首页 本院概况 新闻中心 科研创新 科技服务 人才队伍 合作交流 党建文明 专题专栏







当前位置: 首页 > 新闻中心 > 科研动态

## 我院玉米中心在《Genome Biology》上发文解析玉米杂种优势形成机理

② 时间: 2021-05-12

💍 来源: 玉米研究中心

■ 栏目:科研动态

【字体:减小增大】

5月10日,我院玉米中心赵久然研究员团队与华中农业大学、中国农业大学等国内多家单位合作,在国际知名学术期刊Genome Biology (2020 IF=10.806)发表了题为 "The genetic mechanism of heterosis utilization in maize improvement" 的论文,从新的视角解析了玉米杂种优势形成的机理。

RESEARCH Open Access

## The genetic mechanism of heterosis utilization in maize improvement



Yingjie Xiao<sup>1†</sup>, Shuqin Jiang<sup>2†</sup>, Qian Cheng<sup>3†</sup>, Xiaqing Wang<sup>1,4†</sup>, Jun Yan<sup>2</sup>, Ruyang Zhang<sup>4</sup>, Feng Qiao<sup>1</sup>, Chuang Ma<sup>3</sup>, Jingyun Luo<sup>1</sup>, Wenqiang Li<sup>1</sup>, Haijun Liu<sup>1</sup>, Wenyu Yang<sup>1</sup>, Wenhao Song<sup>1</sup>, Yijiang Meng<sup>5</sup>, Marilyn L. Warburton<sup>6</sup>, Jiuran Zhao<sup>4\*</sup>, Xiangfeng Wang<sup>2\*</sup> and Jianbing Yan<sup>1,7\*</sup>

该研究以先前发表的1428份人工合成群体(CUBIC)为母本,以30个我国育种中广泛应用的X群、兰卡群、瑞德群、热带群等遗传背景的优良骨干自交系为父本,创建了迄今为止植物中最大规模的杂交遗传设计群体,共42820个玉米F1材料(图1)。结合基因组大数据、机器学习和全基因组关联分析方法,系统解析了玉米杂种优势和特殊配合力形成的遗传学基础,鉴定了在营养-生殖转换中响应的候选基因位点,为完善杂种优势假说、基因组设计育种提供了新的视角。

该研究设计的巧妙之处在于利用基因组变异和机器学习算法,实现了对如此庞大的F1群体的表型值估计。首先,精心挑选约9000个(20%)有代表性的F1样本,在全国五个不同纬度带进行两年严格表型试验。之后,基于高密度的基因型和机器学习算法,搭建了一个基因型-表型的预测模型,以较高的准确度预测出其余34000个(80%)F1的表型值(图1)。

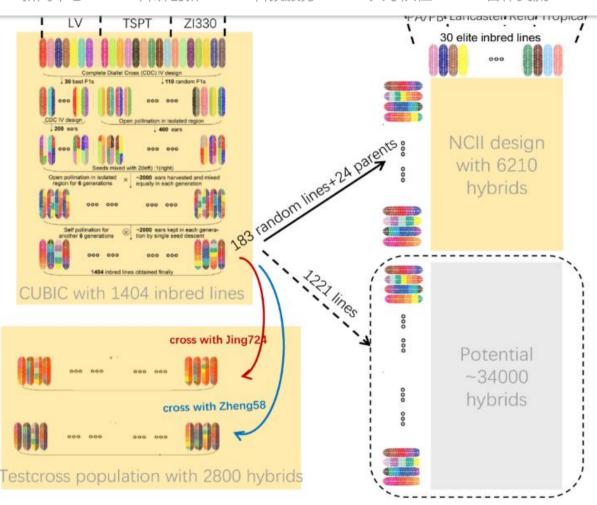


图 1 玉米大规模杂交遗传设计群体模式图

该研究的另一突出创新点在于利用多个半同胞F1群体解析杂种优势机理。由于42820个F1杂交种来自30个父本分别与1428个母本杂交,因此该F1群体本质上是30组半同胞F1群体。在每个半同胞F1群体中,共享同一套母本群体基因组序列,因此,同一位点在不同半同胞F1群体中分离模式一致。不同父本基因组引入,会导致不同QTL/基因效应被激活,从而产生不同程度的杂种优势(图2)。研究发现了一种全新的"基因互作"贡献杂种优势。以

合作交流

抑制作用,从而激估了FI群体uDI3基因的表达, 最终形成株局的涂种优势(图4)。

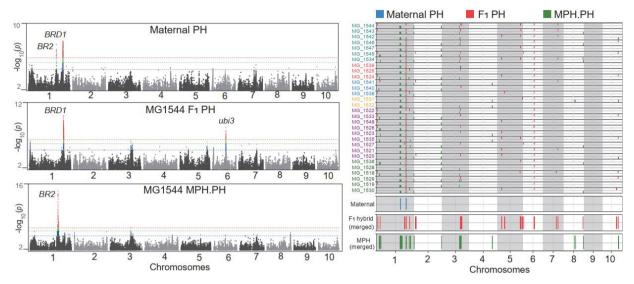


图2 半同胞 F1群体杂种优势基因鉴定

该研究通过半同胞 GWAS的策略,发现了一个"显性-互作"共调控模型对杂种优势形成具有重要贡献。通过基因组杂交,显性互补作用大范围地解除了基因组抑制性互作,激活了亲本中被抑制的主效位点的表达,从而在玉米F1上表现为杂种优势;不同骨干亲本具有特异性的解除能力,体现出杂交育种中特定组合选择的意义。

研究还发现不同基因常常在发育的不同阶段起作用,其中从营养生长到生殖生长转换期间有大量基因表达并对杂种优势起作用。这套F1群体具有广泛的多样性,遗传背景清晰,能为玉米遗传育种提供优良的中间材料。

至此,玉米中心与合作单位已利用创制的玉米CUBIC群体,完成了农艺性状自交系遗传基础 (Liu et al, Genome Biology, 2020) 和杂种优势机理解析 (Xiao et al, Genome Biology, 2021),发表了两篇重磅论文。华中农业大学严建兵教授、中国农业大学王向峰教授和我院玉米中心的赵久然研究员为本文共同通讯作者;华中农业大学肖英杰副教授、中国农业大学博士后姜淑琴、西北农林科技大学博士生程前和我院玉米中心王夏青博士为共同第一作者。该研究得到了国家自然科学基金、十三五重点研发计划、北京学者计划和作物遗传改良国家重点实验室开放课题等项目的资助。





版权所有:北京市农林科学院

技术支持: 北京市农林科学院信息技术研究中心

联系地址:北京市海淀区曙光花园中路11号农科大厦A座

备案号/经营许可号: 京ICP备13038350号-1



北京市农林科学院公众号