

SSR 标记遗传距离与粳稻杂种优势的相关性分析

赵庆勇^{1,2} 朱 镇¹ 张亚东¹ 赵 凌¹ 陈 涛¹ 张巧凤¹ 王才林^{1,*}

(¹江苏省农业科学院 粮食作物研究所/江苏省优质水稻工程技术研究中心, 江苏 南京 210014; ²南京农业大学 农学院, 江苏 南京 210095;

* 通讯联系人, E-mail: clwang@jaas.ac.cn)

Analysis on Correlation Between Heterosis and Genetic Distance Based on Simple Sequence Repeat Markers in japonica Rice

ZHAO Qing yong^{1,2}, ZHU Zhen¹, ZHANG Ya dong¹, ZHAO Ling¹, CHEN Tao¹, ZHANG Qiao feng¹, WANG Cai lin^{1,*}

(¹ Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Jiangsu High Quality Rice R & D Center, Nanjing 210014, China;

² Agricultural College, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; * Corresponding author, E-mail: clwang@jaas.ac.cn)

Abstract: Genetic diversity among 30 japonica rice was studied using the simple sequence repeat(SSR) markers, and relationship between genetic distance based on SSR markers and yield heterosis was analyzed using the materials consisted of 30 parents and 200 F₁ hybrids with a 20 × 10 diallel crossing design. The results indicated that 64 pairs of SSR primers could produce 185 steady polymorphic bands among 30 parents averaging 2.9 bands for each pair of primers. The polymorphic index content (PIC) values varied from 0.064 to 0.844 with an average of 0.380. Cluster analysis by UPGMA classified 30 parents into seven groups based on genetic similarity, which was coincident with the heterotic groups determined by their pedigree analysis. The correlations between the genetic distance and yield heterosis and hybrid performance were significant except for the total number of spikelets per panicle, and the coefficients of correlations were ranged from -0.361 to 0.359. It is suggested that the molecular markers could be used as a useful tool for assigning heterotic group and measuring genetic diversity, but not for predicting heterosis because the coefficient of relationship between the genetic distance based on SSR markers and yield heterosis was too small.

Key words: japonica rice; simple sequence repeat; molecular marker; cluster analysis; genetic distance; heterosis

摘要: 利用 SSR 分子标记对 30 个粳稻品种进行遗传多样性分析, 继而研究分子标记遗传距离与按照 NC 设计获得的 200 个杂交组合主要产量性状杂种优势的相关性, 探讨分子标记遗传距离预测杂种优势的可行性。结果表明, 64 对 SSR 引物共检测到 185 条多态性片段, 平均每对引物 2.9 条, 每个 SSR 位点的多态性信息含量指数 (PIC 值) 变化范围为 0.064 ~ 0.844, 平均为 0.380。以 SSR 标记遗传相似系数为原始数据, 按 UPGMA 聚类方法将 30 个亲本材料划分为 7 大类群, 分类结果与系谱关系基本相符。分子标记遗传距离与杂种性状平均值的相关除每穗总粒数外均达到显著或极显著水平, 与杂种优势的相关均达到极显著水平, 相关系数介于 -0.361 ~ 0.359, 说明分子标记可用于水稻杂种优势群的划分和遗传多样性分析, 但相关程度还不足以预测产量杂种优势。

关键词: 粳稻; 微卫星标记; 分子标记; 聚类分析; 遗传距离; 杂种优势

中图分类号: Q943; S511.035.1

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2009)02-0141-07

杂种优势利用是水稻育种的重要课题之一, 如何快速、有效地预测杂种优势一直是育种家关心的问题。从早期的表型预测、生化预测, 到现在的分子标记预测, 已有大量文献报道。自 20 世纪 80 年代以来, 随着 DNA 分子标记的出现, 人们利用分子标记遗传距离对杂种优势的预测进行了大量的研究, 但结果并不一致。Lee 等^[1] 和 Smith 等^[2] 首先发现 RFLP 遗传距离与 F₁ 杂种优势表现存在极显著正相关, 可用于杂种优势预测; Dudley 等^[3]、Godshalk 等^[4]、Melchinger 等^[5] 和 Boppenmaier 等^[6] 的研究得到的相关性较低, 无预测价值; Zhang 等^[7] 的研究认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; Xiao 等^[8] 应用 RAPD 和 SSR 标记计算

遗传距离发现, 亚种内分子标记间遗传距离能够较好地预测杂种优势, 而亚种间的优势则难以预测。SSR 标记是建立在 PCR 技术上的 DNA 标记, 与其他 DNA 标记相比, 具有共显性、多态性好、遗传方式简单、不需要大量的 DNA, 且操作简便、重复性好、稳定可靠等优点, 在植物育种上的应用研究发展很快, 尤其在遗传图谱的构建、品种鉴定、种质保存和利用以及系谱分析和分子标记辅助选择育种等

收稿日期: 2008-05-29; 修改稿收到日期: 2008-08-04。

基金项目: 国家 863 计划资助项目(2006AA100101); 国家科技支撑计划资助项目(2006BAD01A017); 农业部行业科研专项资助项目(nyhyzx07-001-006); 江苏省农业科技自主创新基金资助项目[CX(08)603]。

第一作者简介: 赵庆勇(1982-), 男, 硕士研究生。

方面具有广泛的应用价值^[9]。本研究应用 SSR 标记检测 20 个 BT 型粳稻不育系与 10 个恢复系之间的遗传差异,计算所配组合亲本间的遗传距离,进而分析遗传距离与其杂种优势表现之间的相关性,探讨利用 SSR 标记遗传距离预测杂种优势的可行性。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试水稻材料包括 20 个不育系和 10 个恢复系及其配组获得的 200 个杂种后代。20 个不育系为:六盐 A、镇 5132A、9707A、丹阳 941A、秋丰 A、957A、9733A、98G26A、9325A、9520A、9520 选系 A、武运粳 7 号 A、武育 5021A、99 9A、99 12A、99 15A、99 22A、香粳 8016A、95122A、泗阳/872566A,均系江苏省农业科学院转育成的 BT 型粳稻不育系,回交代数在 10 代以上。10 个恢复系为:C418、J16、LH422、K119、晚 161、R254、湘晴、R187、C76、P 77,其中 C418、J16 和 R187 是含有籼型成分的粳稻恢复系,LH422 是广亲和恢复系,其余均为粳型恢复系。除 J16 为江苏省农业科学院育成以外,其余恢复系分别从辽宁省农业科学院水稻研究所、湖南杂交水稻研究中心、上海市农业科学院作物育种栽培研究所和江苏省连云港市农业科学研究所等单位引进。

1.2 田间试验设计

2005 年正季在南京、冬季在海南选用 20 个 BT 型粳稻不育系和 10 个恢复系为亲本,按 NC 遗传交配设计配制 200 个杂交组合。2006 年正季将 F₁ 及亲本(不育系用同型保持系代替)种植在江苏省农业科学院粮食作物研究所试验田,裂区试验设计,恢复系为主区,不育系为副区,3 次重复。每小区种植 3 行,每行 10 株,株行距 13 cm × 27 cm。5 月 15 日播种,6 月 16 日移栽。按大田常规栽培技术管理。成熟后在小区中间随机取 5 个典型单株考种,考查的性状包括单株产量、单株有效穗数、每穗总粒数、结实率和千粒重。

1.3 基因组 DNA 提取和 SSR 分析方法

采集苗期鲜嫩叶片,按照 SDS 法^[10]提取 30 个亲本的基因组 DNA。SSR 引物由上海英骏生物科技有限公司合成,PCR 反应在 Eppendorf 5330 PCR 仪上扩增,采用 10 μL 反应体系:DNA(10 ng/μL) 1 μL,Primer(4 pmol/μL) 1 μL,10 × Buffer 1 μL,dNTP(2.5 mmol/L) 0.2 μL,Taq 酶 (5 U/μL) 0.1 μL 和 ddH₂O 6.7 μL。反应程序为:94 °C 下预

变性 5 min,94 °C 下变性 30 s,55 °C 下退火 30 s,72 °C 下延伸 1 min,35 个循环;72 °C 下延伸 10 min。反应产物用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,银染拍照。

1.4 数据统计与分析

SSR 扩增产物以“0”“1”统计建立数据库。在相同迁移位置上,有带记为“1”,无带记为“0”,缺失记为“9”。每 2 份材料间的遗传差异按 Nei 等^[11]的方法求算遗传相似系数(GS)和遗传距离(GD),公式为:GS = 2M_{xy} / (M_x + M_y),GD = 1 - GS。其中,M_x和 M_y分别为 X 和 Y 两材料的总片段数,M_{xy}为两材料的公共片段数。根据所得遗传相似系数,用 UPGMA 法(unweighted pair group method with arithmetic mean,算术平均非加权配组法)进行遗传相似性聚类。以上运算通过 NTSYS pc Version 2.0 软件^[12]进行。

根据 Smith 等^[13]报道的方法计算每 1 对 SSR 引物的多态性信息含量指数(polymorphism index content,简称 PIC),计算公式:PIC = 1 - ∑f_i²,其中 f_i表示第 i 个等位基因(alleles)的频率。

杂种优势以中亲优势表示,计算公式如下:

中亲优势值 = (F₁ 值 - 双亲平均值) / 双亲平均值 × 100%。

数据整理和相关性分析在 Excel 软件上进行。

2 结果与分析

2.1 SSR 分子标记的多态性

从 210 对 SSR 引物中筛选出对 30 个亲本材料扩增产物具有明显多态性且带型稳定的引物 64 对(表 1),分布于水稻 12 条染色体上。这 64 对引物共检测到 185 条多态性片段,每对引物检测到的多态性片段为 2~8 条,平均为 2.9 条,即在 30 份材料中,平均每个位点有 2.9 个等位基因。每个 SSR 位点的 PIC 值变化范围为 0.064~0.844,平均为 0.380。PIC 值反映了某一对 SSR 引物对品种的区分能力,PIC 值的大小取决于检测到的等位基因数目及基因频率,且与后者关系更密切。图 1 为 PIC 值最高的两个引物 RM1347 和 RM1812 对 30 个亲本材料的扩增结果。

2.2 SSR 标记揭示的亲本间遗传关系分析

利用 185 条 SSR 标记多态性片段,计算 30 个亲本间的遗传相似性系数(表略),其范围在 0.416~0.977,平均为 0.730。利用 SSR 标记遗传相似系数为原始数据,用 UPGMA 法对所有供试材料进行聚类分析,并绘制成树状图(图 2)。以相似系数

表 1 SSR 引物、染色体位置、等位基因数目及多态性信息含量指数

Table 1 .SSR primer ,chromosome location , number of alleles and polymorphism index content(PIC) .

引物名称 SSR primer	染色体 Chromosome	等位基因数目 No . of alleles	PIC	引物名称 SSR primer	染色体 Chromosome	等位基因数目 No . of alleles	PIC
RM495	1	2	0.420	RM3430	6	4	0.242
RM259	1	2	0.358	RM340	6	2	0.391
RM583	1	2	0.391	RM494	6	3	0.384
RM1287	1	2	0.320	RM427	7	2	0.124
RM5	1	3	0.551	RM6574	7	2	0.180
RM265	1	2	0.491	RM1867	7	4	0.548
RM5389	1	2	0.529	RM1135	7	2	0.358
RM1068	1	3	0.464	RM11	7	3	0.371
RM7562	2	3	0.531	RM3826	7	2	0.391
RM3703	2	2	0.124	RM234	7	2	0.064
RM1347	2	8	0.844	RM2344	8	5	0.658
RM1038	2	2	0.064	RM1702	8	2	0.278
RM240	2	2	0.064	RM6863	8	2	0.278
RM4108	3	2	0.180	RM6208	8	3	0.127
RM1332	3	3	0.238	RM331	8	3	0.504
RM6080	3	3	0.478	RM3262	8	2	0.180
RM3513	3	5	0.616	RM5485	8	2	0.464
RM5688	4	3	0.527	RM3496	8	2	0.180
RM1359	4	5	0.797	RM1328	9	3	0.287
RM3367	4	3	0.483	RM1189	9	2	0.124
RM1113	4	2	0.064	RM242	9	3	0.491
RM3334	5	2	0.420	RM5095	10	4	0.542
RM267	5	2	0.180	RM258	10	2	0.180
RM3777	5	2	0.180	RM3451	10	4	0.649
RM598	5	2	0.064	RM1761	11	3	0.434
RM1237	5	3	0.331	RM1812	11	8	0.793
RM3870	5	2	0.124	RM5349	11	4	0.667
RM3476	5	6	0.751	RM1233	11	3	0.658
RM480	5	3	0.590	RM247	12	2	0.278
RM1054	5	2	0.180	RM7619	12	3	0.407
RM276	6	3	0.371	RM3331	12	3	0.500
RM4924	6	2	0.488	RM1227	12	4	0.393

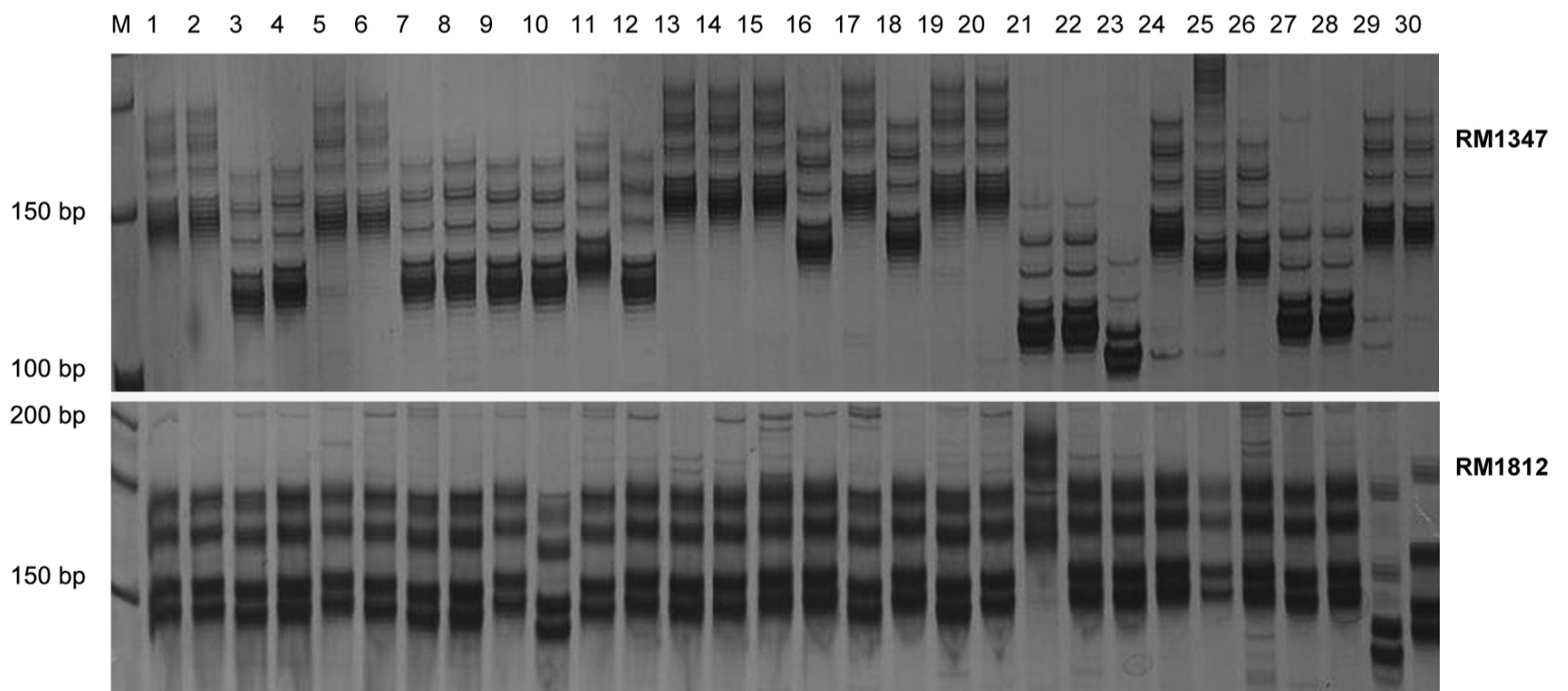


图 1 SSR 引物 RM1347 和 RM1812 对 30 个亲本的扩增结果

Fig. 1 .SSR profiles of 30 parents amplified with the primers RM1347 and RM1812 .

M - 长度为 50 bp 的 DNA ladder ; 1 ~ 30 依次为六盐 A、镇 5132A、9707A、丹阳 941A、秋丰 A、95-7A、9733A、98G26A、9325A、9520A、9520 选系 A、武运粳 7 号 A、武育 5021A、99-9A、99-12A、99-15A、99-22A、香粳 8016A、95122A、泗阳/872566A、C418、J16、LH422、K119、晚 161、R254、湘晴、R187、C76 和 P 77。

M , 50 bp DNA ladder ; Lanes 1 to 30 represent Liuyan A , Zhen 5132A , 9707A , Danyang 941A , Qiufeng A , 95-7A , 9733A , 98G26A , 9325A , 9520A , 9520Xuanxi A , Wuyunjing 7A , Wuyu 5021A , 99-9A , 99-12A , 99-15A , 99-22A , Xiangjing 8016A , 95122A , Siyang/872566A , C418 , J16 , LH422 , K119 , Wan 161 , R254 , Xiangqing , R187 , C76 and P 77 , respectively .

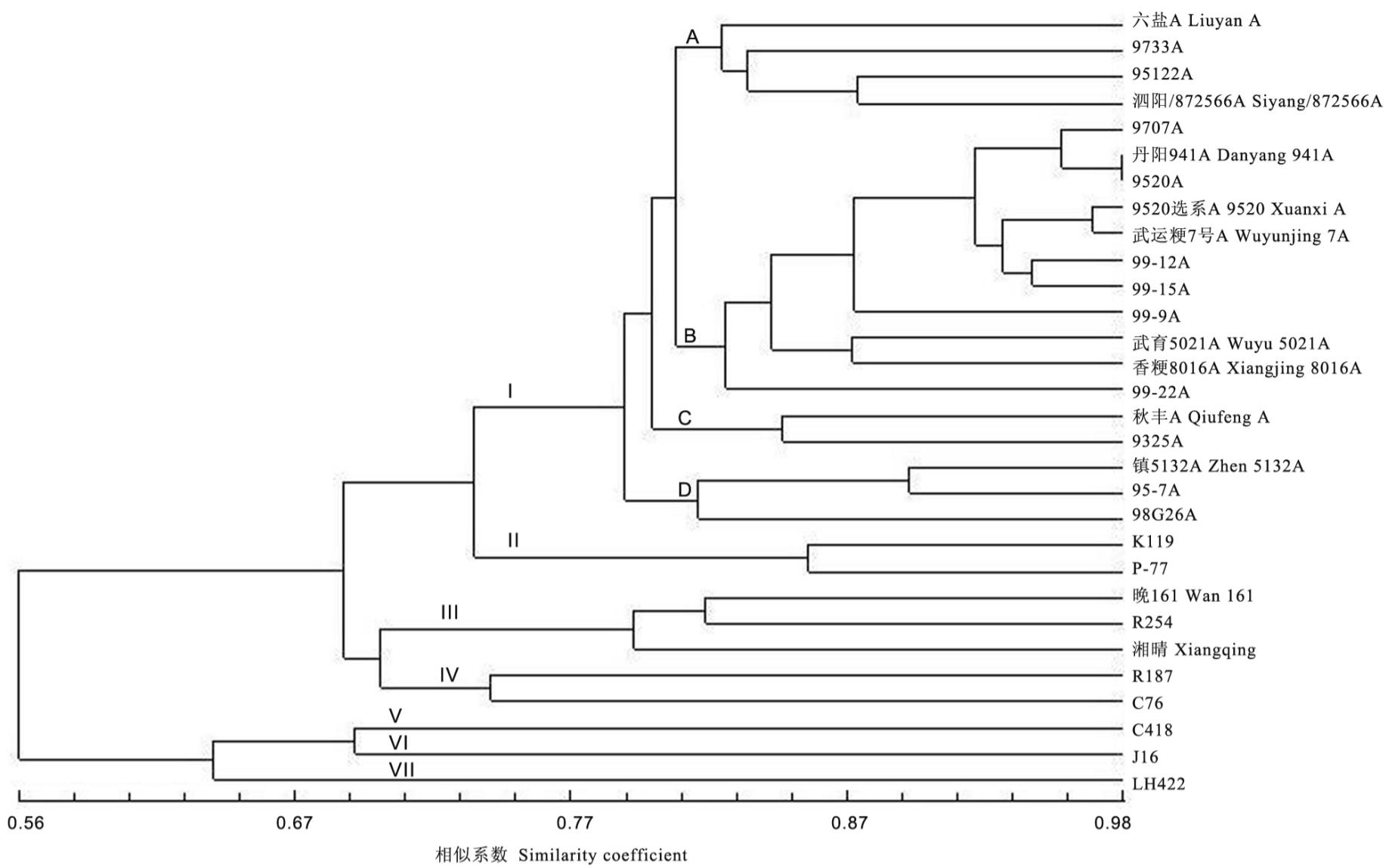


图 2 基于 SSR 分子标记数据的 30 个亲本的聚类分析
 Fig. 2 .Dendrogram of cluster analysis for 30 parents based on SSR data .

0.74 为阈值 ,可以将供试材料分为 7 大类群。第 I 类群包括所有不育系。此类群以相似系数 0.81 为标准 ,又可分为 4 个亚群 :A 亚群为六盐 A、9733A、95122A 和泗阳/872566A ;B 亚群包括 11 个不育系 ,主要来自江苏省常州市武进区 ;C 亚群为秋丰 A 和 9325A ,其亲本之一为秀水 04 ;D 亚群包括镇 5132A、95 7A 和 98G26A ;第 II 类包括恢复系 K119 和 P 77 ;第 III 类包括晚 161、R254 和湘晴 ,其中晚 161 和 R254 的亲本之一为湘晴 ;第 IV 类包括 R187 和 C76 ;C418、J16 和 LH422 均是含有籼稻血缘的粳稻恢复系 ,分别聚为第 V、VI、VII 类。从聚类分析可以看出 ,本研究中粳稻不育系和恢复系分别聚到

不同的类群 ,且亲缘关系较远。其中 ,恢复系的遗传背景比较复杂 ,遗传变异较大 ;但不育系的遗传背景比较单一 ,遗传差异比恢复系要小。

2.3 F₁ 主要产量性状杂种优势表现

表 2 列出了 F₁ 主要产量性状杂种优势的平均值、变幅及相应正向优势的组数。从表 2 中可以看出 ,每穗总粒数杂种优势最大 ,平均为 7.3% ,其次为千粒重 ,平均为 3.8% ,且有 151 个组合超过了双亲平均值 ,充分表现了杂种 F₁ 穗大粒重的特征 ,这与生产上的表现一致。单株产量的杂种优势平均为 2.7% ,有 110 个组合超过了双亲平均值。单株有效穗数和结实率的优势较弱 ,平均只有 -0.5% 和

表 2 F₁ 主要产量性状杂种优势
 Table 2 . Heterosis of main yield related characteristics for F₁ hybrids .

参数 Parameter	单株产量 Grain weight per plant	单株有效穗数 No . of panicles per plant	每穗总粒数 Total no .of spikelets per panicle	结实率 Seed setting rate	千粒重 1000 grain weight
平均值 Mean/%	2.7	- 0.5	7.3	- 14.4	3.8
变幅 Range/%	- 52.0 ~ 56.5	- 26.6 ~ 35.1	- 30.4 ~ 43.6	- 59.4 ~ 12.7	- 23.1 ~ 17.0
正向优势组合数 NCPH	110	95	151	38	151

NCPH , Number of combinations showing positive heterosis .

- 14.4% ,说明穗数不足和结实率偏低仍然是限制杂交粳稻产量优势发挥的主要因子。本研究中所配粳稻组合结实率介于 36.4% ~ 95.4% ,其中 ,结实率最低的组合为 99 22A/K119 ,其单株产量相应也是最低的。主要是因为本研究中所配组合是未经筛选鉴定的随机组合 ,部分恢复系(如 P 77)的恢复度较差 ,因而导致单株产量较低。

2.4 SSR 标记揭示的遗传距离与 F₁ 杂种优势的相关性

对 SSR 标记亲本遗传距离与 F₁ 平均值和杂种优势的相关性分析表明(表 3) ,除每穗总粒数外 ,其余杂种产量性状的平均值与遗传距离的相关性均达到了显著或极显著水平 ;杂种优势与遗传距离的相关性在所有性状上均达到了极显著水平 ,相关系数 r 介于 - 0.361 ~ 0.359。但其决定系数 r^2 (0.030 ~ 0.130) 均较小 ,也就是说 ,遗传距离在产量及其构成因素的形成中的作用只占 3.0% ~ 13.0% 的比例。如此小的相关系数势必难以用来预测杂种优势及杂种表现。而且当供试材料的数目发生变化时 ,相关

性也随之发生变化。因此 ,亲本 SSR 分子标记遗传距离的大小不能准确预测产量及其构成因素的杂种优势。

从表 4 和表 5 中可以看出 ,单株产量杂种优势居前 5 位的杂交组合的亲本间遗传距离均大于居后 5 位的杂交组合的亲本间遗传距离 ;而亲本间遗传距离居前 5 位的单株产量杂种优势除 1 个组合表现正向优势外 ,其余 4 个组合均为负向优势 ,但总体上比遗传距离居后 5 位组合的优势要强。这一结果表明 ,在一定范围内 ,亲本间遗传距离越大 ,组合杂种优势也相对越强 ;亲本间遗传距离越小 ,组合杂种优势也相对越弱 ;但超过这一范围 ,遗传距离与产量杂种优势相关性不大。这一点与 Melchinger 等^[14] 的研究结果是一致的。

3 讨论

利用 DNA 分子标记计算亲本间遗传距离进而预测杂种优势 ,前人做了大量研究 ,但未能得出一致的结论。张培江等^[15] 通过 RAPD 标记对 12 个水

表 3 亲本遗传距离与杂种平均值和杂种优势的相关系数

Table 3 . Coefficients of correlation between the genetic distance of parents and mean of hybrids and mid parent heterosis .

参数 Parameter	单株产量 Grain weight per plant	单株有效穗数 No . of panicles per plant	每穗总粒数 Total no . of spikelets per panicle	结实率 Seed setting rate	千粒重 1000 grain weight
杂种平均值 Mean of hybrid	0.196**	0.286**	- 0.068	0.172*	- 0.275**
杂种优势 Heterosis	0.284**	0.359**	0.279**	0.211**	- 0.361**

* , ** 表示相关系数达 0.05 和 0.01 的显著水平。

* , ** Significant at 0.05 and 0.01 levels , respectively .

表 4 单株产量的杂种优势居前、后 5 位组合的杂种优势和遗传距离

Table 4 Heterosis and genetic distance (GD) of the highest and lowest five combinations in yield heterosis .

组合 Combination	杂种优势 Heterosis /%	遗传 距离 GD
前 5 位 The highest five combinations		
9733A × C418	56.5	0.449
香粳 8016A × C418 Xiangjing 8016A × C418	56.0	0.438
99 9A × C418	55.6	0.430
95122A × C418	53.2	0.441
武育 5021A × C418 Wuyu 5021A × C418	51.2	0.486
后 5 位 The lowest five combinations		
99 22A × K119	- 52.0	0.276
9707A × P 77	- 48.0	0.265
9707A × K119	- 48.0	0.273
9325A × K119	- 47.1	0.243
99 22A × 晚 161 99 22A × Wan 161	- 45.4	0.291

表 5 遗传距离居前、后 5 位组合的单株产量杂种优势和遗传距离

Table 5 Heterosis and genetic distance (GD) of the highest and lowest five combinations in genetic distance .

组合 Combination	杂种优势 Heterosis /%	遗传 距离 GD
前 5 位 The highest five combinations		
9325A × LH422	- 9.3	0.584
9707A × LH422	- 16.7	0.550
9520 选系 A × LH422 9520 Xuanxi A × LH422	- 1.6	0.550
丹阳 941A × LH422 Danyang 941 A × LH422	- 13.2	0.538
秋丰 A × LH422 Qiufeng A × LH422	1.8	0.538
后 5 位 The lowest five combinations		
95 7A × P 77	- 16.2	0.222
镇 5132A × K119 Zhen 5132A × K119	- 34.5	0.239
98G26A × K119	- 21.2	0.243
武运粳 7 号 A × K119 Wuyunjing 7A × K119	- 47.1	0.243
武育 5021A × K119 Wuyu 5021A × K119	- 11.5	0.243

稻亲本遗传距离与杂种优势的相关性分析,认为随着遗传距离增大,获得较强杂种优势组合的机会可能也会增多。张礼霞等^[16]利用 *Rim2* 因子超级基因家族中的 5 对引物,发现杂交粳稻的遗传距离与杂种优势表现出相关性,而杂交籼稻无此相关性。蔡健等^[17]研究发现分子标记遗传距离与杂种产量优势、 F_1 产量、特殊配合力之间都呈显著正相关,相关系数为 0.3235 ~ 0.7713,但相关程度还不足以预测杂种优势。朱作峰等^[18]利用 SSR 和 RFLP 标记对 6 个生态型的 57 份水稻的遗传差异进行了比较分析,结果表明,这两种标记估计的遗传距离与杂种优势表现间的相关均未达到显著水平。

本研究利用 64 对 SSR 引物对 30 个亲本材料进行扩增,共检测到 185 个等位基因变异,平均 2.9 个,平均 *PIC* 值仅为 0.380。产生这一结果的原因主要是本研究中所用不育系亲缘关系较近,对于某对引物而言,不育系产生的多态性较少,导致平均 *PIC* 值较低。因此,要准确地鉴定亲缘关系较近的亲本之间的关系,应尽可能在覆盖水稻整个基因组的基础上选择一些多态性好的引物。

本研究中 SSR 分子标记遗传距离与产量及其构成因素的杂种优势之间的相关系数都较小,难以用来准确预测杂种优势。作者认为主要基于以下几个方面的原因:1)由于本研究所用亲本中部分恢复系(如 P 77)的恢复度较差,导致组合结实率偏低,影响了单株产量及其杂种优势。因此,用分子标记遗传距离预测杂种优势常因材料不同而得出不同的结论,甚至完全相反的结论;2)分子标记不受环境的影响,而杂种产量和杂种优势的表现易受环境的影响。同一杂交组合在不同的气候、栽培条件、发病条件下,会有很大差别,因而 SSR 分子标记遗传距离与产量及构成因素杂种优势的相关性就会出现差异。3)众多研究表明,分子标记遗传距离与杂种优势之间的相关与否,与所选材料、所用标记多少、标记与目标性状 QTL 的连锁程度等多种原因有关^[7, 14, 19-21]。本研究中所选择的不育系亲缘关系较近,所选择的 SSR 标记在不育系间的多态性较差。而且本研究与前人的大多数研究一样,只是利用了一套较好地覆盖基因组的随机标记来测算遗传距离,至于是否与杂种优势相关的 QTL 连锁并不清楚,因而没有表现出明显的相关关系。因此,利用本研究所选用的 SSR 标记不能准确预测水稻产量杂种优势。作者认为,利用 SSR 分子标记测定的亲本遗传距离与杂种产量及产量相关性性状的关系在很

大程度上取决于试验材料的组成,根据 SSR 分子标记遗传距离预测杂种优势的效果是有限的,应与其他方法相结合。利用分子标记遗传距离来预测水稻杂种优势尚处于探索阶段,理论上和方法上均未成熟,离育种实践还有一定差距。众多研究表明,增效座位和减效座位^[22]以及增加与杂种优势有关的 QTL 连锁标记位点的绝对数目^[23]可能提高杂种优势的预测能力,但最终解决将依赖杂种优势遗传机理的阐明。

众所周知,在一定范围内,杂种优势的大小主要决定于双亲的遗传差异和性状互补,差异越大,杂种优势越明显。虽然本研究得到的分子标记遗传距离与 F_1 产量之间的相关程度不足以准确预测水稻杂种产量,但在一定程度上能反映出杂种优势的强弱,即在一定范围内,亲本间遗传距离越大,组合杂种优势也相对越强,亲本间遗传距离越小,组合杂种优势也相对越弱。

虽然分子标记遗传距离难以直接预测杂种优势,但是在划分水稻杂种优势群和遗传多样性分析的研究中却有较好的应用。罗小金等^[24]利用 SSR 分子标记将 58 份籼稻材料划分为 3 个类群,结果表明利用 SSR 标记划分籼型水稻杂种优势群是可行的。Wang 等^[25]利用 72 对 SSR 引物对我国 47 个杂交籼稻骨干亲本进行了类群划分,并提出了 7 种杂种优势组合配组模式。李云海等^[26]利用 SSR 分子标记对中国主要杂交水稻亲本进行检测,结果表明,生产上主要应用的不育系遗传背景单一,遗传变异较恢复系小,恢复系和不育系分别聚类于不同的类群,且遗传关系较远。刘炜等^[27]利用 37 对 SSR 引物分析了 72 个不同生态类型粳稻品种的遗传多样性,结果表明 SSR 标记在区分水稻品种生态类型和品种的遗传多样性方面具有重要作用。本研究通过对 30 个亲本材料的聚类分析,结果与系谱分析基本一致,说明利用 SSR 分子标记可以有效地鉴定杂交水稻亲本的亲缘关系。因此,SSR 分子标记与系谱分析相结合,可以进一步完善杂种优势群的划分和品种的遗传多样性研究。

参考文献:

- [1] Lee M, Godshalk E B, Lamkey K R, et al. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. *Crop Sci*, 1989, 29: 1067-1071.
- [2] Smith O S, Smith J S C, Bowen S L, et al. Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F_1

- grain yield , grain yield heterosis and RFLPs . *Theor Appl Genet* , 1990 , 80 : 833-840 .
- [3] Dudley J W , Saghai Maroof M A , Rufener G K . Molecular marker and grouping of parents in maize breeding programs . *Crop Sci* , 1991 , 31 : 718-723 .
- [4] Godshalk E B , Lee M , Lamkey K R . Relationship of restriction fragment length polymorphisms to single cross hybrid performance of maize . *Theor Appl Genet* , 1990 , 80 : 273-280 .
- [5] Melchinger A E , Lee M , Lamkey K R , et al . Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms and heterosis for two tiller sets of maize in breeds . *Theor Appl Genet* , 1990 , 80 : 488-496 .
- [6] Boppenmaier J , Melchinger A E , Brunklaus June E , et al . Genetic diversity for RFLP in European maize in breeds : Relation to performance of flint x dent crosses for forage trait . *Crop Sci* , 1992 , 32 : 895-902 .
- [7] Zhang Q F , Zhou Z Q , Yang G P , et al . Molecular marker heterosis gosity and hybrid performance in indica and japonica rice . *Theor Appl Genet* , 1996 , 93 : 1218-1224 .
- [8] 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 : 637-643 .
- [9] 杨杰, 仲维功, 王才林, 等 . SSR 标记及其在水稻分子生物学研究中的应用 . 金陵科技学院学报, 2004, 20(4) : 34-39 .
- [10] Dellaporta S L , Wood J , Hicks J B . A plant DNA miniprep: Version . *Plant Mol Biol Rep* , 1983 , 1(1) : 19-21 .
- [11] Nei M , Li W . Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease . *Proc Natl Acad Sci USA* , 1979 , 76 : 5269-5273 .
- [12] Rolf F J . NTSYS pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System . Version 1 .80 . New York : Exeter Publication , 1990 .
- [13] Smith J S C , Chin E C L , Shu H , et al . An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L .) : Comparisons with data from RFLPs and pedigree . *Theor Appl Genet* , 1997 , 95 : 163-173 .
- [14] Melchinger A E , Lee M , Lamkey K R , et al . Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms : Relation to estimated genetic effects in maize inbreds . *Crop Sci* , 1990 , 30 : 1033-1040 .
- [15] 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 : 698-700, 704 .
- [16] 张礼霞, 王林友, 张利华, 等 . 用 Rim2 超级家族分子指纹鉴别杂交水稻及预测杂种优势 . 作物学报, 2007, 33(1) : 77-83 .
- [17] 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 .
- [18] 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 .
- [19] 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 , 89 : 185-192 .
- [20] Zhang Q F , Gao Y J , Saghai Maroof M A , et al . Molecular divergence and hybrid performance in rice . *Mol Breeding* , 1995 , 1 : 133-142 .
- [21] Charcosset A , Essioux L . The effect of population structure on relationship between heterozygosity and heterozygosity at marker loci . *Theor Appl Genet* , 1994 , 89 : 336-343 .
- [22] 何光华, 侯磊, 李德谋, 等 . 利用分子标记预测杂交水稻产量及其构成因素 . 遗传学报, 2002, 9(5) : 438-444 .
- [23] Bernardo R . Relationship between single cross performance and molecular marker heterozygosity . *Theor Appl Genet* , 1992 , 83 : 628-634 .
- [24] 罗小金, 贺浩华, 付军如, 等 . 利用 SSR 分子标记划分籼型水稻杂种优势群 . 杂交水稻, 2006, 21(1) : 61-64 .
- [25] Wang S J , Wan J M , Lu Z M . Parental cluster analysis in indica hybrid rice (*Oryza sativa* L .) by SSR analysis . *Acta Agron Sin* , 2006 , 32(10) : 1437-1443 .
- [26] 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 : 171-176 .
- [27] 刘炜, 李自超, 史延丽, 等 . 利用 SSR 标记进行粳稻品种的遗传多样性研究 . 西南农业学报, 2005, 18(5) : 509-513 .