

分子标记遗传效应预测杂交水稻产量性状

查仁明^{1,2}, 杨正林¹, 赵芳明¹, 桑贤春¹, 凌英华¹, 谢戎³, 何光华¹

(¹ 西南大学水稻研究所/农业部西南作物遗传改良与育种重点开放实验室, 重庆 400716;

² 贵州大学农学院, 贵阳 550025; ³ 四川省农业科学院水稻高粱研究所, 泸州 646100)

摘要: 选用 13 个水稻不育系和 19 个恢复系按 NC II 设计配制两套不完全双列杂交组合 151 个, 2005 年分别在重庆和泸州种植, 结合 AFLP 和 SSR 标记位点的遗传效应, 预测 7 个产量性状值。用两套组合 F_1 产量性状对标记多态性位点进行筛选, 获得阳性位点和增效位点及其加性和 (或) 显性效应值, 通过逐步回归构建分子标记遗传效应预测产量性状模型, 并对不同亲本组合 (套间预测) 及固定亲本组合产量性状进行了预测。结果表明: (1) 阳性和增效位点进行套间预测的效果, 绝大多数不理想 (预测值与实际值的相关系数为 $-0.55 \sim 0.45$), 且预测效果不稳定; (2) 阳性和增效位点对第二套固定亲本组合的预测效果相近, 均优于套间预测, 其中对固定恢复系组合的预测好于对固定不育系; (3) 对固定亲本组合大部分产量性状的预测达到较理想水平, 其中增效位点对固定不育系组合结实率、固定恢复系组合有效穗数、阳性位点对固定恢复系组合穗着粒数、单穗重的预测在 0.6 以上。用分子标记遗传效应预测产量性状, 只需少数标记, 应用方便, 特别是对水稻育种亲本选配具有重要指导意义。

关键词: 预测模型; 分子标记; 遗传效应; 产量; 杂交水稻

Prediction of F_1 Yield Using Genetic Effects of Molecular Marker in Indica Rice (*Oryza sativa* L.)

ZHA Ren-ming^{1,2}, YANG Zheng-lin¹, ZHAO Fang-ming¹, SANG Xian-chun¹,

LING Ying-hua¹, XIE Rong³, HE Guang-hua¹

(¹ Rice Research Institute, Southwest University/ Key Lab of Southwest Crop Genetic Improvement and Breeding,

Ministry of Agriculture, Chongqing 400716; ² College of Agriculture, Guizhou University, Guiyang 550025;

³ Rice and Sorghum Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Luzhou 646100)

Abstract: One hundred and fifty-one rice hybrids produced in two sets of half-diallel mating crosses designed according to NC II, planting respectively in Chongqing and Luzhou, Sichuan Province of China in 2005 were used to predict the F_1 performances of seven yield traits through genetic effects of marker loci of AFLP and SSR. Positive loci (PL) and effect-increasing loci (IL) were screened respectively by yield traits of two sets of crosses and their additive or/and dominant effects were used to founded the prediction model for these yield traits. Predictions of yield traits of crosses derived from different parents (prediction between sets) and fixed parents were conducted by the model founded. The results were as follows: (1) Most predictions between sets were not ideal and changeable. The correlations between predictive values and actual ones ranged from -0.55 to 0.45 . (2) The prediction effects of crosses with by PL were similar to those by IL in Set 2, and all better than that of between sets. Predictions of crosses with fixed restorers were more valuable than those of crosses with fixed sterile lines. (3) Most predictions of crosses with fixed parents were relatively better. The predictions by IL of seed setting rate of crosses with fixed sterile lines, panicle number of those of fixed restorers, and those by PL of spikelets per panicle and grain weight per panicle.

收稿日期: 2009-03-07 修回日期: 2009-10-08

基金项目: 国家自然科学基金 (30370865); 国家科技支撑计划 (2006BAD01A01); 重庆市动植物良种创新工程

作者简介: 查仁明, 副教授, 博士, 研究方向为水稻分子育种。E-mail: zrm1966@163.com

通讯作者: 何光华, 教授, 博导, 研究方向为水稻遗传育种与生物技术。E-mail: hegh@swu.edu.cn

cle of crosses with fixed restorers were above 0.6. Because the number of PL and IL in prediction model were much less, the prediction models was conveniently applied and particularly, and it was important for the institute by which the models were founded in parent-selection in breeding.

Key words: Prediction model; Molecular marker; Genetic effect; Yield; Hybrid rice

杂种优势利用已成为作物增产的重要途径,育种中早期有效预测强优势组合可加快育种进程。杂种优势是一种非常复杂的现象,其理论研究滞后于育种实践,至今还没有一种有效、快速、准确的方法预测杂种优势。通过形态指标、生理生化标记等方法预测杂种优势,因受作物生育期、环境和标记有限等因素影响,其预测准确性不高^[1-2]。近年来,预测杂种优势已成为分子标记研究的一个热点。许多学者借助 RFLP、RAPD、AFLP、SSR 等分子标记来研究遗传距离与水稻、玉米、棉花和小麦等作物杂种优势的相关性^[3-7],但不同研究者结论迥异。张启发等^[8-9]提出阳性标记概念,并一度取得较好的效果,但因材料和环境而存在差异^[10]。从阳性位点中区分出增效位点,进一步提高了遗传距离与性状的相关性^[11-12],但对不同亲本组合产量及构成性状预测效果不尽理想。关于分子标记预测杂种优势研究,以往多用遗传距离^[11-12],对标记未赋予权重,不加区分等同对待,势必影响预测效果。赵彦宏等^[13]用

QTL 的遗传效应来估算杂种优势,提出了杂种优势预测新方法。鉴于上述研究,本研究使用重复性好、多态性丰富的 SSR 和 AFLP 两种分子标记、两套籼型杂交水稻组合(NC II 设计),首次在水稻上利用分子标记阳性位点、增效位点的遗传效应,建立数学预测模型,分析对不同亲本组合和部分亲本组合的产量及其构成性状预测的可行性,为杂种优势的准确预测提供新的思路和方法。

1 材料与方法

1.1 材料

选用 32 个水稻亲本(13 个不育系和 19 个恢复系)为试验材料(表 1),由西南大学水稻所提供。2004 年用 32 个亲本按 NC II 设计配制两套不完全双列杂交:第一套,7×10 组合,7 个不育系为 20~26 号,10 个恢复系为 1~10 号;第二套,9×9 组合,9 个不育系为 24~32 号,9 个恢复系为 11~19 号,其中 24~26 号不育系为两套共用。

表 1 两套不完全双列籼型杂交水稻亲本
Table 1 Parents of two sets of half-diallel mating crosses in indica rice

编号 Code	名称 Name	种类 Type	编号 Code	名称 Name	种类 Type	编号 Code	名称 Name	种类 Type	编号 Code	名称 Name	种类 Type
1	N45	R	9	缙恢 35	R	17	测 64	R	25	川香 21A	S
2	缙恢 10	R	10	R2727	R	18	盐恢 559	R	26	缙 2A	S
3	缙恢 34	R	11	绵恢 725	R	19	泸恢 17	R	27	II-32A	S
4	缙恢 33	R	12	蜀恢 527	R	20	缙香 1A	S	28	G46A	S
5	R21	R	13	泰引 1 号	R	21	缙香 2A	S	29	K17A	S
6	R27	R	14	IR661	R	22	绵香 5A	S	30	金 23A	S
7	缙恢 13	R	15	IR26	R	23	Q2A	S	31	绵 5A	S
8	缙恢 12	R	16	明恢 63	R	24	珍汕 97A	S	32	D62A	S

S 和 R 分别代表不育系和恢复系 S: Sterile line; R: Restorer line

1.2 方法

1.2.1 亲本及 F₁ 田间试验 2005 年 3 月 13 日,将 32 个亲本和 151 个杂交组合同时播种在本所(重庆)和四川农科院水稻高粱所(泸州)试验田,4 月 24 日两地同时移栽,随机区组设计,3 次重复,每个小区栽植 4 行,每行 10 株,单本植,20cm×23cm 株行距。成熟时,重庆和泸州每小区取

中间两行靠中部生长一致的 10 株,考查以下产量及其构成性状:有效穗数、穗实粒数、穗着粒数、结实率、千粒重、单穗重和单株粒重共 7 个,计算每个组合的 2 个环境 3 个重复平均值。

1.2.2 分子标记分析 DNA 提取。采用 CTAB 法提取叶片基因组 DNA^[14]。

AFLP 分析。选用 Invitrogen life technologies 的

AFLP® Core Reagent Kit (核心试剂盒) 和 AFLP Small Genome Primer Kit (引物试剂盒), AFLP 分析参照试剂盒说明书。

SSR 分析。SSR 引物序列参照文献[15], 由上海生工生物工程公司合成。除聚丙烯酰胺凝胶浓度为 10% 外, PCR 反应、凝胶电泳及银染等均参照文献[16]的方法。

选择扩增效果好的 31 对 AFLP 引物和 174 对 SSR 引物进行实验, 多态性带按 0/1 法统计。

1.2.3 阳性位点筛选 对各标记位点, 亲本的标记型为 11 (有带) 或 00 (无带)。杂种按该位点在双亲间存在状态的差异性分为 3 组 (三组法筛选): 1/1 组, 该位点在杂交双亲中均出现; 1/0 组, 位点只在一个亲本中出现; 0/0 组, 位点在杂交双亲中均不存在。根据 3 组杂种性状均值差异显著性, 分析可能存在的遗传效应 (加性效应和显性效应), 在不考虑互作的情况下, 杂种各位点的效应可以累加^[17]。阳性位点筛选软件由徐新福提供。

1.2.4 分子标记遗传效应预测产量性状模型的构建 用经筛选获得的阳性位点、增效位点的加性、显性效应和亲本的标记型, 确定每个位点对各杂交组合的遗传效应^[17]。用杂交组合产量性状值, 与作用于相应组合的阳性位点、增效位点的加性和/或显性效应作逐步回归分析, 得到预测模型: $y = X\beta + \varepsilon$ 。

1.2.5 F_1 产量性状预测 不同亲本组合产量性状预测 (套间预测)。利用第 1 套双列杂交组合 F_1 产量性状值和分子标记信息建立模型, 计算第 2 套中亲本完全不同的组合 (54 个) 产量性状 (预测值), 分析预测值与实际值的相关性, 即为第 1 套预测第 2 套; 反之, 为第 2 套预测第 1 套 (40 个亲本完全不同组合)。

第二套亲本部分相同组合产量性状预测。第 2 套组合的恢复系覆盖了早、中、近所有时期, 代表性更强, 因此在进一步探讨模型预测效果时, 只选择了第 2 套组合。对亲本部分相同组合的预测, 包括固定不育系和固定恢复系组合预测两种情况。

固定不育系组合的预测。第 2 套中的 9 个不育系不变化, 用 9×6 (14 ~ 19 号)、 9×6 (11 ~ 13 号, 15 和 18 ~ 19 号) 和 9×6 (11 ~ 14 和 16 ~ 17 号) 组合建立模型, 分别预测 9×3 (11 ~ 13 号)、 9×3 (14 和 16 ~ 17 号) 和 9×3 (15 和 18 ~ 19 号) 组合。计算 3

个预测结果平均值, 作为固定不育系组合预测结果。表 2, 用 d28 ~ d81 号组合构建模型, 预测 d1 ~ d27 号组合, 即 9×6 (14 ~ 19 号) 预测 9×3 (11 ~ 13 号)。

表 2 第 2 套固定不育系组合产量预测示意

Table 2 Prediction of F_1 yield of combinations with fixed sterile lines of Set 2

不育系 Sterile line	恢复系 Restorer line								
	11	12	13	14	15	16	17	18	19
24	d1	d10	d19	d28	d37	d46	d55	d64	d73
25	d2	d11	d20	d29	d38	d47	d56	d65	d74
26	d3	d12	d21	d30	d39	d48	d57	d66	d75
27	d4	d13	d22	d31	d40	d49	d58	d67	d76
28	d5	d14	d23	d32	d41	d50	d59	d68	d77
29	d6	d15	d24	d33	d42	d51	d60	d69	d78
30	d7	d16	d25	d34	d43	d52	d61	d70	d79
31	d8	d17	d26	d35	d44	d53	d62	d71	d80
32	d9	d18	d27	d36	d45	d54	d63	d72	d81

固定恢复系组合预测。与固定不育系组合预测类似, 不同的是 9 个恢复系不变。即用 6 (24 和 27 ~ 31 号) \times 9, 6 (25 ~ 26 和 29 ~ 32 号) \times 9 和 6 (24 ~ 28 和 32 号) \times 9 组合分别建立模型, 预测 3 (25 ~ 26 和 32 号) \times 9、3 (24, 27 ~ 28 号) \times 9 和 3 (29 ~ 31 号) \times 9 组合。

2 结果与分析

2.1 筛选获得位点与预测模型利用位点数量

SSR、AFLP 两类分子标记扩增 32 个亲本获得的多态性位点个数分别为 550、535, 总位点数为 1085, 以 1085 分别除第 1、第 2 套组合 7 个性状筛选得到阳性增效位点的平均值。标记位点筛选结果见表 3。总体来看, 阳性位点和增效位点数量占总位点 (1085) 的比例很低, 两套平均分别为 6.1% 和 2.4%, 说明多数标记位点与性状无关, 位点筛选十分必要。从不同套双列组合来看, 阳性位点数量接近, 而增效位点数量总的来看第 2 套略多于第 1 套; 阳性位点数量因性状差异大, 位点多的性状是结实率 (两套组合平均为 76) 和单穗重 (75) 等, 而单株粒重最少 (51); 增效位点数量在性状上的差异与阳性位点一致, 位点最多和最少的性状分别为结实率 (34.5) 和单株粒重 (18)。

通过逐步回归建立预测模型, 只保留了与性状相关性较大的少数位点, 阳性位点的 17.3% 和

增效位点的 31.0% 用于预测模型(表 3)。从数量来看,用于模型的增效位点(两套均值为 8.1)少于阳性位点(11.4),这与增效位点比阳性位点少有关;预测模型位点数量与性状有关,位点数量最多的性状为结实率和千粒重,少的为单株粒重。另外,不同套间预测模型位点数量也存在差异,如阳性位点预测穗实粒数,第 1 套组合构建的模型使用的位点数量多于第 2 套,而结实率第 1 套少于第 2 套。

表 3 分子标记阳性位点和增效位点数量

Table 3 Number of positive and effect-increasing loci of molecular marker

性状 Trait	筛选获得标记位点 Marker loci screened				预测模型中标记位点 Marker loci in prediction model			
	第 1 套 Set 1		第 2 套 Set 2		第 1 套 Set 1		第 2 套 Set 2	
	PL	IL	PL	IL	PL	IL	PL	IL
有效穗数	63	38	62	23	10	11	13	7
穗实粒数	69	20	66	26	16	9	8	6
穗着粒数	75	22	71	32	11	5	10	9
结实率	82	33	70	36	12	9	15	8
千粒重	70	22	46	17	14	9	13	9
单穗重	64	20	86	39	11	7	10	13
单株粒重	31	8	71	28	11	4	6	7
平均	64.9	23.3	67.4	29.0	12.1	7.7	10.7	8.4

PL 和 IL 分别表示阳性位点和增效位点。下同

PL and IL represent positive loci and effect-increasing loci, respectively. The same as below

2.2 分子标记遗传效应对不同亲本组合产量性状的预测(套间预测)

利用第 1 套产量性状建立预测模型,计算得到第 2 套产量预测值,分析与其实际值的相关性,以及第 2 套对第 1 套的预测值与实际值的相关性见表 4(套间预测)。第 1 套预测第 2 套,阳性位点的预测值与实际值的相关系数在 -0.40~0.48 间变化,7 个性状中 3 个预测达到显著水平,但其中 2 个为负显著,对结实率的预测最好,但也在 0.50 以下,预测效果不太理想;增效位点的预测同样达不到理想的效果(-0.33~0.45),难以在育种中应用。

同样,第 2 套预测第 1 套,两类位点均不理想(阳性位点为 -0.28~0.31 和增效位点为 -0.55~0.38),仅增效位点对千粒重预测为正显著水平。

表 4 阳性和增效位点遗传效应对不同亲本组合产量的预测值与实际值的相关性

Table 4 Correlations of predictive and actual values of F_1 yield of combinations crossed with different parents in two sets of crosses by genetic effects of PL and IL

性状 Trait	第 1 套 Set 1		第 2 套 Set 2	
	PL	IL	PL	IL
有效穗数	-0.15	-0.16	0.31	-0.04
穗实粒数	-0.30*	-0.29*	-0.28	-0.20
穗着粒数	0.25	0.21	-0.03	-0.55**
结实率	0.48**	0.45**	-0.03	-0.05
千粒重	-0.40**	-0.01	0.13	0.38*
单穗重	0.05	-0.33*	-0.21	-0.15
单株粒重	0.10	-0.14	-0.07	0.26
平均	0	-0.04	-0.03	-0.05

*,** 分别表示预测相关性达 5% 和 1% 显著水平。下同

* and ** represent significant at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively. The same as below

2.3 分子标记遗传效应对固定亲本组合产量性状预测

对第 2 套固定不育系组合的产量进行预测,两类位点预测效果比套间有一定提高,其预测水平在 -0.31~0.47,平均 0.26,仅对单穗重的预测为负,其中预测效果较好的性状为结实率(阳性和增效位点分别为 0.59 和 0.73),对其余性状的预测在 0.5 以下(表 5)。

对固定恢复系的预测(表 5),两类位点效果均好于固定不育系组合,分别达到 0.49 和 0.47。两类位点预测的效果总体接近,其中,阳性位点对穗着粒数和单穗重,增效位点对有效穗数的预测在 0.6 以上;阳性位点对有效穗数和穗实粒数的预测达到 0.5 以上;增效位点对穗实粒数、穗着粒数和单穗重的预测在 0.5 以上。两类位点对千粒重和单株粒重的预测均较差。阳性位点对固定恢复系 81 个组合单株产量的预测显示,最好的组合为缙 2A/明恢 63(41.8),以下依次为缙 2A/IR26、绵 5A/盐恢 559、金 23A/泸恢 17、金 23A/明恢 63、金 23A/蜀恢 527、金 23A/绵恢 725 和川香 30A/泰引 1 号(39.7),其中绵 5A/盐恢 559、金 23A/蜀恢 527、金 23A/明恢 63 和缙 2A/明恢 63 实际值分别为 48.0、42.6、41.2 和 40.6,在 81 个组合中分别排名 1、4、10、13,为本研究所预测,对其余 4 个组合预测效果则较差。

表 5 阳性和增效位点遗传效应对第 2 套固定亲本组合产量的预测值与实际值的相关性
Table 5 Correlations of predictive and actual values of F_1 yield of combinations crossed with fixed parents in Set 2 crosses by genetic effects of PL and IL (prediction of fixed parents crosses)

性状 Trait	固定不育系组合预测 Prediction of crosses with fixed sterile lines		固定恢复系组合预测 Prediction of crosses with fixed restorers	
	PL	IL	PL	IL
有效穗数	0.05 ± 0.23	0.04 ± 0.26	0.58 ± 0.19 **	0.69 ± 0.07 **
穗实粒数	0.46 ± 0.38 *	0 ± 0.33	0.54 ± 0.18 **	0.58 ± 0.05 **
穗着粒数	0.19 ± 0.30	0.19 ± 0.28	0.64 ± 0.19 **	0.50 ± 0.19 **
结实率	0.59 ± 0.22 **	0.73 ± 0.12 **	0.37 ± 0.15	0.49 ± 0.09 **
千粒重	0.35 ± 0.32	0.33 ± 0.25	0.16 ± 0.41	0.18 ± 0.27
单穗重	-0.31 ± 0.42	0.25 ± 0.50	0.66 ± 0.06 **	0.51 ± 0.13 **
单株粒重	0.48 ± 0.08 *	0.30 ± 0.20	0.47 ± 0.04 *	0.30 ± 0.19
平均	0.26	0.26	0.49	0.47

2.4 增效位点预测固定恢复系组合有效穗数模型

利用分子标记遗传效应对亲本部分相同组合部分性状的预测达到了较高的水平。以增效位点对固定恢复系组合有效穗数的预测为例对模型进行说明。该模型方程相关系数为 0.88, 预测值与实际值的相关系数为 0.69。

$$Y = 7.2944 + 0.3535X_1 + 0.2112X_2 + 0.3514X_3 + 1.2426X_4 + 0.5873X_5 + 0.4527X_6 + 0.5295X_7$$

此模型可以预测与绵恢 725、蜀恢 527、泰引 1 号、IR661、IR26、明恢 63、测 64、盐恢 559 和泸恢 17 等 9 个恢复系配制的杂交组合的有效穗数, 模型参数见表 6。

表 6 增效位点预测模型参数 (固定恢复系组合有效穗数)
Table 6 Parameter of prediction model founded by effect-increasing loci of SSR and AFLP for panicle number of combinations with fixed restorers

因子 Factor	预测位点 Loci in prediction model	杂交组合标记效应 Marker-effect of hybrid		
		1/1 (a)	1/0 (d)	0/0 (-a)
X1	RM1358-2	0	0.9361	0
X2	RM2326-2	-1.1909	0.26	1.1909
X3	RM11-3	0	0.949	0
X4	RM3428-1	0	0.3811	0
X5	E-TA/M-CAC-13	0	1.7357	0
X6	E-TT/M-CAA-10	-1.0899	0.1074	1.0899
X7	E-TC/M-CAA-14	0	0.6745	0

其中 X1、X2 等为杂交组合在相应位点的标记遗传效应(组合的标记型为 1/1、1/0 或 0/0 三者之一, 相对应的标记遗传效应分别为加性效应 a、显性效应 d 和加性效应 -a)。

3 讨论

杂种优势是一个非常复杂的生物学现象, 对杂种优势机理的研究已近一个世纪但仍未能解决, 对杂种优势预测还存在一定的盲目性。亲本一般异质性与杂种优势的关系, 除少数研究认为高度相关外^[18], 多数研究认为不相关, 或相关但决定系数小,

不足以用于预测^[19-20]; 而特殊异质性与杂种优势的相关性得到显著提高, 其中基于增效位点的特殊异质性与性状有很好的相关性^[11-12]。本研究表明, 用分子标记遗传效应建立的预测模型, 对亲本完全不同的组合产量构成性状预测效果不理想, 且因材料和性状不同, 结果差异较大, 这与遗传距离预测杂种优势的研究结果一致。但进一步对亲本部分相同组合产量构成性状进行预测, 效果较理想, 部分达到 0.6 以上, 说明预测模型可以在一定材料范围内指导育种中亲本的选配。

本研究只能预测部分性状, 对最重要的产量性

状(单株粒重)还不能预测,对亲本完全不同组合所有产量构成性状预测效果差。原因可能有以下几方面:(1)分子标记的机理还不清楚。目前认为显性、超显性、加性和上位性作用等均对杂种优势有重要贡献^[21-24],而本研究仅考虑了标记的显性效应和加性效应,如何考虑其他遗传效应和/或结合其他预测方法来提高预测效果,有待进一步研究。(2)性状受环境的影响大。环境影响性状的表现,从而影响到用性状来筛选的阳性标记的性质和数量,导致预测效果不尽理想。如产量性状(单株粒重),因其遗传组成更为复杂、更易受环境的影响,在本研究中预测效果差。(3)Bernardo^[25]认为,要获得较高的相关性,所使用的分子标记中至少有30%~50%与产量相关的QTL连锁,并且最多只有20%~30%的分子标记是随机分布或不与产量QTL连锁。本研究通过标记位点筛选和逐步回归得到的少数预测标记位点,这些标记与目前报道QTL位点是否连锁?为此,对效果最好的预测固定恢复系组合有效穗数模型中的4个SSR标记进行了分析(AFLP标记还无法分析),仅RM11可能与李建雄等^[26]报道的QTL位点(M1789-RM18)连锁。为了提高预测效果,在检测亲本的遗传差异时应多选自QTL连锁的标记。

在预测模型的验证中,部分模型对亲本组合产量性状的预测值和实际值间存在偏差。对此问题的解决,可以在实际预测中克服,即在预测未知组合的产量值时,加入部分已知产量的组合,用预测值和已知实际值的偏差来调整未知产量组合的产量预测值。用分子标记遗传效应预测杂种优势是一种很有意义的思路,它比遗传距离预测有更大的优势(预测需要的标记位点很少)(表3),这不仅排除了部分干扰位点,而且在育种中应用的可行性更强,预测成本更低。随着作物基因组功能研究的全面展开,以及分子标记技术和QTL分析方法的不断深入^[27],作物杂种优势的研究必将倍受重视,并可望取得突破性的研究进展。

参考文献

- [1] 许如根,吕超,祝丽,等.大麦杂种F₁的表现及其与亲本的相关性研究[J].扬州大学学报(农业与生命科学版),2004,25(3):42-46
- [2] 张锡顺,杨建国,杨若蕊,等.蓖麻数量性状遗传距离与杂种优势关系的研究[J].中国农业科学,2006,39(3):633-640
- [3] 蔡健,兰伟.利用AFLP分子标记预测水稻杂种优势[J].作物学报,2005,31(4):526-528
- [4] 吴敏生,戴景瑞.AFLP标记与玉米杂种产量、产量杂种优势的预测[J].植物学报,2000,42(6):600-604
- [5] 武耀廷,张天真,朱协飞,等.陆地棉遗传距离与杂种F₁、F₂产量及杂种优势的相关分析[J].中国农业科学,2002,3(10):22-28
- [6] 吴卫,郑有良,魏育明,等.利用SSR标记分析小麦强优势组合亲本遗传差异[J].西南农业学报,2002,15(3):1-6
- [7] 黄益勤,徐尚忠,李建生.RFLP分子标记杂合性与玉米F₁产量性状相关的研究[J].中国农业科学,2006,39(10):1962-1966
- [8] Zhang Q F, Gao Y L, Yang S H, et al. A diallel analysis of heterosis in elite hybrid rice based on RFLPs and microsatellite[J]. Theor Appl Genet, 1994, 89:185-192
- [9] Zhang Q F, Gao Y J, Saghai Maroof M A, et al. Molecular divergence and hybrid performance in rice[J]. Mol. Breed, 1995, 1: 133-142
- [10] 李玉玲,张亚丽.利用SSR标记研究南斯拉夫玉米自交系遗传变异及杂种优势群预测[J].云南农业大学学报,2004,19(6):627-634
- [11] Zha R M, Ling Y H, Yang Z L, et al. Prediction of hybrid grain yield performances in indica rice (*Oryza sativa* L.) with effect-increasing loci[J]. Mol. Breed, 2008, 22:467-476
- [12] 卢瑞,杨正林,赵芳明,等.分子标记增效座位在不同生长环境下预测籼型杂交稻籽粒外观性状的效应[J].分子植物育种,2008,6(1):41-48
- [13] 赵彦宏,朱军,徐海明,等.基于QTL定位的水稻有效穗数杂种优势预测[J].中国水稻科学,2007,21(4):350-354
- [14] Murray M G, Thompson W F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA[J]. Nucleic Acid Res, 1980, 8:4321-4325
- [15] McCouch S R, Teytelman L, Xu Y B, et al. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.) [J]. DNA Res, 2002, 9:199-207
- [16] 罗洪发,杨正林,钟秉强,等.外源DNA导入水稻后代变异性的SSR分析[J].中国农学通报,2005,21(7):28-30,381
- [17] 李加纳,唐章林,谌利.数量遗传学概论[M].重庆:西南师范大学出版社,1995:5-8
- [18] Melchinger A E, Boppenmaier J, Dhillon B S, et al. Genetic diversity for RFLPs in European maize inbred; II. Relation to performance of hybrids within versus between heterosis groups for forage traits[J]. Theor Appl Genet, 1992, 84:672-681
- [19] 崔国惠,倪中福,吴利民,等.小麦杂种优势群研究 V. 微卫星分子标记遗传距离与普通小麦和斯卑尔脱小麦种间杂种优势的关系[J].麦类作物学报,2002,22(1):5-9
- [20] 沈金雄,傅廷栋,杨光圣.甘蓝型油菜 SSR、ISSR 标记的遗传多样性及其与杂种表现的关系[J].中国农业科学,2004,37(4):477-483
- [21] Xiao J H, Li J M, Yuan L P, et al. Dominance is the major genetic basis of heterosis in rice as revealed by QTL analysis using molecular markers[J]. Genetics, 1995, 140:745-754
- [22] Stuber C W, Lincoln S E, Wolff D W, et al. Identification of genetic factors contributing to heterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular markers[J]. Genetics, 1992, 132:823-839
- [23] Cao G Q, Zhu J, He C X, et al. QTL analysis for epistatic effects and QTL × environment interaction effects on final height of rice (*Oryza sativa* L.) [J]. 遗传学报, 2001, 28(2):135-143
- [24] Yu S B, Li J X, Xu C G, et al. Importance of epistasis as the genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid[J]. PNAS, 1997, 94:9226-9231
- [25] Bernardo R. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity [J]. Theor Appl Genet, 1992, 83:628-634
- [26] 李建雄,余四斌,斌才国,等.“汕优63”的产量及其构成因子的数量性状基因位点分析[J].作物学报,2000,26(6):892-898
- [27] 康乐,徐建龙.水稻产量相关QTL研究现状.植物遗传资源学报,2008,9(4):545-550

作者: [查仁明](#), [杨正林](#), [赵芳明](#), [桑贤春](#), [凌英华](#), [谢戎](#), [何光华](#)
作者单位: [查仁明\(西南大学水稻研究所/农业部西南作物遗传改良与育种重点开放实验室, 重庆, 400716; 贵州大学农学院, 贵阳, 550025\)](#), [杨正林, 赵芳明, 桑贤春, 凌英华, 何光华\(西南大学水稻研究所/农业部西南作物遗传改良与育种重点开放实验室, 重庆, 400716\)](#), [谢戎\(四川省农业科学院水稻高粱研究所, 泸州, 646100\)](#)
刊名: [植物遗传资源学报](#) **ISTIC PKU**
英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)
年, 卷(期): 2010, 11(1)

参考文献(27条)

1. Yu S B; Li J X; Xu C G [Importance of epistasis as the genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid](#) 1997
2. Cao G Q; Zhu J; He C X [QTL analysis for epistatic effects and QTL x environment interaction effects on final height of rice \(Oryza sativa L.\)](#) [期刊论文] - [遗传学报](#) 2001(02)
3. Stuber C W; Lincoln S E; Wolff D W [Identification of genetic factors contributing to heterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular markers](#) 1992
4. 张锡顺; 杨建国; 杨若茜 [蓖麻数量性状遗传距离与杂种优势关系的研究](#) [期刊论文] - [中国农业科学](#) 2006(03)
5. 许如根; 吕超; 祝丽 [大麦杂种F₁的表现及其与亲本的相关性研究](#) [期刊论文] - [扬州大学学报\(农业与生命科学版\)](#) 2004(03)
6. Zhang Q F; Gao Y J; Saghai Maroof M A [Molecular divergence and hybrid performance in rice](#) 1995
7. Zhang Q F; Gao Y L; Yang S H A [diallel analysis of heterosis in elite hybrid rice based on RFLPs and microsatellite](#) 1994
8. 黄益勤; 徐尚忠; 李建生 [RFLP分子标记杂合性与玉米F₁产量性状相关的研究](#) [期刊论文] - [中国农业科学](#) 2006(10)
9. 吴卫; 郑有良; 魏育明 [利用SSR标记分析小麦强优势组合亲本遗传差异](#) [期刊论文] - [西南农业学报](#) 2002(03)
10. 武耀廷; 张天真; 朱协飞 [陆地棉遗传距离与杂种F₁、F₂产量及杂种优势的相关分析](#) 2002(10)
11. 吴敏生; 戴景瑞 [AFLP标记与玉米杂种产量、产量杂种优势的预测](#) [期刊论文] - [植物学报](#) 2000(06)
12. 蔡健; 兰伟 [利用AFLP分子标记预测水稻杂种优势](#) [期刊论文] - [作物学报](#) 2005(04)
13. 康乐; 徐建龙 [水稻产量相关QTL研究现状](#) [期刊论文] - [植物遗传资源学报](#) 2008(04)
14. 李建雄; 余四斌; 徐才国 [“汕优63”的产量及其构成因子的数量性状基因位点分析](#) [期刊论文] - [作物学报](#) 2000(06)
15. Bernardo R [Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity](#) 1992
16. Xiao JH; Li JM; Yuan LP [Dominance is the major genetic basis of heterosis in rice as revealed by QTL analysis using molecular markers](#) 1995
17. 沈金雄; 傅廷栋; 杨光圣 [甘蓝型油菜SSR、ISSR标记的遗传多样性及其与杂种表现的关系](#) [期刊论文] - [中国农业科学](#) 2004(04)
18. 崔国惠; 倪中福; 吴利民 [小麦杂种优势群研究 V. 微卫星分子标记遗传距离与普通小麦和斯卑尔脱小麦种间杂种优势的关系](#) [期刊论文] - [麦类作物学报](#) 2002(01)
19. Melchinger A E; Boppenmaier J; Dhillon B S [Genetic diversity for RFLPs in European maize inbred: II. Relation to performance of hybrids within versus between heterosis groups for forage traits](#) 1992
20. 李加纳; 唐章林; 谌利 [数量遗传学概论](#) 1995

21. [罗洪发;杨正林;钟秉强](#) [外源DNA导入水稻后代变异性的SSR分析](#)[期刊论文]-[中国农学通报](#) 2005(07)
22. [McCouch S R;Teytelman L;Xu Y B](#) [Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice\(Oryza sativa L.\)](#) 2002
23. [Murray M G;Thompson W F](#) [Rapid isolation of high molecular weight plant DNA](#) 1980
24. [赵彦宏;朱军;徐海明](#) [基于QTL定位的水稻有效穗数杂种优势预测](#)[期刊论文]-[中国水稻科学](#) 2007(04)
25. [卢瑶;杨正林;赵芳明](#) [分子标记增效座位在不同生长环境下预测籼型杂交稻籽粒外观性状的效应](#)[期刊论文]-[分子植物育种](#) 2008(01)
26. [Zha R M;Ling Y H;Yang Z L](#) [Prediction of hybrid grain yield performances in indies rice\(Oryza sativa L.\)with effect-increasing loci](#) 2008
27. [李玉玲;张亚丽](#) [利用SSR标记研究南斯拉夫玉米自交系遗传变异及杂种优势群预测](#)[期刊论文]-[云南农业大学学报](#) 2004(06)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201001013.aspx