

传统杂交育种亲本选配考虑的因素及现代育种技术的运用

杨敬军¹, 金春香², 马海财¹

(1. 甘肃民族师范学院, 甘肃 合作 747000; 2. 宁夏回族自治区同心县林业局, 宁夏 同心 751300)

摘要: 综述了传统杂交育种中亲本选择和组配考虑的因素, 以及在传统选择方法上发展起来的现代分子标记选择、全基因组标记选择在未来杂交育种中的应用。

关键词: 杂交育种; 亲本选配; 分子标记; 全基因组标记

中图分类号: S334.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-1463(2015)01-0061-04

[doi:10.3969/j.issn.1001-1463.2015.01.022](https://doi.org/10.3969/j.issn.1001-1463.2015.01.022)

正确选配亲本是杂交育种工作的关键, 亲本选配得当, 后代出现理想的类型多, 容易选出优良品种^[1]。所以亲本的优选和组配研究成为杂交育种研究的重中之重。20 世纪 50 年代, 杂交育种亲本选择主要考虑远距离品种间杂交、具有一定的适应能力和生产性、两亲本间优良性状的互补重合、亲本品种不应带有特殊不良性状等因素。20 世纪 90 年代, 总结为亲本的亲缘关系远近、配合力和遗传力大小、抗逆性、产量的潜力以及品质的优良等^[2]。21 世纪以来归结为双亲都具有较多的优点, 没有突出的缺点, 在主要性状上优缺点尽可能互补; 亲本之一最好是能适应当地的条件, 综合性状较好的推广品种; 注意亲本间的遗传差异, 选用亲本类型差异较大, 亲缘关系较远的亲本材料互相杂交; 杂交亲本应具有较好的配合力等^[1]。同时出现了染色体水平上的亲本选择, 例如诱导小麦与其近缘种属染色体间发生小片段易位, 主要通过荧光原位杂交法 (FISH) 和基因组原位杂交法 (GISH)。

随着育种技术的发展和分子标记育种技术的诞生, 在传统的杂交育种亲本优选和组配的基础上, 增加了分子标记的选择和组配, 主要针对亲本之间是否有多态性这些参考标准进行, 概括为是否有已开发的目标基因标记、目标基因是否与标记连锁、没有连锁累赘、是否有全基因组标记位点^[2]。分子标记是从分子水平上对杂交亲本进行选择 and 组配, 主要分为全基因组标记选择和标记辅助选择两种选择方式, 其基本原理是利用基

因组中与目标基因紧密连锁的一些可跟踪和检测的分子标记 (RFLPs、RAPDs、AFLPs、SSRs 和 SNPs 等), 对亲本基因组中目标基因进行判断、分析和利用。通过该方法, 使育种者从分子水平上对目标性状加以探究和利用, 能够提高对育种值预测的准确性^[3], 同时利用分子标记辅助选择和全基因组选择能够缩短育种周期和提高育种效率。因此在传统的亲本选择和组配的基础上, 通过分子标记这一手段, 进行最优亲本选择和组配成为现代杂交育种家追求的目标和研究热点。

1 传统杂交育种亲本选择考虑的因素

传统杂交育种亲本的选择主要考虑形态学标记、生物化学标记、细胞学标记和统计学等方面, 主要考虑品质和产量的高低、亲缘关系远近、生态区的差异、配合力高低、遗传力的大小、抗逆性和携带目标性状易位系等因素, 归纳起来亲本选择要考虑如下几个方面。

1.1 产量和配合力

杂交育种的主要目标就是要追求稳产、高产和优质。选择高产优质的骨干材料作为杂交育种的亲本, 目的是期望其将这一品质尽可能的遗传给下一代, 从中选出优于亲本的新品种或新品系。例如我国于 20 世纪 60 年代选育的高产、优质、抗逆性强的小麦品种南大 2419, 被广泛的用作亲本材料^[4], 用其作为亲本选育出了一系列品质优良的新品种。这些亲本性状的选育主要通过表型选择, 即借助统计、形态观察和成分检测等考种的方法来选择。例如首先通过测量某几个品种的

收稿日期: 2014-10-31

作者简介: 杨敬军 (1972—), 男 (蒙古族), 辽宁黑山人, 副教授, 主要从事生物育种教学研究工作。联系电话: (0)13893991564。E-mail: 13893991564@163.com

千粒重、穗粒数和分蘖数评价该亲本的产量高低,然后再通过计算这三要素的遗传力和配合力来判断这些品种之间杂交之后,产量和品质方面的配合力和杂交优势潜力,最后评价其适不适合作为育种计划的亲本材料。

1.2 品质

随着人民生活水平的提高和对作物高品质的要求,育种工作者开始在追求产量的基础上注重品质的选育,对候选材料的一些品质性状做分离检测,通过方差分析判断这些材料中决定品质的一些成分含量是否满足育种家想要获得的育种指标,最后结合其它性状的评价和分析,判断是否符合育种计划亲本选择的要求。

1.3 对病虫害的抗性

抗病虫育种是防止病虫害为害的最有效途径,传统的抗病虫育种主要是通过表型鉴定,即对某一地区较流行的病虫害进行观测和评价,评价出该地区抗病虫最好的品种或品系作为亲本材料,当然还要评价该品种的遗传力及其与其它亲本的配合力。另一种方式是染色体水平上的亲本选择,例如诱导作物与其近缘种属染色体间发生小片段易位^[5]。当然也可以通过从不同生态区引种,选出在本地区抗性较明显的引进材料做亲本,这同样需要评价遗传力和配合力并做出总体评价。

1.4 抗逆性

随着人类对环境的不断破坏,干旱、洪涝灾害等极端气候不断出现,育种工作者不仅要考虑产量、品质和抗病虫害等因素,还要考虑该亲本的抗寒、抗旱和抗盐碱性,所以在亲本优选和组配时,要认真分析所育成的品系要推广的范围。例如在西北干旱小麦种植区要推广的新品种,首先要考虑该品种的抗旱、抗寒和抗盐碱能力,因为在那里,小麦灌浆期最容易发生因干旱引起的干热风,使小麦灌浆不满,导致减产^[6]。

1.5 近等基因系

近等基因系 (near isogenic lines, NILs), 是指一组遗传背景相同或相近, 只在个别染色体区段上存在差异的株系, 最早由 Young 和 Muclmore 提出^[7]。近等基因系可通过回交、重组自交系、利用突变体等途径来获得。重组就是杂交, 杂交后的材料经过一代代连续自交获得的自交系就是重组自交系。在某些杂交亲本选育过程中, 先进行重组自交系和近等基因系的选择, 通过建立大量的重组自交系和近等基因系, 可为回交或杂交准备足够的样本量, 以提高育种值^[8]。

1.6 骨干亲本

杂交育种亲本选择和组配中对骨干亲本的利用一直很重视, 所以在选择亲本时首先考虑的是骨干亲本。例如在中国的小麦杂交育种中, 对“望水白”、“苏麦3号”、“南大2419”和“小偃6号”等骨干亲本的利用率非常高。

1.7 农家或地方品种

育种工作者习惯从一些地方或农家老品种中选择亲本, 或者选择其作为亲本之一, 主要是利用农家品种适应当地的生态环境、抗非生物胁迫能力强这一特性。而在选择另一亲本时, 常常选用与农家品种在某些性状上互补的品种, 这样两个品种的优势聚合起来。例如可以从国外, 或者生态环境差异大的地方引进一些高产优质的品种或品系与地方品种杂交。

1.8 突变体与近缘种属基因

可以通过花药培养、组织培养^[9]利用各种目标基因突变体^[10]、辐射诱变体^[11-12]、单体附加系^[13]等作为工具转移外源种质进行亲本材料的选择。

2 传统杂交育种中亲本的组配

亲本材料选定以后采用什么样杂交组配, 也关系育种的成败。通常采用的有单杂交、复合杂交、回交等方式。单杂交即两个品种间的杂交, 由于简单易行、经济, 所以应用最广, 一般主要是利用杂种第1代。复合杂交即用两个以上的品种、经两次以上杂交的育种方法, 如果单交不能实现育种所期待的性状时, 往往采用复合杂交, 其目的在于创造一些具有丰富遗传基础的杂种原始群体, 从中选出更优秀的个体。当育种目的是企图把某一群体的一个或几个经济性状引入另一群体中去, 则可采用回交育种。如利用一些小麦的近缘种中的抗逆性较强的品系, 通过杂交和回交把一些目标性状导入小麦中, 会选育出很多新品种或新品系^[14], 例如小麦与偃麦草部分双二倍体、小麦-黑麦易位系等^[15]。

配合力是杂交组合中亲本各性状配合能力的一个指标, 研究亲本的配合力, 根据配合力选择亲本对于优势组合选配具有非常重要的意义。如果双亲一般配合力都较高且互补并具有较强的特殊配合力, 则该组合易表现出较强的杂种优势。同样, 选择同一性状差异越大的亲本进行组配, 后代所获得的杂交优势越强, 所以在亲本选配时, 针对某一目标性状, 亲本差异越大, 后代杂交优势越明显^[16]。

3 现代育种技术在杂交育种中的应用

分子标记和基因测序是 21 世纪的产物,所以在传统的选择标准上又增加分子标记选择。分子标记是以个体间遗传物质内核苷酸序列变异为基础的遗传标记,是 DNA 水平遗传多态性的直接反映。与其它几种遗传标记相比,其优越性有:大多数分子标记为共显性,对隐性性状的选择十分有利;基因组变异极其丰富,分子标记的数量几乎是无限的;在生物发育的不同阶段,不同组织的 DNA 都可以用于分子标记。分子标记揭示来自 DNA 的变异,表现为中性,不影响亲本中目标性状的表达,而且检测手段简单迅速^[17]。

3.1 通过分子标记辅助进行亲本选择和组配

分子标记辅助选择(MAS)是育种工作者能够借助分子标记对目标性状的基因型进行选择。目前,利用 MAS 技术对亲本材料的选择主要在分子设计中应用,主要借助分子标记手段进行供体和受体材料中目标基因的定位,通过标记与表型相结合的方法预测该品种作为杂交亲本的育种值。通过这种方法进行育种值的预测比传统的方法更精确,对亲本携带目标基因的判断更直观,能够提高育种的效率。在一些通过直观很难判断的亲本材料中,借助标记辅助选择对其加以补充,对亲本的选择更准确些。当然在所选择的两个或多个亲本中要存在多态性,有些亲本虽然标记很多,但是它们之间没有多态,利用分子标记辅助选择就比较困难。目前主要应用 MAS 技术的有美国、澳大利亚、欧洲和印度等,在中国,利用 MAS 技术进行杂交亲本的选配则刚刚开始^[8]。

3.2 通过全基因组标记进行亲本选择

全基因组选择(GWS)是在分子标记辅助选择的基础上发展起来的,在全基因组水平上聚合多个微效 QTL 目标等位基因,能够推算解释整个表型变异的全基因组中所有标记的效果,或全基因组范围内的标记辅助选择。该技术在对本亲育种值的预测方面比 MAS 更准确,利用 GWS,通过零回归的最佳线性无偏预测方法(RR-BLU),准确率比利用 MAS 通过复合区间定位法(MLR)高出 18%~43%^[18]。但是有些育种专家认为,并非所有作物利用 GWS 的选择效率和精度都比 MAS 高^[8]。

在杂交育种中,亲本选择和组配不能过多的依赖于全基因组选择或标记辅助选择技术,这两种选择技术要与传统的表型选择相结合,因为分子标记选择是利用核苷酸序列的多态性与目标性状的相关性,过多的追求基因变异与性状的相关

性,可能会导致夸大目标性状的评价结果,不利于目标性状在后代中稳定遗传的选择^[18]。

4 结语

随着分子标记育种技术的不断发展,杂交育种中亲本的优选和组配越来越多样化,从传统的表型和统计选择发展到了通过与目标基因连锁的分子标记的选择。未来大量的作物基因组测序完成后,杂交育种中亲本选择和组配将会出现更多的方法,例如建立植物基因库,在选择亲本材料时直接检索基因库,从中选出理想的亲本材料,不再利用连锁标记来分析基因的位置。未来还可能会出现以计算机模拟为辅助手段的亲本优选和组配,例如对某些品种进行计算机模拟判断该品种之间是否有高的配合力和遗传力,帮助育种者更加准确的预测育种值。另外,随着技术的不断成熟,转基因亲本材料将会作为亲本材料优选和组配的另一种技术出现,一定程度上会丰富亲本材料的多样性。

参考文献:

- [1] 张天镇. 作物育种学总论[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005: 60-63.
- [2] S. RAJARAM. Prospects and promise of wheat breeding in the 21st century[J]. Euphytica., 2001(19): 3-15.
- [3] ERIC STORLIE, GILLES CHARMET. Genomic Selection Accuracy using Historical Data Generated in a Wheat Breeding Program [J]. THE PLANT GENOME, 2013, 6(1): 1-9.
- [4] HAIYAN JIA, HONGSHEN WAN, SHAOHUA YANG. Genetic dissection of yield-related traits in a recombinant inbredline population created using a key breeding parent in China's wheat breeding [J]. Theor. Appl. Genet., 2013, 126: 2 123-2 139.
- [5] 魏亦勤, 李红霞, 叶兴国, 等. 外源抗病基因导入小麦的应用研究[J]. 甘肃农业科技, 2002(3): 10-14.
- [6] 张廷珠, 韩方池, 吴乃元, 等. 干热风天气麦田热量、水汽量的湍流交换及其对小麦灌浆速度影响的研究[J]. 干旱地区农业研究, 1995, 3(13): 75-79.
- [7] 唐志明. 近等基因系的构建与应用[J]. 宁波农业科技, 2011(4): 16-18.
- [8] P. K. GUPA. Marker-assisted wheat breeding: present status and future possibilities[J]. Mol Breeding, 2010, 26: 145-161.
- [9] 王二明, 文玉香, 魏荣焯, 等. Creation and characterization of a wheat/rye small fragment chromosome translation line[J]. Acta. Genetica. Sinic.(遗传学报), 1997, 24(5): 453-457.
- [10] LUKASZEWSKI A J. Manipulation 1RS.1BL translocation in wheat by induced homoeologous recombination [J]. Crop Science, 2000, 40(1): 216-225.
- [11] 李洪杰, 郭北海, 张艳敏, 等. High efficient inter-

静宁苹果产业发展现状及对策

徐浩翔^{1,2}, 孟全省¹

(1. 西北农林科技大学经济管理学院, 陕西 杨凌 712100; 2. 甘肃省平凉市崆峒区委组织部, 甘肃平凉 744000)

摘要: 分析了静宁苹果产业优势、发展现状及存在的问题, 提出了加强脱毒大苗繁育体系建设; 优化生产布局; 推进现代栽培模式建设; 健全质量安全追溯体系; 加强品牌建设; 延伸产业链条等发展措施。

关键词: 苹果; 产业; 现状; 对策; 静宁县

中图分类号: S661.1 **文献标识码:** A

文章编号: 1001-1463(2015)01-0064-04

doi: 10.3969/j.issn.1001-1463.2015.01.023

静宁县位于甘肃省东部, 是甘肃省苹果栽培面积最大、产量和产值最高的地区。2003 年, 静宁县被农业部划入西北地区黄土高原苹果优势产区^[1]。静宁的苹果产业起步于 20 世纪 80 年代初期, 坚持“小苹果, 大产业; 小苹果, 大民生”的发展理念, 经历了探索起步、示范推广、规模化产业化 3 个阶段。独特的地理位置和得天独厚的自然气候条件, 使静宁发展成为我国优质富士苹果出口基地, 品质、品牌、产地收购价和效益等被誉为中国苹果产业发展的风向标。静宁苹果果型端庄、色泽艳丽、肉质细嫩、香味浓郁、营养丰富、绿色安全、货架期长、耐贮运, 享誉海内外, 先后获“国家地理标志产品保护”、“中国驰名商标”等国家级名片, 并荣获国家及省部级多项金奖。同时, 由苹果产业带动的静宁苹果文化, 已成为全省最为靓丽的一道风景线。

1 发展优势

1.1 自然条件适宜

静宁县属黄土高原暖温带半湿润气候区, 具

备适宜苹果栽培的 7 项最优生态指标。境内海拔 1 600~2 245 m, 光照充足, 昼夜温差大; 土层深厚, 质地疏松, 透气蓄水能力强^[2]; 年均降水量 450.8 mm 左右, 空气湿度小, 病虫害发生轻, 农药用量少、残留量小, 是我国高海拔旱作优质果品生产大县。

1.2 政策扶持力度大

近年来, 甘肃省委、省政府对苹果产业发展高度重视, 2010 年出台《甘肃省苹果产业发展扶持办法》, 并逐年加大政策、资金和技术扶持力度, 使静宁苹果产业发展突飞猛进, 成为农民增收致富、出口创汇的高效农业和支柱产业, 并由苹果大县向苹果强县、传统果业向现代果业转型升级, 成为在全国特色突出、优势明显的标志性产业。

1.3 市场竞争力强

静宁苹果注重产业与文化建设的有机结合, 多次在中央电视台第七频道进行专题报道。并连续多年开展静宁苹果摄影大赛, 创作了大量以静

收稿日期: 2014-12-10

作者简介: 徐浩翔(1990—), 男, 甘肃平凉人, 在读硕士, 主要从事现代农业技术推广工作。联系电话: (0)13993357778。

- generic chromosomal translations between wheat and *Dasyphyum villosum* arising from tissue culture and irradiation[J]. *Acta. Genetica. Sinica.* (遗传学报), 2000, 27(6): 511-519.
- [12] 王献平, 初敬华, 张相岐. Efficient product of wheat alien translocation[J]. *Acta. Genetica. Sinica.* (遗传学报), 2003, 30(7): 619-624.
- [13] 李方安, 唐宗祥, 符书兰. 新型小麦-黑麦 6R 附加系的创制及其白粉病抗性基因向小麦中的渗透[J]. *麦类作物学报*, 2013, 34(1): 33-37.
- [14] 陈桂玲, 余利, 王黎明. 小偃 6 号及其衍生后代品质相关性状的分子检测[J]. *植物遗传资源学报*, 2012, 13(3): 456-468.
- [15] JUN JI, AIMIN ZHANG, ZHIGUO WANG. *et al.* A wheat *Thinopyrum ponticum*-rye trigenic germplasm line with resistance to powdery mildew and stripe rust[J]. *Euphytica.*, 2012, 188: 199-207.
- [16] 陈功海, 张强, 张宇庆. 小麦杂交二代 (F₂) 杂交优势利用可行性研究[J]. *大麦与谷类科学*, 2008(4): 17-18.
- [17] 黄映萍. DNA 分子标记研究进展[J]. *中山大学研究生学刊(自然科学、医学版)*, 2010(2): 18-35.
- [18] ZHI GANG GUO. Evaluation of genome-wide selection efficiency in maize nested association mapping populations [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2012, 124: 261-275.

(本文责编: 陈珩)