



(12) 发明专利申请

(10) 申请公布号 CN 117617113 A

(43) 申请公布日 2024.03.01

(21) 申请号 202410062412.1

(22) 申请日 2024.01.16

(71) 申请人 鹤壁市农业科学院

地址 458031 河南省鹤壁市淇滨区钜桥镇
北2公里

(72) 发明人 王昌亮 常建智 张国合 闫丽慧
王芬霞 侯现军 李彦昌

(74) 专利代理机构 郑州市华翔专利代理事务所
(普通合伙) 41122

专利代理师 张爱军

(51) Int. Cl.

A01H 1/02 (2006.01)

A01H 1/06 (2006.01)

权利要求书2页 说明书7页 附图3页

(54) 发明名称

一种利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法

(57) 摘要

本申请涉及一种利用近缘自交系改良优良单交种制种产量的方法,其步骤包括,优良单交种选择、近缘自交系收集及鉴定、近缘自交系配合力测定分析、复合母本的组配、优良单交种改良、亲本和优良单交种评价、制种产量比较。该方法采用玉米三交种可提高制种产量的思路,用与优良单交种母本存在1-3个位点差异的近缘自交系组配复合母本,在保留原单交种的一致性、稳定性和特异性的同时,通过近缘自交系的利用,改良后的复合母本植株健壮。该方法可提高玉米制种产量,实用性和可操作性强,目的明确,节约成本,可以在玉米制种过程中推广应用。



1. 一种利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,其特征在于:以优良单交种母本为研究对象,通过种质资源收集、筛选,筛选出与优良单交种母本存在1-3个分子差异值的近缘自交系,利用其近缘自交系组配复合母本;通过优良单交种的改良,选出与复合母本及单交种一致性的品种;然后对其产量及产量构成性状进行评价。

2. 根据权利要求1所述的利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,其特征在于,该方法包括以下步骤:

(1) 优良单交种选择:选择具有高产、广适、抗逆、优质、高抗优良性状的单交种;

(2) 近缘自交系收集及鉴定:以优良单交种母本A1为基础,通过SSR分子标记技术对母本进行类群划分;收集优良单交种母本A1同类群种质资源,再利用SSR分子标记技术对收集到的种质资源与A1进行特异性分析,筛选出与优良单交种母本A1存在1-3个分子差异的近缘自交系;

(3) 近缘自交系配合力测定分析:利用优良单交种父本B为测验种,以收集到的近缘自交系和优良单交种母本A1为母本,组配单交种,对组配的单交种进行配合力测定分析,筛选出近缘自交系(♀)×B(♂)与A1(♀)×B(♂)具有同等高配合力的近缘自交系A2;

(4) 复合母本的组配:播种A1和A2种子,按照正交组配方式A2(♀)×A1(♂)、反交组配方式A1(♀)×A2(♂),获得复合母本A3和A4;

(5) 优良单交种改良:播种纯合母本A1、A2,复合母本A3、A4和优良单交种父本B,以A1、A2、A3、A4为母本,以优良单交种B为父本,组配单交种A1(♀)×B(♂)、A2(♀)×B(♂)、A3(♀)×B(♂)、A4(♀)×B(♂),分别获得单交种H1和改良单交种H2、H3、H4;

(6) 亲本和优良单交种评价:分别播种4个母本A1、A2、A3、A4和4个单交种H1、H2、H3、H4,利用玉米SSR分子标记技术以及DUS测试技术,分析4个母本及4个单交种的一致性与特异性;

(7) 制种产量比较:以步骤(5)中获得的单交种H1、H2、H3、H4为对象,对其产量及产量构成性状进行评价。

3. 如权利要求2所述的利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,其特征在于,所述优良单交种母本A1为浚单58母本的自交系浚M6968,A2为浚M6968的近缘自交系HB37,优良单交种父本B为浚单58父本浚262,H1为改良优良单交种浚单58。

4. 如权利要求2所述的利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,其特征在于,所述步骤(4)中复合母本的组配方法为:分别播种200~300株纯合亲本A1、A2,在散粉吐丝期,分别选择100株A1、A2进行自交授粉,获得纯合母本A1、A2;从A1中选择10~30株植株健壮、雌雄协调、花粉量大的优良单株花粉,混合均匀,对A2剩余的100~200单株进行授粉,获得复合母本A3;从A2中选择10~30株优良单株花粉,混合均匀,对A1剩余的100~200单株进行授粉,获得复合母本A4。

5. 如权利要求2所述的一种利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,其特征在于,所述步骤(5)优良单交种改良的具体方法为:以纯合母本A1、A2、复合母本A3、A4为母本,以优良单交种B为父本,以母本:父本=3:1的行比进行播种,在母本抽雄前去除母本雄穗,进行开放式隔离授粉,获得原单交种H1和改良单交种H2、H3、H4。

6. 如权利要求2所述的利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,其特征在于,所述步骤(6)亲本和优良单交种的评价方法为:分别播种200~300株4个母本A1、A2、A3、A4

和4个单交种H1、H2、H3、H4,在玉米生长至3展叶期,每材料取10株叶片进行混合,利用GB/T 39914-2021公布的20对核心SSR引物标记进行分子鉴定;在A1、A2、A3、A4和H1、H2、H3、H4出苗后,每区随机连续选取40株做好标记,按照GB/19557.24-2018公布的植物品种特异性、一致性和稳定性测试指南,从60个玉米品种DUS测试项目中选取39个必测性状,分析鉴定4个母本及4个单交种的一致性与特异性。

7.如权利要求2所述的利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,其特征在于,所述步骤(7)制种产量比较的具体方法为:在步骤(5)的玉米种子成熟期,收获4个杂交种种子,每区选取10个样本果穗,考察产量构成及穗部性状,与原单交种比较分析,选出优异种质。

一种利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法

技术领域

[0001] 本申请涉及一种利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,属于农作物育种技术领域。

背景技术

[0002] 我国作为世界上的农业生产大国,玉米产量位居世界前几位。2007年,中国玉米种植面积超过水稻种植面积。2012年,玉米总产量超过水稻总产量,成为我国第一大粮食作物。2020年,国内玉米产量2.61亿吨,占粮食总产量的38.9%。在稻谷、小麦、玉米三大谷物中,玉米分布广、产量高,是重要的粮食、经济、饲料兼用作物,在保障粮食安全方面具有重要的战略地位。

[0003] 近年来,区域性恶劣气候频繁发生,植物病害持续严重情况下,单交种推广与应用受到了极大挑战,同时大量新品种审定,制种产量较低,且西北制种成本持续提高,导致新品种推广成本逐年增加。

[0004] 针对单交种制种产量低、制种成本高问题,前人做了大量研究,主要手段为水肥有效利用和玉米株型改良,也有研究通过三交种培育实现制种产量的提高,但三交种玉米的整齐度、稳定性较差,而品种的一致性、稳定性和特异性是品种的基础性状,利用三交种提高制种产量一直未被推广。

发明内容

[0005] 针对现有技术不足,本申请提供一种利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,该方法采用玉米三交种可提高制种产量的思路,用与优良单交种母本存在1-3个位点差异的近缘自交系组配复合母本,在保留原单交种的一致性、稳定性和特异性的同时,通过对近缘自交系的利用,改良后的复合母本植株健壮,自身产量较高,进而实现优良单交种制种产量的提高。

[0006] 为了实现上述目的,本申请所采用的技术方案是:

[0007] 一种利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,以优良单交种母本为研究对象,通过种质资源收集、筛选,筛选出与优良单交种母本存在1-3个分子差异值的近缘自交系,利用其近缘自交系组配复合母本;通过优良单交种的改良,选出与复合母本及单交种一致性的品种;然后对其产量及产量构成性状进行评价。

[0008] 所述的利用近缘自交系改良玉米单交种制种产量的方法,包括以下步骤:

[0009] (1) 优良单交种选择:选择具有高产、广适、抗逆、优质、高抗优良性状的单交种;

[0010] (2) 近缘自交系收集及鉴定:以优良单交种母本A1为基础,通过SSR分子标记技术对母本进行类群划分;收集优良单交种母本A1同类群种质资源,再利用SSR分子标记技术对收集到的种质资源与A1进行特异性分析,筛选出与优良单交种母本A1存在1-3个分子差异的近缘自交系;

[0011] (3) 近缘自交系配合力测定分析:利用优良单交种父本B为测验种,以收集到的近

缘自交系和优良单交种母本A1为母本,组配单交种,对组配的单交种进行配合力测定分析,筛选出近缘自交系(♀)×B(♂)与A1(♀)×B(♂)具有同等高配合力的近缘自交系A2;

[0012] (4) 复合母本的组配:播种A1和A2种子,按照正交组配方式A2(♀)×A1(♂)、反交组配方式A1(♀)×A2(♂),获得复合母本A3和A4;

[0013] (5) 优良单交种改良:播种纯合母本A1、A2,复合母本A3、A4和优良单交种父本B,以A1、A2、A3、A4为母本,以优良单交种B为父本,组配单交种A1(♀)×B(♂)、A2(♀)×B(♂)、A3(♀)×B(♂)、A4(♀)×B(♂),分别获得单交种H1和改良单交种H2、H3、H4;

[0014] (6) 亲本和优良单交种评价:分别播种4个母本A1、A2、A3、A4和4个单交种H1、H2、H3、H4,利用玉米SSR分子标记技术以及DUS测试技术,分析4个母本及4个单交种的一致性与特异性;

[0015] (7) 制种产量比较:以步骤(5)中获得的单交种H1、H2、H3、H4为对象,对其产量及产量构成性状进行评价。

[0016] 其中,所述优良单交种母本A1为浚单58母本的自交系浚M6968,A2为浚M6968的近缘自交系HB37,优良单交种父本B为浚单58父本浚262,H1为改良优良单交种浚单58。

[0017] 所述步骤(4)中复合母本的组配方法为:分别播种200~300株纯合亲本A1、A2,在散粉吐丝期,分别选择100株A1、A2进行自交授粉,获得纯合母本A1、A2;从A1中选择10~30株植株健壮、雌雄协调、花粉量大的优良单株花粉,混合均匀,对A2剩余的100~200单株进行授粉,获得复合母本A3;从A2中选择10~30株优良单株花粉,混合均匀,对A1剩余的100~200单株进行授粉,获得复合母本A4。

[0018] 所述步骤(5)优良单交种改良的具体方法为:以纯合母本A1、A2、复合母本A3、A4为母本,以优良单交种B为父本,以母本:父本=3:1的行比进行播种,在母本抽雄前去除母本雄穗,进行开放式隔离授粉,获得原单交种H1和改良单交种H2、H3、H4。

[0019] 所述步骤(6)亲本和优良单交种的评价方法为:分别播种200~300株4个母本A1、A2、A3、A4和4个单交种H1、H2、H3、H4,在玉米生长至3展叶期,每材料取10株叶片进行混合,利用GB/T 39914-2021公布的20对核心SSR引物标记进行分子鉴定;在A1、A2、A3、A4和H1、H2、H3、H4出苗后,每区随机连续选取40株做好标记,按照GB/19557.24-2018公布的植物品种特异性、一致性和稳定性测试指南,从60个玉米品种DUS测试项目中选取39个必测性状,分析鉴定4个母本及4个单交种的一致性与特异性。

[0020] 所述步骤(7)制种产量比较的具体方法为:在步骤(5)的玉米种子成熟期,收获4个杂交种种子,每区选取10个样本果穗,考察产量构成及穗部性状,与原单交种比较分析,选出优异种质。

[0021] 本发明有益效果:

[0022] 1、本申请基于单交种与双交种提升制种产量的思路,利用优良单交种母本与近缘自交系组配复合母本,因复合母本后代植株健壮,亲本产量较高,可使制种产量得到明显提高,进而降低制种成本;同时利用<4个基因位点差异的近缘母本自交系改良杂交种亲本,单交种与三交种存在明显的差异与优势,两个杂交母本血缘较近,其后代基因高度一致,其改良的杂交种具有优良单交种的稳定性、一致性、丰产性等特点,在稳定性不变的情况下,实现制种产量的提升,打破了传统反交制种、栽培技术改良、现代机械化技术利用等提高制种产量的方法,实现提高制种产量方法的创新。

[0023] 2、为了保证玉米新品种具有一定的自主创新性,最新审定标准确定了分子差异值 ≥ 4 为新品种,新的审定办法提高了品种审定标准,同时导致一些具有优良性状的近缘自交系不再利用,带来种质资源的浪费现象。本申请通过分析现有种质资源,在保持自交系杂优模式及抗逆性和适应性等特性的基础上,利用与优良单交种母本存在 < 4 个位点差异的近缘自交系改良单交种的方法,解决单交种制种产量低等问题的同时,又有效解决了近缘单交种、种质资源、遗传信息浪费的情况,实现种质资源高效利用的创新。

[0024] 3、当前我国玉米育种强调品种创新,现代生物育种技术和传统育种相结合,大量优良品种被推向市场,多少育种家改良品种的策略依旧是通过自交系优良基因的逐步渗入进行种质改良。本申请在前人的育种经验基础上,基于单交种与双交种选育方法,开创性利用存在 < 4 个基因位点差异的近缘母本自交系组配复合母本,保证亲本后代稳定性的情况下,进行优良单交种改良,为玉米选育方法的改进及优良单交种的改良提供新策略。

附图说明

[0025] 图1:浚M6968 (A1) 与近缘自交系A2及复合亲本 (A3、A4) 的植株幼苗期性状比较图;

[0026] 图2:浚M6968 (A1) 与近缘自交系A2及复合亲本 (A3、A4) 的植株幼苗吐丝散粉期性状比较图;

[0027] 注:从左至右边依次为:♀-1、♀-2、♀-3、♀-4;

[0028] 图3:浚M6968 (A1) 与近缘自交系A2及复合亲本 (A3、A4) 的果穗性状比较图。

具体实施方式

[0029] 以下结合实施例对本申请的具体实施方式作进一步详细说明。

[0030] 本申请利用浚M6968近缘自交系改良单交种浚单58提高制种产量。

[0031] 实施例1优良单交种母本近缘自交系的收集与鉴定

[0032] 1. 优良单交种选择

[0033] 选择具有高产、广适、抗逆、优质、高抗优良性状的玉米新品种浚单58的母本自交系浚M6968为基础材料;该品种是推广受制种,产量受到限制,具有优良性状的优良单交种。

[0034] 2. 种质资源收集

[0035] 2019年夏,针对浚单58母本自交系浚M6968,系谱为:(PH6WC/PH09B//PH6WC)//郑58,通过SSR分子标记将浚M6968归为改Reid类群。同年整理收集自主创制的优良单交种母本改Reid类群种质资源材料72份,利用国家玉米产业技术体系、河南省玉米遗传改良院士工作站等平台,收集改Reid类群种质资源52份。

[0036] 3. 种质资源筛选

[0037] 2019年,以目标优良单交种母本浚M6968 (A1) 为基础,通过SSR分子标记技术对母本进行分类;收集优良单交种母本浚M6968类群种质资源,再利用SSR分子标记技术,将收集到的124份材料与浚M6968共计125份材料进行特异性分析,发现在124材料中,自主创制的HB12、HB37、HB52等3个近缘自交系材料与浚M6968 (A1) 存在1-3个位点差异。其中,HB12(系谱为:PH6WC/浚658//郑58);HB37(系谱为:PH6WC/PH09B//郑58);HB52(系谱为:(PH6WC//PH09B/浚658)//郑58)。

[0038] 其中的SSR分子标记的具体操作过程,包括以下步骤:

[0039] (1) DNA的提取与检测:玉米生长至3展叶期,每小区取10株叶片进行混合,液氮磨成粉末,采用改良CTAB法提取DNA,通过1.2%琼脂糖凝胶电泳和NanoDrop 2000分光光度计进程,检测DNA提取的质量与浓度。

[0040] (2) SSR标记鉴定结果分析:利用GB/T 39914-2021公布的20对核心SSR引物标记。通过对提取样品的DNA进行PCR扩增,具体操作过程参照玉米品种鉴定技术规程-SSR标记法中的方法步骤进行。扩增产物以“0、1”代表扩增片段的有与无,记录各玉米品种的等位基因类型。统计每两个样品的差异位点数目,差异位点数目即两个样品间的分子差异值。

[0041] 本申请利用与优良单交种母本存在1-3个位点差异的近缘自交系进行后续组配复合母本,在保留原单交种的一致性、稳定性和特异性的同时,改良后的复合母本植株健壮,自身产量较高,进而实现优良单交种制种产量的提高。如果位点差异较大,改良后的单交种一致性、稳定性和特异性较差,不能作为优良单交种的改良品种。

[0042] 4. 近缘自交系配合力测定分析

[0043] 2019年,在三亚南繁基地冬播,分别播种50~100株HB12、HB37、HB52、浚M6968和浚单58父本浚262,以3个近缘自交系HB12、HB37、HB52和优良单交种浚M6968(A1)为母本(♀),以优良单交种浚262(B)为父本(♂)测验种,组配单交种。2020年夏播,播种4个单交种50~100株,通过对组配的单交种进行配合力测定分析,最终筛选出HB37(♀)(系谱为:PH6WC/PH09B//郑58)与浚262(♂)的配合力较好,HB37(♀)×浚262(♂)配合力与浚M6968(♀)×浚262(♂)配合力相当。最后,符合改良单交种制种产量的为浚M6968的近缘自交系HB37(A2)。

[0044] 其中,浚262与浚M6968非同一类型植株,分别为本申请单交种浚单58的父本和母本,本申请利用浚单58父本浚262作为测验种,测配母本浚M6968配合力,筛选出与浚单58父本具有同等配合力的母本;通过利用具有同等配合力的母本组配复合母本,才能确保复合亲本与原父本浚262也具有高配合力,同时不会改良浚单58的基本性状。并且与同一父本具有同等配合力的母本,是近缘自交系改良单交种制种产量的前提,在组配复合母本后,其与父本浚262组配的杂交种在产量等性状上与原单交种浚单58基本一致。同时,从多个近缘自交系中筛选出与原优良自交系具有同等配合力的自交系,可大大减少后续工作量。

[0045] 实施例2复合亲本组配和改良优良单交种

[0046] 1. 组配复合母本

[0047] 2021年夏,播种200~300株纯合亲本浚M6968(A1)、近缘自交系HB37(A2),在散粉吐丝期,分别选择100株A1、A2进行自交授粉,获得纯合母本A1、A2;按照正、反交组配方式,从A1中选择10~30株植株健壮、雌雄协调、花粉量大的优良单株(作为父本(♂))花粉,混合均匀,对A2剩余的100~200单株(作为母本(♀))进行授粉,按照正交组配方式A2(♀)×A1(♂),获得复合母本A3;从A2中选择10~30株优良单株(作为父本(♂))花粉,混合均匀,对A1剩余的100~200单株(作为母本(♀))进行授粉,按照反交组配方式A1(♀)×A2(♂),获得复合母本A4。

[0048] 2. 改良优良单交种浚单58

[0049] 2021年冬,在三亚市南繁基地,以纯合母本(A1、A2)、复合母本(A3、A4)为母本,以优良单交种浚262(B)为父本,组配单交种A1(♀)×B(♂)、A2(♀)×B(♂)、A3(♀)×B(♂)、A4(♀)×B(♂);以母本:父本=3:1的行比,进行播种,4个母本分别种植20行,行长10m,行距

0.6m,种植密度 7.5×10^4 株/hm²,在母本抽雄前,去除4个母本雄穗,进行开放式隔离授粉,获得原单交种浚单58(H1)(A1(♀)×B(♂))和改进单交种H2(A2(♀)×B(♂))、H3(A3(♀)×B(♂))、H4(A4(♀)×B(♂))。其中,母本全部去除雄穗,目的是为了保证子代纯度。

[0050] 其中,浚单58(H1)为新审定玉米品种,本申请主要针对该品种制种产量开展研究,本申请的优势是在不改变浚单58性状前提下,提高其制种产量。

[0051] 实施例3母本自交系评价

[0052] 1.SSR分子标记鉴定

[0053] 2022年夏,分别播种200~300株4个母本(A1、A2、A3、A4),在玉米生长至3展叶期,每个材料取10株叶片进行混合,利用GB/T 39914-2021公布的20对核心玉米SSR引物标记,进行分子鉴定,对4个母本自交系进行特异性分析,SSR分子标记技术的操作过程与实施例1相同。结果如表1所示,纯合亲本A1、A2在引物umc1432、umc1125标记有2个位点差异,A3与A4在引物phi080标记有1个位点差异,A1、A2与A3、A4在umc1432、umc1125、phi080等标记有3个位点差异。

[0054] 表1 4个自交系和4个杂交种的分子差异值

	材料	A1	A2	A3	A4
	A1	0	-	-	-
[0055]	A2	2	0	-	-
	A3	3	3	0	-
	A4	3	3	1	0

[0056] 2.田间性状检测

[0057] 2022年夏,分别播种200~300株4个亲本;在A1、A2、A3、A4出苗后,每区随机连续选取40株做好标记,利用GB/19557.24-2018公布的植物品种特异性、一致性和稳定性测试指南-玉米,从60个玉米品种DUS测试项目中选取39个必测性状,进行田间一致性和特异性分析鉴定;对4个母本自交系进行测试。结果如图1-3所示,2个纯合自交系A1和A2之间无特异性,2个复合自交系A3和A4之间也无特异性,但复合自交系A3、A4与纯合自交系A1、A2在植株和果穗上有3个性状(成熟期株高、穗位高与株高比、穗粒数)存在特异性。其中♀-1、♀-2、♀-3、♀-4分别为A1、A2、A3、A4。

[0058] 从图1-3可看出,A1、A2、A3、A4四个自交系植株幼苗期性状一致:第一片叶顶端形状均为圆形,第一叶鞘花青甙显色强度均为强,幼苗叶片绿色程度均为中。A1、A2、A3、A4四个自交系植株吐丝散粉期性状:四个自交系的叶片长度、宽度一致,但是A1、A2、A3的株高均低于A4。A1、A2、A3、A4四个自交系果穗性状相同:籽粒颜色单一均为中等黄色,粒型均为偏硬粒型,籽粒形状近圆形,颖片花青甙显色强度无或极弱;但是复合亲本自交系A3、A4行粒数多于纯合亲本自交系A1、A2。

[0059] 实施4改良品种与原品种比较

[0060] 1.SSR分子标记鉴定

[0061] 2022年夏,分别播种200~300株4个单交种(H1、H2、H3、H4),在玉米生长至3展叶期,每个材料取10株叶片进行混合,利用GB/T 39914-2021公布的20对玉米核心SSR引物标

记,对改良品种H2、H3、H4与原品种浚单58(H1)进行特异性分析,SSR分子标记的操作过程与实施例1相同。结果如表2所示,改良品种H2、H3、H4与原品种浚单58(H1)存在2~3差异位点。

[0062] 表2 4个自交系和4个杂交种的分子差异值

材料	H1(浚单58)	H2	H3	H4
H1(浚单58)	0	-	-	-
[0063] H2	2	0	-	-
H3	3	3	0	-
H4	3	3	3	0

[0064] 2. 田间性状检测

[0065] 2022年夏,分别播种200~300株4个单交种;在H1、H2、H3、H4出苗后,每区随机连续选取40株做好标记,利用GB/19557.24-2018公布的植物品种特异性、一致性和稳定性测试指南-玉米,从60个玉米品种DUS测试项目中选取39个必测性状,进行田间一致性和特异性分析鉴定;对改良品种与原品种进行比较。结果表明:3个改良单交种H2、H3、H4与原单交种浚单58(H1)的39个性状表型一致、无特异性。

[0066] 3. 制种产量及产量构成因素比较

[0067] 2022年夏播,玉米成熟期收获收获4个杂交种种子,按小区平均果穗重(10个样本果穗重量=(收获总穗重/收获总穗数)×10)每区选取10个样本果穗,用于考察产量构成及穗部性状,主要进行产量和穗粒数比较分析。各小区所收获的果穗全部脱粒,自然晾晒,风干后测量籽粒含水量,按照14%的含水量折合单位面积产量。结果如表3所示,4个杂交种产量差异小于5.0%;这充分说明4个杂交种产量差异是生产误差造成的,而非在品种产量特性上导致的。

[0068] 表3 4个杂交种产量及产量构成因素比较

品种	穗长	穗粗	穗行数	行粒数	千粒重(g)	产量(kg/hm ²)
H1	15.0±1.2	4.8±0.2	16.2±1.8	27.0±3.4	362.1±13.5	11674.8±422.1
[0069] H2	15.5±1.0	4.8±0.2	16.4±1.4	27.0±2.9	356.3±9.6	11725.0±518.7
H3	15.2±1.3	4.7±0.2	16.6±1.2	27.7±3.2	361.1±14.9	12020.8±324.4
H4	15.3±1.1	4.8±0.2	16.2±1.6	28.3±3.4	356.3±8.6	11963.1±417.8

[0070] 实施例5 4个母本制种产量及产量构成因素比较

[0071] 2022年3月,在三亚南繁基地,H1、H2、H3、H4成熟后,收获区选取10个样本果穗,用于考察产量构成及穗部性状,与原单交种比较分析,选出优异种质。剩余果穗脱粒后自然晾晒,风干后测量籽粒含水量,按照14%的含水量折合单位面积制种产量。

[0072] 结果如表4所示,两个复合母本A3、A4制种产量明显高于纯合亲本A1、A2,A3平均制种产量比浚M6968(A1)高出23.2% $((7033.4-5708.6)/5708.6 \times 100\%)$,穗粒数多出32.5% $((15.4 \times 28.5 - 16.0 \times 20.7)/(16.0 \times 20.7) \times 100\%)$ 。

[0073] 表4 4个自交系制种产量及产量构成因素比较

	品种	穗长	穗粗	穗行数	行粒数	千粒重(g)	产量(kg/hm ²)
	A1×浚 262	10.1±1.8	4.2±0.4	16.0±2.0	20.7±3.7	302.3±15.7	5708.6±279.0
[0074]	A2×浚 262	11.8±2.1	4.2±0.3	14.4±1.6	23.2±3.8	292.8±6.4	5586.7±511.6
	A3×浚 262	12.9±1.5	4.4±0.2	15.4±2.6	28.5±5.5	325.8±7.2	7033.4±447.9
	A4×浚 262	11.7±1.4	4.2±0.3	16.2±1.8	27.0±5.2	312.7±9.6	6233.0±364.7

[0075] 以上结果表明,对于利用浚M6968近缘自交系改良单交种浚单58制种产量。本申请发现4个单交种之间虽然存在1-3个分子差异值,但形态学上无性状差异值,一致性较好,可视为同一品种。在本申请中有两个关键环节,一是要进行近缘自交系的筛选与确定,二是要进行改良单交种一致性与特异性鉴定,只有选择基因位点差异<3的近缘自交系,其后代改良单交种才具备一致性,不具备特异性和创新性,与原单交种一样,此类近缘自交系才可用于改良单交种制种产量。

[0076] 综合上述,利用优良单交种母本近缘自交系改良其母本,可丰富单交种母本遗传信息,创制出优异种质,但如果近缘自交系位点差异较大,其后代单交种整齐度、稳定性较差;本申请选择优良单交种浚单58(国审玉20210073)为对象,利用与其母本浚M6968存在1-3个位点差异的近缘自交系,组配复合母本,在保留浚单58的一致性、稳定性和特异性的同时,通过近缘自交系的利用,不仅丰富了母本遗传信息,而且其复合母本植株健壮,自身产量较高,达到提高玉米制种产量的目的。本申请提高玉米制种产量的方法实用性强、可操作性强、目的性明确、节约成本和制种产量提升效率明显,可以在玉米制种过程中推广应用。



图1



图2



图3