors to improve the target hybrid. Several synthetic populations were identified as the potential sources of favorable alleles absent in the target hybrid for each trait evaluated. The two most promising germplasms, WBMC-4 and Shanxi Syn3, had the potential for simultaneously improving grain yield and test weight of the target hybrid, which could be used to improve the parental lines Zheng 58 and Chang 7-2, respectively, and further

收稿日期: 2013-02-18; 修回日期: 2013-05-23

基金项目: 国家玉米产业技术体系项目(编号: CARS-02-02)资助

作者简介: 雍洪军, 博士后, 研究方向: 玉米种质改良。E-mail: caas06a231@aliyun.com

通讯作者: 李新海, 研究员, 研究方向: 玉米种质改良与分子育种。E-mail: lixinhai@caas.cn;

荣廷昭, 教授, 研究方向: 玉米遗传育种。E-mail: rongtz@sicau.edu.cn

网络出版时间: 2013-7-15 10:13:07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20130715.1013.001.html>

broaden the germplasm base of Chinese heterotic groups PA and Sipingtou.

Keywords: *Zea mays* L.; synthetic populations; germplasm improvement; hybrid

黄淮海是我国玉米主产区,播种面积占全国 33%^[1,2]。自 20 世纪 70 年代单交种应用以来,杂交种的推广应用对我国玉米生产起到了积极推动作用^[3]。优良杂交种郑单 958(PA×四平头杂优模式)以高产、多抗、广适性等优点,连续成为黄淮海夏玉米区和我国推广面积最大的品种^[4],但近年来也表现出产量潜力需要进一步提升、商品品质不佳等不足^[5]。通过玉米种质创新,改良杂交种的不良性状对提高其生产应用价值具有重要意义^[6,7]。

Dudley 等^[8~11]学者提出一套数量遗传学方法,采用遗传参数 $Lplu'$ (Relative number of dominant favorable alleles)、NI(Net improvement)、PTC (Predicted three-way cross)、UBND(Minimum upper bound)筛选改良杂交种的最佳供体,估计 REL (Relationship value)判别改良亲本,以及估算 DIF(Difference value)判断如何改良杂交种。应用此方法,Dudley 等^[12]、Kraja 等^[13]、Taller 和 Bernardo^[14]等学者评价了美国合成群体改良玉米带杂交种 FRB73 × FRMo17、FR1064 × LH185、LH 227 × LH 295 的产量和抗倒性;Stojšin 和 Kannenberg^[15]利用加拿大合成群体改良当地杂交种 CG28 × CO265、CGKX86 × CO265 的产量和株型性状;Rodriguez 等^[16]利用西班牙合成群体改良当地杂交种 EP80 × F7、EP80 × Z78007 的耐冷性;Trifunovic 等^[17]利用南斯拉夫群体改良当地杂交种 A82/9 × L155 的产量和穗部性状;Incognito 等^[18]利用阿根廷地方品种改良青贮玉米杂交种 B73 × LP122-2 的品质性状。国内对此报道较少,雍洪军等^[19]利用 CIMMYT 群体研究改良我国东北主要杂交种吉单 261 的产量和穗部性状。20 世纪 80 年代以来,我国学者通过选用不同来源的材料,组建了不同类型群体,为自交系选育提供了种质基础。目前,这些群体在育种中应用还较少,尚缺乏对改良特定自交系或杂交种的评价。本文旨在运用 Dudley 等提出的数量遗传学方法,探明利用合成群体进一步提高郑单 958 产量和籽粒容重的改良策略,为发掘特异群体在玉米育种中利用提供参考。

1 材料和方法

1.1 试验材料

选用 8 个合成群体:东农群体、吉综 A、辽旅综、豫综 5 号、陕综 3 号、中综 3 号、中综 4 号、WBMC-4。杂交种为河南省农业科学院选育的郑单 958,亲本自交系为郑 58 和昌 7-2。试验材料系谱组成和来源见表 1。

1.2 田间试验设计

以 8 个合成群体为父本,2 个亲本自交系为母本,采用 NCII 遗传交配设计,2008 年冬在海南三亚南滨试验基地种植合成群体和 2 个自交系。在散粉期,取 100 株父本花粉混匀后,分别授粉于 2 个亲本自交系,配制 16 个测交组合,每个组合组配 100 穗以上,收获的测交组合果穗混合脱粒。利用亲本自交系组配对照种郑单 958。2009 年和 2010 年将 16 个测交组合和 1 个对照种(郑单 958),采用不完全区组设计,3 次重复,种植于北京顺义和河南新乡。两个亲本自交系(郑 58、昌 7-2)采用完全随机排列,10 次重复,安排在同一块地相邻位置。每小区设置 2 行,行长 5 m,行距 0.6 m,每区 32 株,密度设置为 51 000 株/hm²。田间调查穗位高(cm),人工收获后室内考察产量(折算成 15.5%含水量的公顷产量 t/hm²)和籽粒容重(利用 HGT-1000(GB1351-78)容重仪测量,折算成 15.5%含水量容重 g/L)。2009 年顺义试验点由于大风影响去除掉。

1.3 统计分析

采用 SAS 软件的 PROC MIXED 程序^[20]对每个性状单独进行方差分析,采用 Bartlett 法检验方差的差异性^[21]。设置环境、重复和区组为随机变量,品种为固定变量。通过 PROC MIXED 和 LSMEANS 程序计算各性状联合环境下的校正值^[20]。

采用 4 个遗传参数评价群体改良杂交种的潜力。Dudley 提出了从群体向单交种转移有利等位基因的理论^[8],假设任意两个自交系有 4 类等位

表 1 8 个合成群体、改良杂交种及亲本自交系的系谱组成和来源

材料	系谱	来源
合成群体		
东农群体	黑龙江省的 10 个骨干自交系, 经完全双列杂交, 再经 3 年混合授粉形成的综合种, 偏向旅大红骨种质。	东北农业大学
吉综 A	英粒子血统自交系合成的综合种, 包括吉 708、吉 63、吉 69、oh43、英 46、英 55、英 64、英 114、英 119、Mo17、B73、A632、B59 等。	吉林省农业科学院
辽旅综	旅大红骨系统自交系合成的综合种, 包括自 330、oh43、C103、M14、金 03、辽金 107、辽金 834、铁 84、吉 63、T423、辽由 351、H84C1 等。	辽宁省农业科学院
豫综 5 号	16 个美国种质来源的自交系组成, 包括掖 478、掖 8112、沈 5003、美 3184、沈 5005、郑 32、铁 7922、掖 107、27-263、许 05、Mo17、齐 302、齐 35、豫杂 3 号、豫杂 16、豫 UMU 等。	河南农业大学
陕综 3 号	短粗穗型综合种, 含有武 301、武 302、黄小 162、百日早、唐四平头、H84、Va35、农 749、海 7、恩 77 和地方农家种质墩子黄、黄粒子等。	西北农林科技大学
中综 3 号	若干抗病自交系组配的综合种, 后期加入以旅大红骨血缘为主的自交系。	中国农业科学院
中综 4 号	由 6 个 PN 种质选系、5 个 Reid 种质选系、2 个地方种质选系、5 个其他类选系合成。	中国农业科学院
WBMC-4	由 52.3%美国种质 BSSS、38%湖北地方硬粒型种质巫溪、9.5%墨黄 9 号构建的复合群体。	华中农业大学
杂交种		
郑单 958	郑 58×昌 7-2。	河南省农业科学院
亲本自交系		
郑 58	掖 478 改良系。	河南省农业科学院
昌 7-2	(黄早四×潍 95)× S901。	河南省安阳农科所

基因(i, j, k 和 l), 优良自交系 I_1 在位点 i 和 j 上具有纯合的有利等位基因(++), I_2 在 i 和 k 位点上具有纯合的有利等位基因(++), 在 l 位点上两个优良自交系具有不利等位基因(--), 在一个群体中 4 类位点的平均有利基因频率分别用 $\overline{p_i}$ 、 $\overline{p_j}$ 、 $\overline{p_k}$ 和 $\overline{p_l}$ 表示, 并假设是完全显性($a=1$), 忽略上位性。参数 $Lpl\mu'$ 代表了一个群体中 l 类位点有利显性等位基因的相对数目, 设 μ 是纯合基因型之间差异的一半。根据 $(I_1 \times P_y) - (I_2 \times P_y) = [(I_1 \times I_2) - I_2]q_j - [(I_1 \times I_2) - I_1]q_k$ 公式, 通过估计 q_j 和 q_k 上下限, 进一步确定估计值 $Lpl\mu'$ [8,11], 其中 I_1 和 I_2 分别代表亲本自交系郑 58 和昌 7-2, P_y 代表供试群体, $I \times P_y$ 代表自交系与群体测交组合, $I_1 \times I_2$ 代表待改良杂交种郑单 958。

另外, 3 个遗传参数和计算公式分别为: UBND, 其公式为: $\text{Min} \{[(I_1 \times P_y) - I_1], [(I_2 \times P_y) - I_2]\}$ [9]; PTC, 其公式为: $[(I_1 \times P_y) + (I_2 \times P_y)]/2$ [10]; NI, 其公式为: $\text{Max} \{[(I_1 \times P_y) - (I_1 \times I_2)]/2, [(I_2 \times P_y) - (I_1 \times I_2)]/2\}$ [11]。

通过估计供试群体与亲本自交系的特殊配合力和参数 REL 值, 确定供试群体适宜改良的亲本自交系 [8]。采用 Falconer 和 Mackay 模型 [22] 估计供试群体与亲本自交系的产量特殊配合力效应, 利用 PROC CLUSTER 程序对群体进行聚类。参数 REL

计算公式为: $[(I_2 \times P_y) - (I_1 \times P_y) + (I_1 - I_2)]/2$ 。若 $REL > 0$, 表明供试群体与亲本自交系 I_1 遗传相似性较高, 适宜改良 I_1 ; 否则该群体适宜改良 I_2 。通过估计 $Lpl\mu' - (Jqj\mu \text{ or } Kqk\mu)$ (DIF), 判断如何改良杂交种, 根据改良不同亲本自交系确定参数 DIF 的计算公式, 进而判断如何改良杂交种。若 P_y 改良 I_1 , 采用公式 $DIF = (I_2 \times P_y) - (I_1 \times I_2)/2$ 。若 $DIF > 0$, 可通过 F_2 (来自 $I_1 \times P_y$) 连续自交选育新改良系; 反之, 可考虑利用 I_1 回交 1~2 次进行选系。若 P_y 改良 I_2 , 采用公式 $DIF = [(I_1 \times P_y) - (I_1 \times I_2)]/2$ 。若 $DIF < 0$, 可考虑利用 I_2 回交, 否则不需回交。各估计值的方差为其构成成分的方差线性和, 参数估计值超过 2 倍的标准误, 认为是在 $\alpha=0.05$ 水平下显著大于 0 [12]。

2 结果与分析

方差分析表明(数据未列出), 产量、籽粒容重和穗位高在测交组合以及自交系亲本间存在极显著差异, 但所有性状的基因型与环境互作不存在显著差异, 利用 Bartlett 法检验求得卡方值为 4.75, 小于 $\chi_{0.05}=5.99$ (d.f.=2), 因此在联合环境下求得较正值, 估计合成群体改良杂交种的遗传参数。

2.1 产量

从表 2 可以看出, 16 个测交组合和 2 个亲本自

交系产量均显著低于对照郑单 958。在供试群体中, 豫综 5 号和中综 4 号产量最高, 东农群体和陕综 3 号产量最低, 其余 4 个群体介于中间, 但 8 个合成群体产量均低于郑单 958(数据未列出)。通过估计合成群体改良郑单 958 产量的遗传参数(表 3), 8 个群体的 $Lpl\mu'$ 估计均为正值, 其中以吉综 A、辽旅综、豫综 5 号、中综 3 号、中综 4 号、WBMC-4 等 6 个群体 $Lpl\mu'$ 估计值最高, 且达到显著水平, 分别为 0.87、0.74、0.86、0.79、0.97、0.92 t/hm², 而东农群体和陕综 3 号 $Lpl\mu'$ 估计值较低。8 个合成群体的 NI 估计均为负值, 而 PTC 和 UBND 估计均为显著正值, 且由参数 $Lpl\mu'$ 鉴定出的上述 6 个群体, 同样具有较高的 PTC 和 UBND 估计值。

采用合成群体与亲本郑 58 和昌 7-2 的产量特殊配合力效应值进行聚类(图 1), 明显将 8 个群体分为两个类群, 其中东农群体、吉综 A、辽旅综、陕综 3 号、中综 3 号与亲本自交系昌 7-2 具有较低的 SCA 效应, 聚为一群; 豫综 5 号、中综 4 号、WBMC-4 与亲本自交系郑 58 具有较低的 SCA 效应, 聚为另一类群。通过估计参数 REL(表 3), 发现豫综 5 号、中综 4 号、WBMC-4 的参数估计均为正值, 表明这 3

个群体与郑 58 有较高的相似性; 其余 5 个群体的 REL 估计均为负值, 表明其与昌 7-2 有较高的相似性。根据 DIF 估计值(表 3), 8 个合成群体 DIF 均为负值, 表明以亲本自交系为轮回亲本, 采用回交育种方式为适宜策略。

2.2 籽粒容重

从表 2 可以看出, 仅有郑 58×陕综 3 号、昌 7-2×吉综 A、昌 7-2×陕综 3 号、昌 7-2×WBMC-4 等 4 个测交组合籽粒容重大于郑单 958, 分别为 783.56、782.81、801.63、788.88 g/L。郑单 958 籽粒容重介于郑 58 和昌 7-2 之间。在供试群体中, 陕综 3 号和 WBMC-4 籽粒容重最高, 豫综 5 号籽粒容重最低, 其余 5 个群体介于中间。除陕综 3 号外, 其余 7 个群体籽粒容重均低于郑单 958(数据未列出)。由表 3 可知, 仅有陕综 3 号和 WBMC-4 的 $Lpl\mu'$ 参数估计为正值, 分别为 4.58 和 0.22 g/L; 吉综 A、豫综 5 号、中综 4 号 $Lpl\mu'$ 参数估计均为负值, 且豫综 5 号达到显著性; 其余 3 个合成群体由于没有适宜的 q_j 和 q_k 的上下限, 无法确定 $Lpl\mu'$ 估计值。对于参数 NI, 吉综 A、陕综 3 号、WBMC-4 均表现正值, 分别为 1.05、

表 2 16 个测交组合、1 个杂交种和 2 个亲本自交系在 3 个环境下的产量、籽粒容重和穗位高表现

材料	产量		籽粒容重		穗位高	
	郑 58 × P _y	昌 7-2 × P _y	郑 58 × P _y	昌 7-2 × P _y	郑 58 × P _y	昌 7-2 × P _y
群体						
东农群体	6.51	5.61	778.68	761.82	107.54	135.14
吉综 A	7.49	6.26	768.57	782.81	111.37	143.05
辽旅综	7.03	6.21	771.78	766.40	107.73	143.13
豫综 5 号	6.16	6.87	750.34	760.92	105.27	133.27
陕综 3 号	6.59	5.28	783.56	801.63	110.10	131.41
中综 3 号	7.11	6.34	767.77	765.25	108.80	131.89
中综 4 号	6.34	7.08	761.71	767.21	110.30	135.13
WBMC-4	6.82	6.97	778.90	788.88	124.78	155.15
LSD (0.05)	0.44		8.98		6.71	
杂交种						
郑单 958	8.00		780.71		111.93	
SE	0.30		5.15		1.60	
亲本自交系						
郑 58	3.01		775.58		55.27	
昌 7-2	2.28		786.17		91.33	
LSD (0.05)	0.26		6.14		2.84	

注: LSD(0.05)表示在 $P=0.05$ 水平下最小显著性差数值; SE 表示标准误。

表 3 8 个合成群体改良郑单 958 产量、籽粒容重及穗位高的遗传参数

改良参数	群体							
	东农群体	吉综 A	辽旅综	豫综 5 号	陕综 3 号	中综 3 号	中综 4 号	WBMC-4
产量(t/hm ²)								
<i>Lplμ'</i>	0.46 b	0.87 a*	0.74 a*	0.86 a*	0.40 b	0.79 a*	0.97 a*	0.92 a*
NI	-0.75 a	-0.26 a	-0.49 a	-0.57 a	-0.71 a	-0.45 a	-0.46 a	-0.51 a
PTC	6.06 b*	6.87 a*	6.62 a*	6.51 a*	5.93 b*	6.72 a*	6.71 a*	6.89 a*
UBND	3.33 a*	3.98 a*	3.93 a*	3.15 b*	3.00 b*	4.06 a*	3.33 a*	3.80 a*
DIF	-0.75 a	-0.26 a	-0.49 a	-0.57 a	-0.71 a	-0.83 b	-0.46 a	-0.51 a
REL	-0.53 b	-0.87 b	-0.45 b	1.07 a	-0.94 b	-0.41 b	1.10 a	0.52 a
籽粒容重(g/L)								
<i>Lplμ'</i>	-	-3.87 b	-	-13.91 c*	4.58 a	-	-9.49 b	0.22 a
NI	-1.02 b	1.05 a	-4.47 b	-9.90 b	10.46 a	-6.47 b	-6.75 b	4.08 a
PTC	770.25 c*	775.69 c*	769.09 c*	755.63 c*	792.60 a*	766.51 d*	764.46 d*	783.89 b*
UBND	-24.35 c	-7.01 b	-19.77 b	-25.25 c	7.98 a	-20.92 b	-18.96 b	2.71 a
DIF	-1.02 a	-6.07 a	-4.47 a	-9.90 b	1.42 a	-7.73 b	-6.75 b	4.08 a
穗位高(cm)								
<i>Lplμ'</i>	9.85 c*	12.79 b*	11.90 b*	8.82 c*	9.56 c*	9.36 c*	10.54 b*	20.59 a*
NI	11.61 c*	15.56 b*	15.60 b*	10.67 c*	9.74 c*	9.98 c*	11.60 c*	21.61 a*
PTC	121.34 c*	127.21 b*	125.43 b*	119.27 c*	120.76 c*	120.35 c*	122.72 b*	139.97 a*
UBND	43.81 c*	51.72 b*	51.80 b*	41.94 c*	40.08 c*	40.56 c*	43.80 c*	63.82 a*
DIF	-2.20 c	-0.28 c	-2.10 c	10.67 b*	-0.92 c	9.98 b*	11.60 b*	21.61 a*

注：“*”表示在 $P=0.05$ 水平下达到显著；字母表示多重比较；“-”表示无法确定估计值。

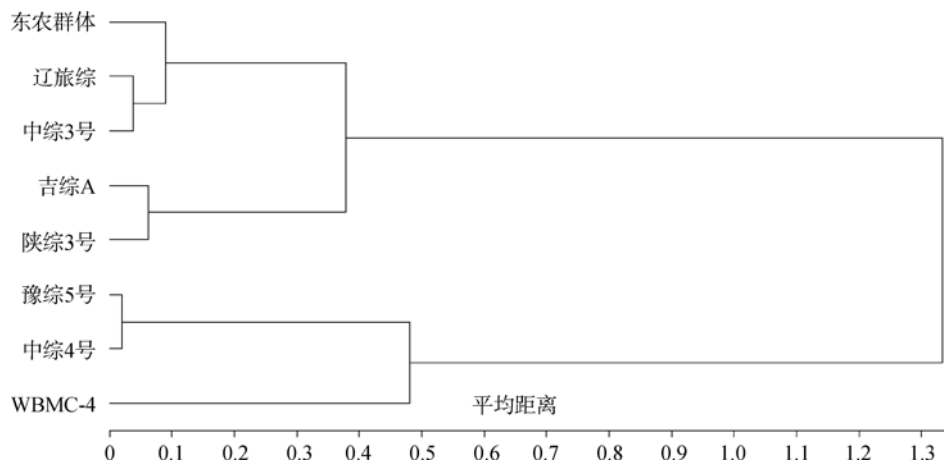


图 1 8 个合成群体依据产量特殊配合力效应值的聚类

10.46、4.08 g/L；其余群体均表现负值。对于参数 PTC，8 个群体均表现显著正值，且陕综 3 号和 WBMC-4 的估计值依次最大，分别为 792.60 和 783.89 g/L。对于参数 UBND，同样仅有陕综 3 号和 WBMC-4 估计值最大，分别为 7.98 和 2.71 g/L；其余 6 个群体均表现负值。根据群体与亲本自交系的产

量 SCA 效应和 REL 估计值(图 1 和表 3)，陕综 3 号偏向四平头种质，而 WBMC-4 适宜向 PA 种质方向选系。根据 DIF 估计值(表 3)，只有陕综 3 号和 WBMC-4 群体 DIF 估计为正值，表明利用其改良亲本自交系，适宜对测交组合连续自交再选育新自交系，其余 6 个群体 DIF 估计均为负值，表明以亲本自

交系为轮回亲本, 通过回交方式改良为适宜策略。

2.3 穗位高

8 个合成群体与昌 7-2 的测交组合穗位均高于郑单 958, 而在郑 58 与群体的测交组合中, 除郑 58×WBMC-4 外, 其余 7 个组合穗位均低于郑单 958, 2 个亲本自交系穗位也低于杂交种(表 2)。8 个群体穗位高 $Lpl\mu'$ 、NI、PTC、UBND 等 4 个参数估计均为显著正值, 且 WBMC-4 表现最大, 而东农群体、豫综 5 号、陕综 3 号、中综 3 号估计值均较低。根据 DIF 估计, 东农群体、吉综 A、辽旅综、陕综 3 号均表现负值, 分别为 -2.20、-0.28、-2.10、-0.92 cm; 而豫综 5 号、中综 3 号、中综 4 号、WBMC-4 均表现正值, 分别为 10.67、9.98、11.60、21.61 cm(表 3)。

3 讨论

3.1 玉米合成群体改良杂交种郑单 958 的潜力

玉米群体在杂交种改良中有两方面应用: 一是作为杂交种亲本选系的基础群体, 需要具有优良的农艺性状(如抗病、抗倒伏等); 二是作为改良现有自交系的种质, 需要具有自交系不存在的优良等位基因^[13]。在某一生态区, 优良杂交种具有较多有利等位基因^[8], 但个别性状表现不佳, 通过进一步改良, 有望在此基础上选育出农艺性状改良的杂交种。Dudley 等学者提出了筛选有利基因供体的方法^[8-11]。国外学者应用此方法, 通过估计 $Lpl\mu'$ 、NI、PTC、UBND 等遗传参数, 鉴定了合成群体改良当地杂交种的育种潜力。如利用 $Lpl\mu'$ 参数评价改良美国和加拿大杂交种的合成群体^[12-15], 利用 $Lpl\mu'$ 、UBND、PTC、NI 等参数鉴定改良南斯拉夫和阿根廷杂交种的合成群体^[17,18], 通过估计 $Lpl\mu'$ 、NI 等参数明确改良西班牙杂交种的合成群体^[16]。

本文研究表明, 8 个合成群体存在进一步改良郑单 958 产量和籽粒容重的应用潜力。首先, 针对郑单 958 产量性状改良的需求, 8 个群体的 $Lpl\mu'$ 、PTC、UBND 参数估计均表现正值, 且吉综 A、辽旅综、豫综 5 号、中综 3 号、中综 4 号、WBMC-4 等 6 个群体达到显著水平; 而 8 个合成群体的 NI 参数估计均表现负值。其次, 针对郑单 958 商品品质不佳的缺点, 考虑到籽粒容重能反应籽粒的成熟度、完整性、一致性, 以及加工、出口等级^[23], 因此选用其作

为衡量商品品质的指标。通过估计 4 个遗传参数, 仅有东农群体、辽旅综、中综 3 号等 3 个合成群体不能确定 $Lpl\mu'$ 估计值。一方面, 由于估计的 q_j 和 q_k 上下限, 无法确定计算 $Lpl\mu'$ 参数的公式。另一方面, 籽粒容重性状遗传性较复杂, 会影响到 Dudley 参数的估计。Helm 等^[24]认为籽粒容重是由多基因控制, 以加性效应为主; 丁俊强等^[23]利用郑 58 和昌 7-2 建立的 $F_{2:3}$ 群体分析籽粒容重的遗传效应, 发现加性和上位性效应同时存在。Dudley 理论假设只存在完全显性效应, 忽略上位性^[8], 但其余 3 个遗传参数没有假设的限制。综合 4 个遗传参数, 发现陕综 3 号、WBMC-4 的估计值均最高, 表明其对提高郑单 958 籽粒容重有较高的潜力。郑单 958 穗位高适中, 将群体有利基因渗入到杂交种的过程中, 是否会增加该品种的穗位高, 需要进一步考虑。穗位高属于隐性基因控制, 因此遗传参数越大, 表明群体改良杂交种的潜力越小^[12]。若 $DIF > 0$, 表明有利基因渗入能增加后代的穗位高; 否则, $DIF < 0$, 将不会增加穗位高。在供试的 8 个合成群体中, 东农群体、吉综 A、辽旅综、陕综 3 号等 4 个群体穗位高 DIF 估计为负值, 表明利用这些群体改良杂交种不会增加穗位高; 而豫综 5 号、中综 3 号、中综 4 号、WBMC-4 的 DIF 估计为显著正值, 表明利用这 4 个群体改良杂交种将有显著增加穗位高的风险。

3.2 优良群体改良杂交种郑单 958 的策略

综合 8 个合成群体改良杂交种郑单 958 产量和籽粒容重的遗传参数, 发现 WBMC-4 和陕综 3 号具备同时提高郑单 958 产量和籽粒容重的改良潜力。虽然吉综 A 和陕综 3 号遗传关系较近, 但遗传参数评价显示, 吉综 A 对提高郑单 958 产量具有相对较高的潜力, 而对改良籽粒容重潜力相对较小, 陕综 3 号与之相反, 这与以往评价群体配合力的研究结果基本一致^[25]。需要注意的是, 当利用 WBMC-4 改良郑单 958 时, 会有增加穗位高的风险, 要关注此性状的后代选择。根据产量特殊配合力效应和参数 REL 估计值, WBMC-4 与亲本自交系郑 58、陕综 3 号与昌 7-2 有较高的相似性, 这与两个群体的种质组成基本相符。综合产量、籽粒容重和穗位高的 DIF 估计值, WBMC-4 和陕综 3 号改良郑单 958 的策略为: 利用郑 58 回交至郑 58×WBMC-4 测交组合 1-2

代, 获得郑 58 改良系; 或通过昌 7-2×陕综 3 号测交组合连续自交, 获得昌 7-2 改良系。这些研究结果可为从合成群体中探索有利基因改良郑单 958, 以及类似 PA×四平头杂优模式下的杂交种提供理论参考。此外, 将 WBMC-4 与 PA 种群质, 陕综 3 号与四平头种群质建立复合群体, 开展群体改良, 能够进一步拓宽我国玉米种质类群的遗传基础。考虑到本试验选取的群体材料, 为充分发挥群体特性, 减少倒伏或倒折, 试验设置密度低于郑单 958 生产密度, 但在实际选系时应加大种植密度。

参考文献(References):

- [1] Li JS. Production, breeding and process of maize in China. In: Bennetzen JL, Hake SC, eds. Handbook of Maize: Its Biology. New York: Springer, 2009: 563–576. [DOI](#)
- [2] Zhang SH, Bonjean APA. Maize breeding and production in China. In: He ZH, Bonjean APA, eds. Cereals in China. CIMMYT, Mexico, D. F., Mexico, 2010: 35–49.
- [3] Ci XK, Li MS, Liang XL, Xie ZJ, Zhang DG, Li XH, Lu ZY, Ru GL, Bai L, Xie CX, Hao ZF, Zhang SH. Genetic contribution to advanced yield for maize hybrids released from 1970 to 2000 in China. *Crop Sci*, 2011, 51(1): 13–20. [DOI](#)
- [4] 孙世贤. 我国杂交玉米品种推广与成效. 作物杂志, 2010, (3): 121–124. [DOI](#)
- [5] 王绍新, 郭贵峰, 冯健英, 张国良. 郑单 958 的价值及改良. 河北农业科学, 2010, 14(2): 65–66. [DOI](#)
- [6] 张世煌. 郑单 958 带给我们的创新思路和发展机遇. 玉米科学, 2006, 14(6): 4–6. [DOI](#)
- [7] 王小星, 马丽, 王秀萍, 李潮海. 郑单 958 近缘组合的农艺性状分析. 玉米科学, 2008, 16(1): 104–107. [DOI](#)
- [8] Dudley JW. Modification of methods for identifying populations to be used for improving parents of elite single crosses. *Crop Sci*, 1987, 27(5): 940–943. [DOI](#)
- [9] Gerloff JE, Smith OS. Choice of method for identifying germplasm with superior alleles. *Theor Appl Genet*, 1988, 76(2): 209–216. [DOI](#)
- [10] Hallauer AR, Miranda Filho JB. Quantitative genetics in maize breeding. 2nd ed. Ames: Iowa State University Press, 1988. [DOI](#)
- [11] Bernardo R. Identifying populations useful for improving parents of a single cross based on net transfer of alleles. *Theor Appl Genet*, 1990, 80(3): 349–352. [DOI](#)
- [12] Dudley JW. Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles. *Crop Sci*, 1988, 28(3): 486–491. [DOI](#)
- [13] Kraja A, Dudley JW. Identification of tropical and temperate maize populations having favorable alleles for yield and other phenotypic traits. *Crop Sci*, 2000, 40(4): 941–947. [DOI](#)
- [14] Taller JM, Bernardo R. Diverse adapted populations for improving northern maize inbreds. *Crop Sci*, 2004, 44(4): 1441–1449. [DOI](#)
- [15] Stojšin D, Kannenberg LW. Evaluation of maize populations as sources of favorable alleles for improvement of two single-cross hybrids. *Crop Sci*, 1995, 35(5): 1353–1359. [DOI](#)
- [16] Rodríguez VM, Malvar RA, Butrón A, Ordás A, Revilla P. Maize populations as sources of favorable alleles to improve cold-tolerant hybrids. *Crop Sci*, 2007, 47(5): 1779–1786. [DOI](#)
- [17] Trifunović S, Husić I, Rošulj M, Stojšin R. Evaluation of U.S. and Yugoslavian maize populations as sources of favorable alleles. *Crop Sci*, 2001, 41(2): 302–308. [DOI](#)
- [18] Incognito SJP, Eyherabide GH, Bertoia LM, López CG. Breeding potential of elite maize landraces to improve forage yield and quality of two heterotic patterns. *Crop Sci*, 2013, 53(1): 121–131. [DOI](#)
- [19] Yong HJ, Wang JJ, Liu ZP, Li MS, Zhang DG, Li XH, Zhang SH. Potential of tropical maize populations for improving an elite maize hybrid. *Maydica*, 2011, 56(4): 359–366. [DOI](#)
- [20] SAS Institute. SAS System for Windows. Version 9.1.3. Cary: SAS Inst., Inc., 2009.
- [21] Zar JH. Biostatistical analysis. Englewood Cliffs: Prentice Hall Inc., 1974: 130–133. [DOI](#)
- [22] Falconer DS, Mackay TFC. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Essex: Longman Group Ltd., 1996. [DOI](#)
- [23] Ding JQ, Ma JL, Zhang CR, Dong HF, Xi ZY, Xia ZL, Wu JY. QTL Mapping for test weight by using F_{2:3} population in maize. *J Genet*, 2011, 90(1): 75–80. [DOI](#)
- [24] Helm JL, Paez AV, Loesch PJ, Zuber MS. Test weight in high-amylose corn. *Crop Sci*, 1971, 11(1): 75–77. [DOI](#)
- [25] 杨爱国, 张世煌, 李明顺, 荣廷昭, 潘光堂. CIMMYT 和我国玉米种质群体的配合力及杂种优势分析. 作物学报, 2006, 32(9): 1329–1337. [DOI](#)