

水稻功能基因标记遗传距离与杂种优势的相关性研究

张涛^{1,2, #} 倪先林^{1,3, #} 蒋开锋^{1,2} 杨乾华¹ 杨莉^{1,2} 万先齐¹ 曹应江¹
郑家奎^{1,2,3, *}

(¹四川省农业科学院水稻高粱研究所, 四川 德阳 618000; ²国家水稻改良中心四川泸州分中心, 四川 泸州 646000; ³重庆大学 生物工程学院, 重庆 400044; # 共同第一作者; * 通讯联系人, E-mail: zhen6102@126.com)

Correlation Between Genetic Distance Based on Molecular Markers of Functional Genes and Heterosis in Rice

ZHANG Tao^{1,2, #}, NI Xian-lin^{1,3, #}, JIANG Kai-feng^{1,2}, YANG Qian-hua¹, YANG Li^{1,2}, WAN Xian-qi¹, CAO Ying-jiang¹,
ZHENG Jia-kui^{1,2,3, *}

(¹Rice and Sorghum Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Deyang 618000, China; ²Luzhou Branch of Chinese National Center for Rice Improvement, Luzhou 646000, China; ³College of Bioengineering, Chongqing University, Chongqing 400044, China; # These authors contributed equally to this paper; * Corresponding author, E-mail: zhen6102@126.com)

Abstract: The genetic difference among twenty-nine rice parents (eighteen cytoplasmic male sterile lines and eleven restorer lines) was analyzed by SSR molecular markers of functional genes related to yield traits. The correlation between genetic distance and heterosis was studied by reference to the performance of forty-seven combinations. The results showed that the correlation between the genetic distance and yield heterosis was significant ($r=0.29^*$), indicating the possibility of forecasting heterosis according to the genetic distance based on molecular markers of functional genes. The correlation between the genetic distance and the heterosis of other yield-related traits was insignificant. However, the correlation coefficient obtained in the study was too small to predict heterosis.

Key words: rice; simple sequence repeats; genetic distance; heterosis; correlation

摘要: 利用与产量性状相关的功能基因标记分析了 29 个杂交水稻组合亲本间(18 个不育系和 11 个恢复系)的遗传差异, 结合 29 个亲本所配组合(47 个)的 F₁ 表现, 研究了功能基因标记遗传距离与杂种优势的相关性。结果表明, 功能基因标记遗传距离与产量杂种优势呈显著正相关($r=0.29^*$), 而其他主要产量构成因素的杂种优势相关不显著。说明功能基因标记有可能应用于杂交水稻杂种优势预测, 但得到的相关系数偏小, 还不足以预测杂种优势。

关键词: 水稻; 微卫星标记; 遗传距离; 杂种优势; 相关性

中图分类号: Q943; S511.035.1

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2009)06-0567-06

随着作物杂种优势的广泛应用, 如何迅速而准确地筛选优良亲本、预测所配组合的杂种优势已成为作物育种工作者极为关注和致力研究解决的问题。亲本间的遗传差异是产生杂种优势的根本原因。在通过研究亲本间遗传差异与杂种优势的关系, 进而预测杂种优势方面, 育种家进行了大量研究。但传统的研究方法(亲缘关系、地理来缘、形态标记、同工酶等方法)存在很大的局限性^[1-2], 难以有效地预测杂种优势。分子标记技术的发展为杂种优势的研究提供了新的手段, 有效提高了杂交育种的效率。孙传清等^[3]研究表明超亲优势与双亲的籼粳分化关系明显, 且 DNA 上的差异与超亲优势的相关系数大于形态指数的差异与超亲优势间的相关系数, 说明以双亲在基因组上的差异来研究或预测杂种优势要优于表型性状。利用分子标记揭示品

种间遗传差异, 进而预测杂种优势已有大量文献报道, 但尚未得出一致的结果。Lee 等^[4]和 Smith 等^[5]研究发现 RFLP 遗传距离与 F₁ 杂种优势高度相关, 可用于杂种优势预测; 蔡建等^[6]和赵庆勇等^[7]的研究认为分子标记遗传距离与杂种优势之间呈极显著正相关。张培江等^[8]的研究认为, 全生育期、株高、穗长的中亲优势和竞争优势与 RAPD 遗传距离均呈极显著相关, 且随着遗传距离的增大, 获得较强杂种优势组合的机会也越大。而廖伏明

收稿日期: 2009-06-16; **修改稿收到日期:** 2009-07-16。

基金项目: 农业部跨越计划资助项目; 四川省“十一五”水稻育种攻关计划资助项目(YZGG2006-1); 四川省财政专项育种工程资助项目(2007YZGC11-31); 四川省农业科学院青年基金资助项目(2008QNJJ); 四川省天府英才创新团队建设计划资助项目。

第一作者简介: 张涛(1977—), 男, 博士, 副研究员; 倪先林(1981—), 男, 硕士。

等^[9]和张涛等^[10]的研究却认为分子标记遗传距离与 F_1 杂种优势之间没有明显的相关性,不能用于杂种优势预测。张启发等^[11-12]则认为当亲本间特殊杂合性与杂种优势的相关系数较大时,有可能用于杂种优势预测,但这种关系会因亲本的遗传多样性及杂种优势遗传机理的复杂性而改变。Xiao 等^[13]用基于 PCR 的分子标记分析杂交水稻,也得到了相似的结果,认为遗传距离与杂种优势的相关性取决于所研究材料的类型。通过对以上文献的解析,我们发现前人的研究大多是用覆盖水稻全基因组的分子标记来分析亲本间的遗传差异,这样的遗传差异是建立在双亲全部位点上的差异,用来分析遗传距离与杂种优势的相关性时就得到了不同的结果。而杂交水稻杂种优势的利用主要是产量优势的利用,那么用全基因组分析的遗传距离来研究亲本遗传差异与单一的产量优势相关性是否恰当呢?带着这个疑问,我们设想,如果仅仅利用与产量性状相关的基因位点来分析亲本的遗传差异,研究由此产生的遗传距离与产量优势的相关性是否会更准确呢?目前有关水稻产量性状的基因已经克隆或者精细定位的有很多^[14-15]。利用这些已经克隆或者精细定位的功能基因标记来分析遗传距离,对于杂交水稻的预测可能更有价值。为此,本研究以 29 个杂交水稻亲本及其配制的 47 个杂交组合为材料,利用与水稻产量相关的功能基因标记检测了亲本间的遗传差异,探讨了遗传距离与杂种优势的相关性,以期对杂交水稻杂种优势的预测提供参考依据。

1 材料与方 法

1.1 供试材料

29 个三系杂交水稻亲本,包括 18 个不育系(2832A、5206A、冈 46A、8680A、II-32A、川香 29A、德香 074A、9168A、5220A、DF17A、DF1A、DF24A、DF13A、DF22A、旌 077A、6248A、4248A 和 泸香 618A),11 个恢复系(R188、R7254、R7182、R8258、HR57、H103、R527、R494、R157、泸恢 0738、H82),以及配制的 47 个杂交组合,以冈优 725 为对照。

1.2 田间试验方法

试验采用随机区组设计,3 次重复,6 行区,每行 40 穴,株行距 16.7 cm×33.3 cm,每穴双苗。成熟期剔除边行后以每小区中间 5 穴为样本,调查每穗粒数、有效穗数、结实率、千粒重、产量等农艺性状。试验于 2008 年夏季在四川省农业科学院水稻高粱研究所德阳基地进行,田间管理同大田生产。

1.3 SSR 分析

DNA 的提取参照 McCouch 等^[16]的 SDS 法,略有改进^[17]。选用 41 对分布于水稻 10 条染色体上的与水稻产量相关的功能基因 SSR 引物(表 1),对供试的 29 个亲本进行多态性分析。引物序列由上海英俊生物技术有限公司合成。

PCR 反应体系总体积为 25 μ L,其中包括 50 mmol/L KCl,10 mmol/L Tris-HCl(pH 9.0),1.5 mmol/L MgCl₂,200 μ mol/L dNTP,50~100 ng 的基因组 DNA,1 U 的 *Taq* 聚合酶和 0.1 μ mol/L 引物。

扩增程序为:94℃下预变性 5 min;94℃下变性 1 min,55℃下退火 1 min,72℃下延伸 1 min,循环 35 次;72℃下延伸 10 min。

1.4 数据统计与分析

每检测到 1 条多态性带视为 1 个等位基因,根据 PCR 扩增结果,在相同迁移位置有带时赋值为 1,无带时赋值为 0,缺失赋值为 9。按 Nei 等^[34]的方法计算品种间遗传距离(GD): $GD = 1 - 2N_{ij} / (N_i + N_j)$,式中 N_i 为 i 品种出现的谱带数, N_j 为 j 品种出现的谱带数, N_{ij} 为 i 品种和 j 品种共有的谱带数。

平均多态性信息量(polymorphism index contents, PIC): $PIC = 1 - \sum (p_i)^2$,式中 p_i 为第 i 个多态性位点上的基因频率。

对照优势 = $(F_1 - CK) / CK \times 100\%$,平均优势 = $(F_1 - \bar{X}) / \bar{X} \times 100\%$;式中 F_1 为每个杂交组合的平均产量,CK 为对照产量, \bar{X} 为所有组合的平均产量。百分数参数作反正弦转换后计算。数据处理和统计分析在 Excel 2003 和 NTSYS-pc2.1 系统下进行。根据所得的遗传距离,用统计分析软件 NTSYS-pc2.1 进行聚类分析,并绘制树状图。

2 结果与分析

2.1 功能基因分子标记分析

41 个功能基因标记在 29 个杂交水稻亲本间检测到 41 个分子标记位点,多态性频率为 100%,检测到 105 个等位基因,平均每个位点的等位基因数为 2.56 个,变化范围 2~4 个,41 个引物的平均多态性信息量为 0.40,变化范围 0.12(RM262)~0.66(RM252)。表明本研究所用的材料间存在丰富的遗传多样性。

18 个不育系与 11 个恢复系之间的遗传距离见表 2。结果表明,用功能基因标记估计的遗传距离

表1 与水稻产量相关的功能基因标记

Table 1. Markers of functional gene related to yield traits in rice.

引物名称 Primer	染色体 Chromosome	正向引物 Forward primer(5'-3')	反向引物 Reverse primer(5'-3')	功能基因 Functional gene	参考文献 Literature
RM1	1	GCGAAAAACAATGCAAAAA	GCGTTGGTTGGACCTGAC	<i>qGW-1</i>	[18]
RM5	1	TGCAACTTCTAGCTGCTCGA	GCATCCGATCTTGATGGG	<i>ylf1. 1</i>	[19-20]
RM212	1	CCACTTTCAGCTACTACCAG	CACCCATTTGTCTCTCATTATG	<i>gw1. 1</i>	[21]
RM246	1	GAGCTCCATCAGCCATTGAG	CTGAGTGCTGCTGCGACT	<i>psl1. 1</i>	[22]
RM302	1	TCATGTCTATCTACCATCACAC	ATGGAGAAGATGGAATACTTGC	<i>gw1. 1</i>	[21]
RM472	1	CCATGGCCTGAGAGAGAGAG	AGCTAAATGGCCATACGGTG	<i>gp11. 1</i>	[19,23]
RM145	2	CCGGTAGGCGCCTGCAATTTC	CAAGGACCCCATCTCGGCGTC	<i>GW2</i>	[24]
RM208	2	TCTGCAAGCCTTGTCTGATG	TAAGTCGATCATTGTGTGGACC	<i>gw2. 1</i>	[25]
RM213	2	ATCTGTTTGACAGGGGACAAG	AGGTCTAGACGATGTCTGTGA	<i>gp12. 1</i>	[21,23]
RM262	2	CATTCGGTCTCGCTCAACT	CAGACAAAGGTGGCTTGC	<i>np2. 1</i>	[25]
RM263	2	CCAGGCTAGCTCATGAACC	GCTACGTTTGAGCTACCACG	<i>Ftg-1</i>	[26]
RM2634	2	GATTGAAAATTAGAGTTTGCAC	TGCCGAGATTTAGTCAACTA	<i>GW2</i>	
RM5897	2	GGCATCTTCCCTCTCTCTC	CCAACCCAAACCAGTCTACC	<i>GW2</i>	
RM6318	2	TGCTGCTTCTGTCCAGTGAG	GGATCATAACAAGTGCCTCG	<i>GW2</i>	
RM130	3	TGTTGCTTGCCCTCACGCGAAG	GGTCGCGTGCTTGGTTTGGTTC	<i>gw3. 2</i>	[22]
RM411	3	ACACCAACTCTTGCTGCGAT	TGAAGCAAAAAACATGGCTAGG	<i>Gs3</i>	[27]
RM520	3	AGGAGCAAGAAAAGTTCCCC	GCCAATGTGTGACGCAATAG	<i>gw3. 1</i>	[23]
RM571	3	GGAGGTGAAAGCGAATCATG	CCTGTGCTCTTTTCATCAGC	<i>gw3. 2</i>	
RM3646	3	ACTAGAGCACCTCGCTGAG	CTCAGCCACCCATCAAC	<i>Gs3</i>	
RM6881	3	AAGGCACCTCCTCCTCTAC	AAGCAGAGGAAGACGACGAC	<i>Gs3</i>	
RM252	4	TTCGCTGACGTGATAGGTTG	ATGACTTGATCCCGAGAACG	<i>qpn4. 4</i>	
RM273	4	GAAGCCGTCGTGAAGTTACC	GTTTCTACCTGATCGCGAC	<i>qpn4. 4</i>	
RM303	4	GCATGGCCAAATATTAAGG	GGTTGGAAATAGAAGTTCCGT	<i>psa1. 1</i>	[22]
RM16	5	CGTAGGGCAGCATCTAAA	AACACAGCAGGTACGCGC	<i>qSW5</i>	[28]
RM17	5	TGCCCTGTTATTTTCTTCTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTTCA	<i>qSW5</i>	
RM18	5	TTCCTCTCATGAGCTCCAT	GAGTGCCTGGCGCTGTAC	<i>qSW5</i>	
RM26	5	GAGTCGACGACGGCAGA	CTGCGACGCGTAAACA	<i>qGW-5</i>	[18]
RM289	5	TTCCATGGCACACAAGCC	CTGTGCACGAACCTCCAAAAG	<i>qGW5</i>	[29]
RM3	6	ACACTGTAGCGGCCACTG	CCTCCACTGCTCCACATCTT	<i>Moc1</i>	[30]
RM70	7	GTGGACTTCATTTCAACTCG	GATGTATAAGATAGTCCC	<i>Ghd7</i>	[31]
RM2256	7	GTGCTTGCATATAACCTATA	AGATCAACCTTCTTATTCAG	<i>Ghd7</i>	
RM5436	7	CAAAGGGGGTGTCTCTATG	GTTGCTCGTCTACATGTGC	<i>Ghd7</i>	
RM5499	7	TGGAGTACGACGTGATCGTG	CAGAAACGGGAGGGGATC	<i>Ghd7</i>	
RM201	9	CTCGTTTATTACCTACAGTACC	CTACCTCTTTCTAGACCGATA	<i>gw9</i>	[32]
RM205	9	CTGGTTCTGTATGGGAGCAG	CTGGCCCTTACGTTTCAGTG	<i>gw9. 2</i>	
RM228	10	CTGGCCATTAGTCTTTGG	GCTTGCGGCTCTGCTTAC	<i>gw10b</i>	[32]
RM4	11	TTGACGAGGTCAGCACTGAC	AGGGTGTATCCGACTCATCG	<i>gw11</i>	[33]
RM20	11	ATCTTGTCCCTGCAGGTCAT	GAAACAGAGGCACATTTTCATTG	<i>gw11. 1</i>	[21]
RM202	11	CAGATTGGAGATGAAGTCCTCC	CCAGCAAGCATGTCAATGTA	<i>pp11. 1</i>	[21-22]
RM206	11	CCCATGCGTTAACTATTCT	CGTTCATCGATCCGTATGG	<i>qGW-11-1</i>	[18]
RM209	11	ATATGAGTTGCTGTCTGTGCG	CAACTTGCATCTCCCTCC	<i>gw11</i>	

变幅为 0.49~0.87, 平均遗传距离为 0.70。5206A 与 R7254、R527 之间的遗传距离最大, 为 0.87, DF24A 与 R494 之间的遗传距离最小, 为 0.49。5206A 与恢复系间的遗传距离最大, 平均为 0.80; DF24A 与恢复系间的遗传距离最小, 平均为 0.64; 而 R157 与不育系间的遗传距离最大, 平均为 0.75; R8258 与不育系间的遗传距离最小, 平均为 0.66。不育系与恢复系之间的遗传距离较大, 说明本研究所用亲本的遗传差异较大, 有利于选配出强优势组合; 29 个材料在遗传距离 0.60 处明显聚为两大类(不育系组和恢复系组, 图 1), 与其系谱关系相吻合。说明功能基因标记能有效地应用于种质资源鉴

定和遗传多样性研究中, 这与其他的研究结果一致[17,35]。

2.2 杂种优势分析

6 个性状的杂种优势见表 3。在平均优势中, 每穗粒数变幅最大, 为 -32.08%~31.59%, 产量优势变幅最小, 为 -9.10%~9.67%。结实率表现最好, 但仅 28 个(59.57%)组合表现为正向优势。在对照优势中, 有效穗数变幅为 -15.79%~32.63%, 平均 10.28%, 有 33 个(70.21%)组合的有效穗数多于冈优 725, 说明所配杂交组合与对照相比有分蘖成穗多的特性。千粒重变幅为 -3.73%~26.95%, 平均 12.16%, 其中 44 个(93.62%)组合的千粒重大于冈

表 2 29 个亲本间的遗传距离

Table 2. Genetic distance among twenty-nine parents.

不育系 Male sterile line	恢复系 Restorer line										
	R188	R7254	R7182	R8258	HR57	H103	R527	R494	R157	泸恢 0738 Luhui 0738	H82
2832A	0.68	0.74	0.68	0.66	0.67	0.68	0.74	0.57	0.72	0.68	0.68
5206A	0.80	0.87	0.80	0.77	0.76	0.80	0.87	0.75	0.85	0.75	0.75
冈 46A Gang 46A	0.68	0.74	0.70	0.67	0.68	0.64	0.74	0.62	0.72	0.70	0.66
8680A	0.68	0.70	0.68	0.69	0.70	0.64	0.76	0.60	0.77	0.68	0.74
II-32A	0.64	0.74	0.70	0.60	0.63	0.62	0.70	0.57	0.68	0.62	0.66
川香 29A Chuanxiang 29A	0.63	0.74	0.72	0.60	0.65	0.61	0.74	0.59	0.72	0.61	0.68
德香 074A Dexiang 074A	0.77	0.81	0.79	0.70	0.71	0.72	0.79	0.70	0.81	0.66	0.72
9168A	0.63	0.70	0.68	0.64	0.65	0.70	0.75	0.57	0.74	0.61	0.66
5220A	0.70	0.68	0.66	0.63	0.66	0.73	0.73	0.66	0.75	0.68	0.73
DF17A	0.75	0.77	0.75	0.68	0.71	0.70	0.79	0.61	0.79	0.74	0.72
DF1A	0.68	0.72	0.66	0.65	0.66	0.70	0.76	0.57	0.79	0.66	0.68
DF24A	0.66	0.70	0.63	0.62	0.67	0.63	0.70	0.49	0.74	0.63	0.61
DF13A	0.76	0.79	0.79	0.65	0.66	0.66	0.72	0.66	0.68	0.62	0.66
DF22A	0.67	0.71	0.63	0.64	0.58	0.65	0.71	0.61	0.73	0.65	0.65
旌 077A Jing 077A	0.72	0.76	0.72	0.67	0.70	0.72	0.76	0.62	0.79	0.76	0.72
6248A	0.73	0.75	0.75	0.68	0.69	0.73	0.75	0.61	0.75	0.71	0.71
4248A	0.80	0.82	0.77	0.74	0.78	0.75	0.73	0.65	0.80	0.71	0.71
泸香 618A Luxiang 618A	0.69	0.76	0.80	0.62	0.67	0.61	0.73	0.63	0.69	0.65	0.65

优 725,充分体现了所配杂交组合与对照相比穗大粒多的特性。理论产量和实际产量表现较好,均有一半左右的组合表现为正向优势,且实际产量优势最高达 10.62%,有 25 个(53.19%)组合表现为正向优势,说明本研究所配杂交组合较好,有较大的利

用价值。每穗粒数和结实率的对照优势整体表现欠佳,这可能与选用的对照材料有关。

2.3 遗传距离与杂种优势的相关性

遗传距离与杂种优势相关分析表明(表 3),平均优势和对照优势与遗传距离的相关性完全一致。

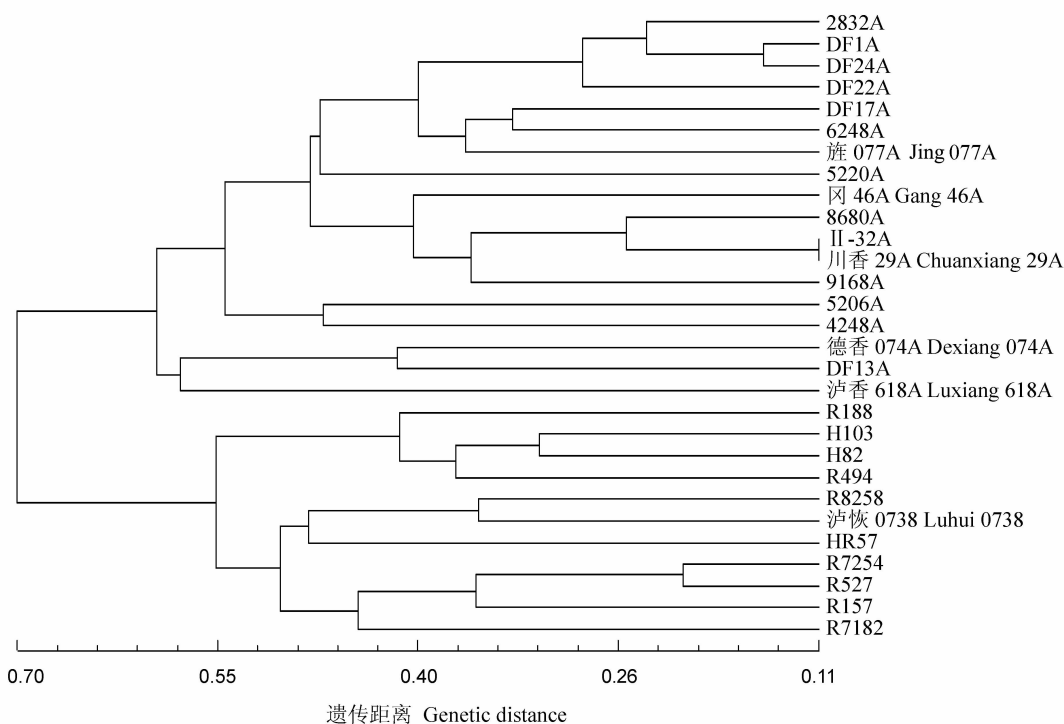


图 1 29 个亲本聚类分析结果

Fig. 1. Dendrogram of clustering analysis for 29 hybrid rice parents.

表 3 6 个性状的平均优势和对照优势

Table 3. Average heterosis and control heterosis of six traits.

性状 Trait	平均优势 Average heterosis			对照优势 Control heterosis			
	变幅 Range /%	正(负)优势 组合数 No. of crosses with positive (negative) heterosis	与遗传距离 的相关系数 <i>r</i>	变幅 Range /%	平均 Average /%	正(负)优势 组合数 No. of crosses with positive (negative) heterosis	与遗传距离 的相关系数 <i>r</i>
有效穗数 NEPP	-23.64~20.27	25(22)	0.13	-15.79~32.63	10.28	33(14)	0.13
结实率 SSR	-20.49~18.33	28(19)	-0.07	-24.35~12.58	-4.85	15(32)	-0.07
千粒重 TGW	-14.17~13.18	21(26)	-0.24	-3.73~26.95	12.16	44(3)	-0.24
每穗粒数 FGPP	-32.08~31.59	19(28)	0.13	-44.91~6.74	-18.88	2(45)	0.13
理论产量 TY	-18.94~22.26	26(21)	0.17	-19.72~21.08	-0.96	23(24)	0.17
实际产量 AY	-9.10~9.67	23(24)	0.29*	-8.31~10.62	0.87	25(22)	0.29*

* 0.05 显著水平。

* Significant at 0.05 level.

NEPP, Number of effective panicles per plant; SSR, Seed setting rate; TGW, 1000-grain weight; FGPP, Filled grain number per panicle.

TY, Theoretical yield; AY, Actual yield; *r*, Correlation coefficient between the trait and genetic distance.

遗传距离与产量杂种优势之间呈显著正相关, 相关系数 $r=0.29^*$, 达 5% 显著水平。遗传距离与有效穗数、每穗实粒数和理论产量杂种优势之间呈正相关。而遗传距离与结实率、千粒重杂种优势之间则呈负相关。说明本研究所用亲本的遗传距离能反映实际产量优势的大小, 而不能反映其他性状杂种优势的大小。表明有可能利用与产量相关的功能基因 SSR 标记进行杂种优势预测。

3 讨论

众所周知, 杂种优势产生的本质就是杂交双亲有一定的遗传差异和性状互补, 而且差异越大杂种优势愈明显。由于 DNA 分子标记的优越性而在杂种优势预测研究中得到广泛应用, 国内外学者利用分子标记研究遗传差异与杂种优势的关系主要有以下几个观点: 有的学者认为分子标记遗传距离可以预测杂种优势^[4-6,8,36-37]。这个观点在玉米杂种优势预测中提供了相当大的参考价值, 也取得了很大的成功。而有的学者则认为分子标记遗传距离难以预测杂种优势^[7,9-10,38-40]。这个观点可以说是在杂交水稻育种应用中得到了充分的证明。部分学者^[11-13,40-42]的研究认为利用分子标记来预测杂交水稻的杂种优势尚难以下结论。产生以上不同观点的原因, 主要是因为分子标记杂合性和杂种优势之间的关系是变化的, 这种变化依赖于研究中所用的遗传材料、水稻种质的差异以及杂种优势遗传基础的复杂性等, 而且不同学者采用的试验材料、试验设计、分子标记有差异。实际上, 亲本间的遗传差异是多方面的, 涉及很多性状、很多位点, 而与产量相连

锁的性状或位点却是特定的, 即并非个别性状存在差异就产生杂种优势, 或并非所有的多态性位点都与杂种优势相关^[9]。而杂交水稻杂种优势的利用主要是在产量优势的利用上。因此, 笔者认为利用与产量性状相关的基因位点来分析亲本的遗传差异, 研究由此产生的遗传距离与产量优势的相关性可能会更可靠。

本研究选用 41 个已克隆或者已经精细定位的与产量相关的功能基因标记来分析杂交水稻亲本的遗传差异, 进而分析遗传距离与杂种优势的相关性。结果表明, 遗传距离与实际产量优势之间呈显著正相关, 这与我们的推测一致。说明利用与产量相关的功能基因标记来预测杂交水稻的杂种优势是可行的。不过, 遗传距离与其他产量性状优势之间相关不显著。我们认为, 本研究中分析的遗传距离是建立在所有与产量相关的功能基因位点上的。即并非每个功能基因位点产生的遗传差异都是与该单一性状的杂种优势是相关的。这也从侧面反映了利用与产量相关的功能基因标记来研究产量杂种优势的可能性。根据以上结果, 本研究认为利用分子标记预测产量杂种优势应当选用与产量相关的功能基因分子标记。本研究中我们得到的相关系数偏小, 还不足以预测杂种优势, 与前人的研究结果类似。利用功能基因分子标记预测杂种优势实践还有待于杂种优势预测的 DNA 分子标记的选择和方法的完善, 有待于功能基因组学的发展和水稻饱和遗传图谱和物理图谱的建立。

参考文献:

[1] 朱国英, 张为国. 杂交水稻苗期同工酶与杂种优势关系的研究

- 究. 作物学报, 1987, 13(21): 89-96.
- [2] 孙传清, 姜廷波, 陈亮, 等. 水稻杂种优势与遗传分化关系的研究. 作物学报, 2000, 26(6): 641-649
- [3] Hinze L L, Lamkey K R. Absence of epistasis for grain yield in elite maize hybrids. *Crop Sci*, 2003, 43: 46-56.
- [4] Lee M, Godshalk K, Lamkey K R, et al. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. *Crop Sci*, 1989, 29(4): 1067-1071.
- [5] Smith O S, Smith J S C, Bowen S L, et al. Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F₁ grain yield, grain yield, heterosis, and RFLPs. *Theor Appl Genet*, 1990, 80(6): 833-840.
- [6] 蔡健, 兰伟. AFLP标记与水稻杂种产量及产量杂种优势的预测. 中国农学通报, 2005, 21(4): 39-43.
- [7] 赵庆勇, 朱镇, 张亚东, 等. SSR标记遗传距离与粳稻杂种优势的相关性分析. 中国水稻科学, 2009, 23(2): 141-147
- [8] 张培江, 才宏伟, 李焕朝, 等. RAPD分子标记水稻遗传距离及其与杂种优势的关系. 安徽农业科学, 2000, 28(6): 697-700, 704.
- [9] 廖伏明, 周坤炉, 阳和华, 等. 杂交水稻亲本遗传差异及其与杂种优势关系. 中国水稻科学, 1998, 12(4): 193-199.
- [10] 张涛, 韩磊, 徐建策, 等. 杂交香稻亲本遗传距离与产量杂种优势的相关性研究. 中国农业科学, 2006, 39(4): 831-835.
- [11] Zhang Q F, Gao Y J, Yang S H, et al. A diallel analysis of heterosis in elite hybrid rice based on RFLPs and microsatellites. *Theor Appl Genet*, 1994, 9(2): 185-192.
- [12] Zhang Q F, Gao Y J, Saghui Maroof M A, et al. Molecular divergence and hybrid performance in rice. *Mol Breeding*, 1995, 1(2): 133-142.
- [13] Xiao J, Li J, Yuan L, et al. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance and heterosis in rice as revealed by PCR-based markers. *Theor Appl Genet*, 1996, 92(6): 637-643.
- [14] 黄显波, 田志宏, 邓则勤, 等. 水稻三明显性核不育基因的初步鉴定. 作物学报, 2008, 34(10): 1865-1868.
- [15] Jiang L, Guo L B, Jiang H, et al. Genetic analysis and fine-mapping of a dwarfing with withered leaf-tip mutant in rice. *J Genet Gen*, 2008, 35(12): 715-721.
- [16] McCouch S R, Teytelman L, Xu Y B, et al. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.). *DNA Res*, 2002, 9(6): 199-207.
- [17] 张涛. 水稻糙米蛋白质含量的QTL定位及香稻的资源研究[D]. 成都: 四川农业大学, 2007.
- [18] Cho Y C, Suh J P, Choi I S, et al. QTLs analysis of yield and its related traits in wild rice relative *Oryza rufipogon*. *Treat Crop Res*, 2003, 4: 19-29.
- [19] Xiao J, Grandillo S, Ahn S N, et al. Genes from wild rice improve yield. *Nature*, 1996, 384: 223-224.
- [20] Xiao J H, Li J, Grandillo S, et al. Identification of trait-improving quantitative trait loci alleles from a wild rice relative, *Oryza rufipogon*. *Genetics*, 1998, 150: 899-909.
- [21] Moncada P, Martinez C P, Borrero J, et al. Quantitative trait loci for yield and yield components in an *Oryza sativa* × *Oryza rufipogon* BC₂F₂ population evaluated in an upland environment. *Theor Appl Genet*, 2001, 102(1): 41-42.
- [22] Thomson M J, Tai T H, McClung A M, et al. Mapping quantitative trait loci for yield, yield components and morphological traits in an advanced backcross population between *Oryza rufipogon* and the *Oryza sativa* cultivar Jefferson. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 479-493.
- [23] Septiningsih E M, Prasetyono J, Lubis E, et al. Identification of quantitative trait loci for yield and yield components in an advanced backcross population derived from the *Oryza sativa* variety IR64 and the wild relative *O. rufipogon*. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1419-1432.
- [24] Song X J, Huang W, Shi M, et al. A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase. *Nat Genet*, 2007, 39(5): 623-630.
- [25] Marri P R, Sarla N, Reddy L V, et al. Identification and mapping of yield and yield related QTLs from an Indian accession of *Oryza rufipogon*. *BMC Genetics*, 2005, 6(33): 1-14.
- [26] 邓其明. 水稻寡分蘖候选基因的定位、克隆及水稻白叶枯病抗性分子标记辅助育种[D]. 成都: 四川农业大学, 2005.
- [27] Fan C C, Xing Y Z, Mao H L, et al. GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein. *Theor Appl Genet*, 2006, 112(6): 1164-1171.
- [28] Ayahiko S, Takeshi I, Kaworu E, et al. Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication. *Nat Genet*, 2008, 40(8): 1023-1028.
- [29] Tian F, Li D J, Fu Q, et al. Construction of introgression lines carrying wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) segments in cultivated rice (*Oryza sativa* L.) background and characterization of introgressed segments associated with yield-related traits. *Theor Appl Genet*, 2006, 112(3): 570-580.
- [30] Li X Y, Qian Q, Fu Z M, et al. Control of tillering in rice. *Nature*, 2003, 422: 618-621.
- [31] Xue W Y, Xing Y Z, Weng X Y, et al. Natural variation in *Ghd7* is an important regulator of heading date and yield potential in rice. *Nat Genet*, 2008, 40(6): 761-767.
- [32] Hua J P, Xing Y Z, Wu W R, et al. Single-locus heterotic effects and dominance by dominance interactions can adequately explain the genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2003, 100: 2574-2579.
- [33] Li X H, Xu C G, Gao Y J, et al. Analyzing quantitative trait loci for yield using a vegetatively replicated F₂ population from a cross between the parents of an elite rice hybrid. *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 248-254.
- [34] Nei M, Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1979, 76(10): 5269-5273.
- [35] 赵勇, 杨凯, Cheema A A, 等. 利用水稻功能基因 SSR 标记鉴定水稻种质资源. 中国农业科学, 2002, 35(4): 349-353.
- [36] 李云海, 钱前, 曾大力, 等. 我国主要杂交水稻亲本的 RAPD 鉴定及遗传关系研究. 作物学报, 2000, 26(2): 171-176.
- [37] Wang G J, Castiglione S, Zhang J, et al. Hybrid rice (*Oryza sativa* L.): Identification and parentage determination by RAPD fingerprinting. *Plant Cell Rep*, 1994, 14: 112-115.
- [38] 朱作峰, 孙传清, 王象坤, 等. 水稻品种 SSR 与 RFLP 及其与杂种优势的关系比较研究. 遗传学报, 2001, 28(8): 738-745.
- [39] 李任华, 徐才国, 何予卿, 等. 水稻亲本遗传分化程度与籼粳杂种优势的关系. 作物学报, 1998, 24(5): 564-576.
- [40] 刘冬成, 张爱民. 作物杂种优势基础研究的进展. 中国科学院院刊, 2001(5): 334-338.
- [41] Zhang Q F, Zhou Z Q, Yang G P, et al. Molecular marker heterozygosity and hybrid performance in indica and japonica rice. *Theor Appl Genet*, 1996, 93(8): 1218-1224.
- [42] Zhao M F, Li X H, Yang J B, et al. Relationship between molecular marker heterozygosity and hybrid performance in intra and inter-subspecific crosses of rice. *Plant Breeding*, 1999, 18(2): 139-144.