



一个玉米叶夹角突变体的表型鉴定及遗传分析

王晓娟,何海军,刘忠祥,杨彦忠,寇思荣,

连晓荣,周玉乾,周文期

(甘肃省农业科学院 作物研究所,兰州 730070)

摘要 玉米叶夹角是高密度育种的重要影响因子,与株型育种及产量高度相关;叶夹角相关 QTL/基因的鉴定不仅有助于剖析叶夹角的遗传基础,也为玉米叶夹角及株型的遗传改良提供重要的分子靶点。以自交系‘LY8405’自然突变获得的突变体‘FU1603’为主要研究材料,开展叶夹角性状的表型鉴定、遗传分析及定位等试验。结果表明,与‘LY8405’相比,‘FU1603’穗三叶的叶夹角显著降低($P < 0.05$),而且伴随有叶片卷曲等表型;且在植株的株型、穗部性状及籽粒性状上均发生了显著的改变($P < 0.05$)。遗传分析表明‘FU1603’为一个单隐性核基因控制的突变体(χ^2 值 > 0.5)。采用 BSA (Bulked segregant analysis) 方法筛选到与突变位点紧密连锁的 3 个 SSR 标记 C1-2、C1-16 和 C1-18,利用‘FU1603’与‘B73’自交系杂交产生的 160 个 F_2 单株开展了上述 3 个连锁标记的共分离分析;进一步利用此 3 个标记筛选后代重组交换单株,最终将控制叶夹角的突变位点定位在玉米第一染色体 1.02 bin 标记 C1-18 和 C1-2 之间 9 Mb 范围之内,为后续该位点的精细定位及克隆奠定良好的基础。

关键词 玉米;叶夹角;突变体;BSA;遗传分析;基因定位

中图分类号 S513

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2019)08-1226-06

叶夹角,定义为叶片中脉与茎之间的倾角,是影响光截留、光合效率和种植密度的最重要的冠层结构参数之一。玉米叶夹角与产量的关系也早有报道,与 1930 年至 1960 年代的历史材料相比^[1],直立叶片与大的叶面积指数的结合使现代玉米杂交种在光能捕获能力上提高 14%。这种增加的光捕获能力以超过 20% 的增产效果体现出来^[2]。其他研究也报道了叶夹角对籽粒产量直接影响的相似结果,如早在 20 世纪 90 年代释放的品种中,随着叶夹角从 60° 到 30° 的降低,产量提高了 15%~30%^[3]。这些研究为叶夹角的改善对于增加光捕获以及增产效应提供了丰富的试验证据。与此同时,前人对叶夹角的遗传规律做了比较深入的研究,对叶夹角的自然变异的研究报道有很多^[4-5],这些研究表明,叶夹角是受到多个基因或者多个位点共同调控的一个复杂数量性状,认为加性基因效应最为重要,同时也受非加性基因效应影响^[6-7]。因此,叶夹角性状的遗传分析

对叶夹角的遗传基础、形成机制以及育种材料的遗传改良都具有重要意义。

BSA (Bulked segregant analysis) 是寻找与目标 QTL/基因连锁标记的一种简单快速的方法^[8]。随着标记种类和密度的增多以及 NGS (Next-generation sequencing) 技术的发展,BSA 策略被广泛的应用于主效 QTL/基因的定位^[9-10]。目前,该技术在拟南芥、水稻、大豆、小麦、玉米、高粱、向日葵等多种植物中的应用都有大量报道,并且鉴定到了很多重要性状的 QTL/基因^[11-16]。甘肃省农业科学院作物研究所玉米研究室前期工作中,发现了一个以自交系‘LY8405’为背景叶夹角显著减小的突变体材料,并命名为‘FU1603’。本研究中将‘FU1603’和玉米自交系‘B73’(参考基因组测序系)进行杂交,构建了 F_2 群体,根据群体表型分离,经卡方检验确定该突变为单个核基因控制的隐性突变;进一步利用 BSA 的方法将该位点定位于玉米第 1 号染色体的

收稿日期:2019-01-09 修回日期:2019-04-29

基金项目:国家自然科学基金(31860383);国家重点研发计划(2018YFD0100202-3);甘肃省玉米产业技术体系(2018GARS-02-03)。

第一作者:王晓娟,女,学士,副研究员,主要从事玉米育种工作。E-mail:wangxj839@sina.com

通信作者:何海军,男,硕士,研究员,主要从事玉米育种工作。E-mail:hhjun007@sina.com

1.02 bin 上大约 9 Mb 的物理区间内。该位点是一个新的控制玉米叶夹角的基因位点,为后续该突变基因的精细定位和克隆奠定了良好的工作基础。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

玉米自交系‘B73’和‘LY8405’,突变体材料‘FU1603’,以及‘B73’和‘FU1603’为亲本构建的 F₂ 分离群体。

1.2 田间试验

将‘LY8405’‘FU1603’‘LY8405×FU1603’F₁、‘B73×FU1603’F₁,以及 F₁ 自交产生的 F₂ 分离群体分别于 2017 年春种植在甘肃省张掖市试验基地以及 2017 年冬种植在海南省三亚市荔枝沟试验基地,行长 5 m,宽 0.6 m,每行种植 20 株。

1.3 农艺性状观察分析

在开花散粉高峰期对‘LY8405’和‘FU1603’各个农艺性状进行观察,包括:株型(株高、穗位高、叶片数、节间数、穗三叶以及倒三叶叶夹角)、穗部性状(雄穗长、雄穗分枝数、雌穗长、雌穗粗、穗行数、轴粗)、籽粒(粒长、粒宽、百粒质量)等,采用 *t*-test 检验差异显著性。

1.4 突变体遗传分析

通过‘LY8405×FU1603’F₁ 植株表型分析以及‘LY8405×FU1603’F₂ 和‘B73×FU1603’F₂ 分离群体中野生型及突变体植株数目统计分析,结合卡方测验来判断该突变体的遗传模式。

1.5 突变位点的初定位

利用 BSA 的方法对叶夹角突变基因进行初定位。首先,将‘FU1603’与‘B73’进行杂交,产生 F₁,并将 F₁ 进行自交,构建 F₂ 分离群体。F₂ 分离群体中突变体鉴定的主要依据叶夹角、卷曲程度等性状的整体表现,叶夹角较小、叶片较小且出现卷曲的为突变体,反之为野生型。从田间选取 15 株突变体表型植株,提取 DNA 等量混合,构建一个“突变体池”;同时,另外选取 15 株表型正常的植株,提取 DNA 等量混合,构建一个“野生型池”。利用甘肃省农业科学院作物研究所玉米研究室已经合成的均匀覆盖玉米基因组的 1 000 对 SSR 引物,对 2 个 DNA 池进行扩增,毛细管电泳对 PCR 产物进行检测,筛选多态性的标记,即与突变基因紧密连锁的标记。然后利用 160 株左右的 F₂ 分离群体对多态性标记进行共分离验证,并准确定位突变基因所在的区间。

1.6 统计分析

采用 Microsoft Excel 2013 软件对数据进行整理、统计分析及作图。

2 结果与分析

2.1 玉米叶夹角突变体‘FU1603’田间表型调查分析

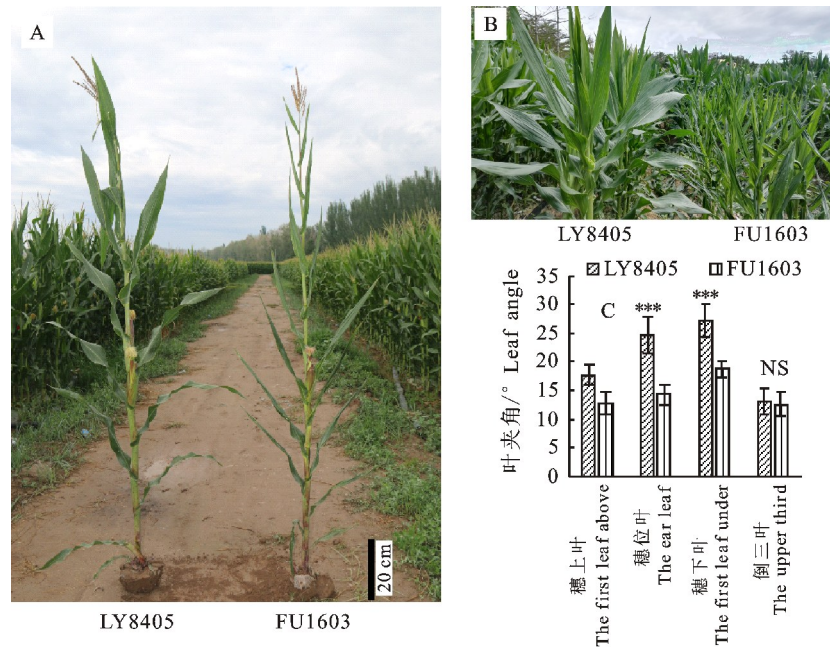
‘FU1603’来源于自交系‘LY8405’的一个自然突变,该突变体表现为叶夹角减小、且叶片卷曲皱缩等表型(图 1-A)。通过自交繁殖,自交后代也表现出与上一代同样稳定的表型特征,说明该位点已经纯合并且能够稳定遗传。通过田间植株观察发现,突变体在 5 叶期以后开始出现叶片皱缩卷曲的表型,之后叶片卷曲皱缩表型越来越明显,与‘LY8405’叶片的表型差异显著;通过对穗三叶以及倒三叶的叶夹角进行考察,结果显示,与野生型‘LY8405’相比,突变体‘FU1603’的穗位叶、穗下叶以及穗上叶的叶夹角显著变小(图 1-A 和图 1-B),而倒三叶的叶夹角在 2 个材料中差异不显著(图 1-C,表 1)。

2.2 玉米叶夹角突变体‘FU1603’和野生型‘LY8405’农艺性状比较分析

在成株期,与‘LY8405’相比,‘FU1603’的株高和穗位高显著降低($P < 0.05$),其中株高降低约 15 cm,穗位高降低约 6 cm(图 1-A 和图 1-B,表 1)。然而,节间数在 2 个材料间却没有显著差异($P > 0.05$)。此外,与‘LY8405’相比,‘FU1603’雄穗长、雄穗分枝数、雌穗长、穗粗、穗行数以及轴粗等性状显著降低($P < 0.05$),因此‘FU1603’雌雄生殖器官都显著减小。籽粒相关性状分析结果显示,尽管百粒质量不存在显著差异,但粒长与粒宽都存在显著差异,与‘LY8405’相比,‘FU1603’粒长显著降低,粒宽显著增加。综上所述,与‘LY8405’相比,‘FU1603’突变体的株型、穗部性状以及籽粒等多个农艺性状值均发生了显著的改变。

2.3 玉米叶夹角突变体‘FU1603’的遗传模式分析

‘LY8405×FU1603’F₁ 和‘B73×FU1603’F₁ 单株的叶夹角以及叶片相关性状均与野生型‘LY8405’相同,没有任何差异,因此‘FU1603’为一个隐性突变;将 F₁ 自交,获得 F₂ 分离群体,通过卡方检验发现野生型植株与突变体植株的分离比例符合 3:1(表 2),表明该突变体是受单个核隐性基因控制的。



A. 散粉期的‘LY8405’及‘FU1603’ The plants of ‘LY8405’ and ‘FU1603’ during reproductive development stage; B. 营养生长中的‘LY8405’及‘FU1603’ Performance of ‘LY8405’ and ‘FU1603’ during the vegetative growth stage in the field; C. ‘LY8405’及‘FU1603’叶夹角统计分析(*t*-test) Statistical analysis of leaf angle between ‘LY8405’ and ‘FU1603’ by *t*-test; “***”代表 $P < 0.001$, NS 代表 $P > 0.05$ “***” indicates $P < 0.001$, NS indicates $P > 0.05$

图 1 叶夹角突变体‘FU1603’以及野生型‘LY8405’的表型

Fig. 1 Phenotype of ‘FU1603’ and ‘LY8405’

表 1 突变体‘FU1603’和野生型‘LY8405’农艺性状分析($\bar{x} \pm s$)

Table 1 Analysis of agronomic traits between ‘FU1603’ and ‘LY8405’

性状 Traits		LY8405	FU1603	$P_r > t $	单株数 (LY8405/FU1603) Plant number
株型 Plant architecture	株高/cm Plant height	194.2 ± 15.8	179.1 ± 15.0	2.2E-05	36/31
	穗位高/cm Ear height	70.2 ± 8.2	64.3 ± 5.6	2.1E-04	36/31
	节间数 Internode number	21.9 ± 0.8	22.2 ± 1.0	0.05	36/30
雄穗 Tassel	雄穗分枝数 Tassel branch number	8.4 ± 1.9	6.8 ± 1.3	1.3E-04	36/30
	雄穗长/cm Tassel length	25.1 ± 3.3	14.5 ± 1.2	2.7E-25	36/30
雌穗 Ear	穗长/cm Ear length	12.1 ± 0.8	8.4 ± 0.9	1.8E-14	17/17
	穗粗/cm Ear diameter	4.2 ± 0.1	3.5 ± 0.3	2.1E-10	17/17
	穗行数 Kernel row number	16.9 ± 1.0	11.9 ± 1.5	3.4E-13	17/17
	轴粗/cm Cob diameter	2.7 ± 0.1	2.4 ± 0.1	1.6E-09	17/17
籽粒 Kernel	粒长/mm Kernel length	12.0 ± 0.3	10.3 ± 0.3	2.0E-10	11/11
	粒宽/mm Kernel width	6.5 ± 0.2	7.6 ± 0.2	6.9E-10	11/11
	百粒质量/g 100-kernel mass	26.3 ± 0.5	26.2 ± 0.4	0.6	11/11

注: $P_r > |t|$ 为双样本 *t* 测验的概率值。

Note: $P_r > |t|$ is probability of *t*-test between two independent samples.

2.4 玉米叶夹角突变体‘FU1603’的突变位点初定位

利用 F_2 群体中的极端单株构建的 2 个混合 DNA 池, 采用 BSA 的方法对该突变位点进行初定位。通过均匀分布在玉米 10 条染色体的 1 000 对 SSR 标记在“突变体”DNA 池以及“野生

型”DNA 池中的多态性分析, 最终筛选到了 3 对多态性的标记, 即 C1-2、C1-16 和 C1-18(图 2); 这 3 对标记都是在野生型池中有双带, 而在突变体池中只存在单条带, 因此这 3 对标记很可能与‘FU1603’突变位点紧密连锁, 而且这 3 对标记都位于玉米第 1 号染色体 1.02 bin 上(表 3), 根据

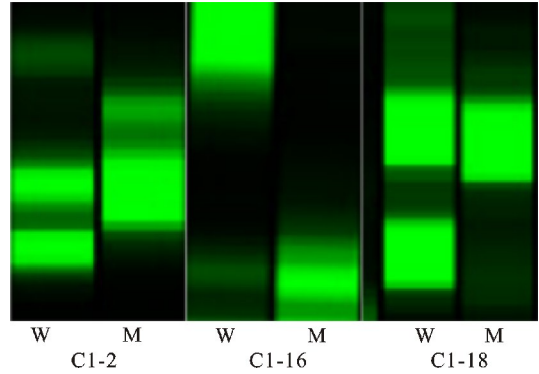
‘B73’ V4 版本参考基因组显示,3 个标记在染色体上的顺序依次为:C1-16、C1-18 和 C1-2,物理位置分别为:15061072、17966407 和 26885514 (表 3)。

表 2 玉米叶夹角在 2 个 F₂ 群体中分离比例的卡方测验

Table 2 Chi-square test of segregation ratio of leaf angle in two F₂ populations

群体 Population	观察值 Observations		期望值 Expectations		P 值 P value
	野生型 Wild type	突变体 Mutant	野生型 Wild type	突变体 Mutant	
FU1603 × LY8405 F ₂	136	41	132.75	44.25	0.57
FU1603 × B73 F ₂	128	32	120	40	0.14

用筛选到的与‘FU1603’突变位点连锁的 3 对 SSR 标记分析 160 个 F₂ 单株的基因型,并结合这些单株的表型,验证上述 3 对标记与突变位点是否真实连锁,结果显示,C1-16 与表型的交换频率为 0.11,C1-18 与表型的交换频率为 0.06,C-2 与表型的交换频率为 0.04(表 3)。根据连锁标记与表型的交换频率,验证了 BSA 结果真实可靠,并且突变位点更加靠近于标记 C1-2。进而根据交换单株的基因型信息,将‘FU1603’的突变位点定位于标记 C1-18 与 C1-2 之间约 9 Mb 的物理区间内(表 4)。



W. 野生型池 Wild-type bulk; M. 突变体池 Mutant bulk

图 2 BSA 筛选‘FU1603’突变位点连锁标记

Fig. 2 Linkage markers of ‘FU1603’ mutation loci by BSA

表 3 连锁标记信息以及与突变位点的交换频率

Table 3 The information and exchange frequency between linkage markers and mutation sites

标记名称 Marker name	C1-16	C1-18	C1-2
物理位置 Physical location	15061072	17966407	26885514
左引物序列 Left primer sequence	TCGGCTGACATAATA- AAACCATAGC	GGTCTCTCTATCGTCCGGT- GAGTA	GATGCAATAAAGGTTGC- CGT
右引物序列 Right primer sequence	ATGCGAATTTTAC- CGGGTTTTT	CCGGAGATGG- GAAAGAAGATAAC	ATGTGCTGTGCCTGCCTC
交换频率 Exchange rata	0.11	0.06	0.04

表 4 重组单株基因型以及表型信息

Table 4 The genotype and phenotype of the recombinant plants

C1-16	C1-18	C1-2	单株数 Plant number	表型 Phenotype
H	H	B	4	野生型 Wild type
H	H	B	2	突变体 Mutant
H	B	B	4	突变体 Mutant
B	B	H	8	野生型 Wild type
B	B	H	3	突变体 Mutant
B	H	H	4	野生型 Wild type

注:B. 突变体‘FU1603’的基因型;H. 杂合基因型。

Note: B. genotype of ‘FU1603’; H. genotype of Heterozygous.

3 讨论

叶夹角突变体的发掘与研究为玉米的株型育种以及高密度育种提供了重要的种质资源。叶夹角对产量存在两个方面的贡献,其一是对光的截获效率的提高,其二是种植密度的提高^[17-18]。迄

今为止,科研工作者利用玉米突变体材料已经克隆了一批叶夹角相关的基因,如,Strable 等^[19]发现了一种具有叶片结构变异的玉米突变体,并将其命名为 drooping leaf1 (drl1),drl1 突变影响叶长和宽度、叶角、节间长度和直径,是一个多效基因。Moreno 等^[20]对 lg1 突变体的研究发现,该

突变体为 lg1 基因表达缺失突变体,该突变体表现为叶片直立、不能形成叶舌和叶耳,叶片和叶鞘的连接处不能正常发育。lg2 编码一个亮氨酸拉链蛋白,该基因的突变导致叶夹角减小,叶耳叶舌缺失或者异常,叶片与叶鞘连接处弥散状^[21]。lg1 和 lg2 两个突变体密度与产量的试验研究阐明叶夹角和种植密度的关系:lg1 基因型拥有几乎直立的叶片,在极端密度(151 000 株/hm²)仍然具有较高的产量,lg2 虽然没有极端小的叶夹角,但它拥有着比较大的光截获效率,因此具有最高的产量^[22]。而本研究中所鉴定到一个新的叶夹角突变体‘FU1603’,其在穗三叶的叶夹角都显著减小,株型更加紧凑,具有耐密植的特性;同时籽粒产量性状分析结果表明,粒型虽然发生了改变,但百粒质量没有显著变化,即突变体与野生型相比,籽粒产量没有发生改变,但耐密植性显著改善,因此,‘FU1603’突变材料的发现,为玉米株型育种、密度育种及提高玉米产量都提供了很好的资源。

BSA 是突变体快速定位及克隆定位的一个重要工具,利用分离群体野生型和突变体 2 个 DNA 池就能够找到突变位点的大概位置所在,简单快速,并且节约成本。Cai 等^[23]采用 BSA 的方法快速将一个控制玉米籽粒发育的突变体 emp10 定位到玉米 1 号染色体靠近末端的位置,并成功克隆了该基因。Zhang 等^[24]采用 BSA 的策略将控制玉米茎顶端组织发育的突变体 gif1 定位于 1 号染色体,并成功克隆了该基因。Han 等^[25]发现了一个玉米多性状突变体 muw,并通过 BSA 的方法将该位点定位于玉米第 2 号染色体靠近着丝粒的位置,最终发现该位置存在着一个约 5 Mb 的大片段缺失。本研究中,同样采用了 F₂ 分离群体的野生型和突变体各 15 株,创建了 2 个 DNA 池,用 1 000 对 SSR 引物成功的筛选到了与之紧密连锁的标记,并进一步通过分离群体的共分离分析及交换重组单株的分析将一个新的控制叶夹角的基因定位于玉米第一染色体 1.02 bin 约 9 Mb 的物理区间内,本研究获得的结果为新的玉米叶夹角基因的精细定位和克隆奠定了良好的工作基础。

参考文献 Reference:

- [1] LEE E A, TOLLENAAR M. Physiological basis of successful breeding strategies for maize grain yield [J]. *Crop Science*, 2007, 47(S3): 202-215.
- [2] LAUER S, HALL BD, MULAOSMANOVIC E, et al. Morphological changes in parental lines of pioneer brand maize hybrids in the U. S. central corn belt [J]. *Crop Science*, 2012, 52(3): 1033-1043.
- [3] TOLLENAAR M, DWYER L M. Physiology of Maize [M]. Germany: Springer, 1998.
- [4] WANG H, YANG C, ZHANG C, et al. Dual role of BKII and 14-3-3 s in brassinosteroid signaling to link receptor with transcription factors [J]. *Developmental Cell*, 2011, 21(5): 825-834.
- [5] ZHAO J, MANTILLA PEREZ MB, HU J, et al. Genome-wide association study for nine plant architecture traits in Sorghum [J]. *Plant Genome*, 2016, 9(2): 1-14.
- [6] KU L X, WEI X M, ZHANG S F, et al. Cloning and characterization of a putative TAC1 ortholog associated with LA in maize [J]. *PLoS ONE*, 2011, 6(6): e20621.
- [7] DONG H, ZHAO H, XIE W, et al. A novel tiller angle gene, TAC3, together with TAC1 and D2 largely determine the natural variation of tiller angle in rice cultivars [J]. *PLoS Genetics*, 2016, 12(11): e1006412.
- [8] MICHELMORE R W, PARAN I, KESSELI R V. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis; a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1991, 88(21): 9828-9832.
- [9] TAKAGI H, ABE A, YOSHIDA K, et al. QTL-seq: rapid mapping of quantitative trait loci in rice by whole genome resequencing of DNA from two bulked populations [J]. *The Plant Journal*, 2013, 74(1): 174-183.
- [10] WENGER W J, SCHWARTZ K, SHERLOCK G. Bulk segregant analysis by high-throughput sequencing reveals a novel xylose utilization gene from *Saccharomyces cerevisiae* [J]. *PLoS Genetics*, 2010, 6(5): e1000942.
- [11] ABE A, KOSUGI S, YOSHIDA K, et al. Genome sequencing reveals agronomically important loci in rice using MutMap [J]. *Nature Biotechnology*, 2012, 30(2): 174-178.
- [12] WAMBUGU P, NDJIONDJOP MN, FURTADO A, et al. Sequencing of bulks of segregants allows dissection of genetic control of amylose content in rice [J]. *Plant Biotech Journal*, 2018, 16(1): 100-110.
- [13] SONG J, LI Z, LIU Z, et al. Next-generation sequencing from bulked-segregant analysis accelerates the simultaneous identification of two qualitative genes in soybean [J]. *Frontiers Plant Science*, 2017, 8: 919.
- [14] TRICK M, ADAMSKI NM, MUGFORD SG, et al. Combining SNP discovery from next-generation sequencing data with bulked segregant analysis (BSA) to fine-map genes in polyploid wheat [J]. *BMC Plant Biology*, 2012, 12: 14.
- [15] LIVAJA M, WANG Y, WIECKHORST S, et al. BSTA: a targeted approach combines bulked segregant analysis with next-generation sequencing and de novo transcriptome assembly for SNP discovery in sunflower [J]. *BMC Genomics*, 2013, 14(1): 628.
- [16] HAN Y C, LÜ P, HOU S L, et al. Combining next generation sequencing with bulked segregant analysis to fine map a stem moisture locus in Sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) [J]. *PLoS One*, 2015, 10: e0127065.
- [17] DUVICK D N. Genetic progress in yield of united states maize (*Zea mays* L.) [J]. *Maydica*, 2005, 50(3): 193-202.
- [18] MA D L, XIE R Z, NIU X K, et al. Changes in the morphological traits of maize genotypes in China between the 1950s and 2000s [J]. *European Journal of Agronomy*,

- 2014,58:1-10.
- [19] STRABLE J, WALLACE J G, UNGER-WALLACE E, *et al.* Maize YABBY genes drooping leaf1 and drooping leaf 2 regulate plant architecture [J]. *Plant Cell*, 2017, 2017, 29(7):1622-1641.
- [20] MORENO M A, HARPER L C, KRUEGER R W, *et al.* Liguleless1 encodes a nuclear-localized protein required for induction of ligules and auricles during maize leaf organogenesis [J]. *Genes and Development*, 1997, 11(5):616-628.
- [21] WALSH J, WATERS C A, FREELING M. The maize gene liguleless2 encodes a basic leucine zipper protein involved in the establishment of the leaf blade-sheath boundary [J]. *Genes and Development*, 1998, 12(2):208-218.
- [22] LAMBERT R J, JOHNSON R R. Leaf angle, tassel morphology, and the performance of maize hybrids 1 [J]. *Crop Science*, 1978, 18(3):499-502.
- [23] CAI M J, LI SH ZH, SUN F, *et al.* Emp10 encodes a mitochondrial PPR protein that affects the cis-splicing of nad 2 intron 1 and seed development in maize [J]. *Plant Journal*, 2017, 91(1):132-144.
- [24] ZHANG D, SUN W, RENEE S, *et al.* GRF-interacting factor1 regulates shoot architecture and meristem determinacy in maize [J]. *Plant Cell*, 2018, 30(2):360-374.
- [25] HAN X S, QIN Y, YU F, *et al.* A megabase-scale deletion is associated with phenotypic variation of multiple traits in maize [J]. *Genetics*, 2018, 211(1):305-316

Phenotyping and Genetic Analysis of Leaf Angle Mutant in Maize (*Zea mays* L.)

WANG Xiaojuan, HE Haijun, LIU Zhongxiang, YANG Yanzhong, KOU Sirong, LIANG Xiaorong, ZHOU Yuqian and ZHOU Wenqi

(The Crop Institute of Gansu Academy of Agricultural Science, Lanzhou 730070, China)

Abstract Leaf angle is an important trait for high density breeding in maize, which is highly correlated with plant architecture and crop production. So the identification of QTL or genes related to leaf angle is not only useful to uncover the genetic mechanism of leaf angle, but also important for practical application value in the high density breeding and architecture breeding. ‘FU1603’, a natural mutant from the maize inbred line ‘LY8405’, was served as the material to identify phenotype, genetic analysis and gene mapping. The results showed that ‘FU1603’ has a phenotype of small leaf angles and curled leaves. The other agronomic traits of the mutant ‘FU1603’ including the plant architectures, ears, tassels and kernels were also changed significantly, compared with ‘LY8405’. The genetic analysis indicated that ‘FU1603’ was a mutant with small leaf angle controlled by a single recessive nuclear gene. Three SSR markers closely linked to this locus were identified by BSA method, namely C1-2, C1-16, C1-18, and all of them located in the 1.02 bin of chromosome 1 in maize. To verify the three linked SSR markers, 160 F₂ plants were used, and the mutation site was mapped between markers C1-18 and C1-2 with recombinant plants, which was about 9 Mb physical region according to ‘B73’ reference genome.

Key words Maize; Leaf angle; Mutant; Bulked segregant analysis (BSA); Genetic; Gene Mapping

Received 2019-01-09

Returned 2019-04-29

Foundation item National Natural Science Foundation of China (No. 31860383); the National Key Research and Development Program of China (No. 2018YFD0100202-3); Technical System of Maize Industry in Gansu Province (No. 2018GARS-02-03).

First author WANG Xiaojuan, female, bachelor, associate research fellow. Research area: maize breeding. E-mail: wangxj839@sina.com

Corresponding author HE Haijun, male, master, research fellow. Research area: maize breeding. E-mail: hhjun007@sina.com

(责任编辑:成敏 Responsible editor: CHENG Min)