

贵州 70 份玉米自交系的 SSR 标记遗传多样性及其杂种优势群分析

杨文鹏^{1,2}, 关琦³, 杨留启¹, 王伟¹, 张文龙⁴, 祝云芳¹, 潘敏娜¹, 沈建华¹, 赵致³

(¹贵州省旱粮研究所, 贵阳 550006; ²贵州省农业科学院/贵州省农业生物技术重点实验室, 贵阳 550006;

³贵州大学农学院, 贵阳 550025; ⁴贵州省种子总站, 贵阳 550001)

摘要:从 251 个 SSR 标记中筛选出均匀分布在玉米基因组上的 88 个 SSR 标记, 用以分析评价贵州省 2000 年以来 47 个审定品种的 70 份亲本材料的遗传多样性。SSR 标记检测的结果: 88 个标记共检测出 466 个等位基因, 每个标记可检测等位基因 2~18 个, 平均为 5.31 个; 每个标记位点的多态性信息量 (PIC) 变化为 0.213~0.965, 平均为 0.586, 这表明贵州玉米自交系具有较为丰富的遗传多样性。POPTREE 聚类分析结果: 70 份自交系分为 I、II 和 III 类群。I 类群含 8 个自交系, 以瑞德和兰卡斯特等温带种质为主。II 类群有 11 个自交系, 以 PN78599、瑞德和兰卡斯特等温带种质为主。III 类群拥有 51 个自交系, 可分为 A 和 B 2 个亚群, B 亚群还可再分为 B1 和 B2 2 个次亚群, A 亚群中的 10 个系以我国地方温带种质为主, B1 次亚群中的 19 个系以贵州地方亚热带种质为主, B2 次亚群中的 22 个系以泰国苏湾热带种质为主。杂种优势利用分析的结果表明, 贵州近些年在玉米育种中, 主要是利用贵州地方亚热带种质和泰国苏湾热带种质 2 个杂种优势群, 这与其多态位点百分率较高有关, 与其群内 SSR 位点的平均等位基数较多有关。贵州玉米育种利用的种质类型较少, 有必要加强玉米种质的扩增、改良与创新研究。

关键词: 自交系; SSR 标记; 遗传多样性; 杂种优势群; 玉米

Genetic Diversity and Heterotic Group of 70 Maize Inbred Lines in Guizhou by SSR Marker

YANG Wen-peng^{1,2}, GUAN Qi³, YANG Liu-qi¹, WANG Wei¹, ZHANG Wen-long⁴,
ZHU Yun-fang¹, PAN Min-na¹, SHEN Jian-hua¹, ZHAO Zhi³

(¹ Guizhou Institute of Upland Food Crops, Guiyang 550006; ² Guizhou Key Laboratory of Agricultural Biotechnology/

Guizhou Academy of Agricultural Sciences, Guiyang 550006; ³ Agronomic college, Guizhou University,

Guiyang 550025; ⁴ Guizhou General Seed Station, Guiyang 550001)

Abstract: Genetic diversity of 70 parental inbred lines of 47 maize hybrids authorized in Guizhou province since 2000 was analyzed by using 88 simple repeat sequence (SSR) markers equably distributed in genome and screened from 251 SSR markers through whole genome. 466 alleles were detected across 88 SSR loci; 5.31 (2–18) per locus, averagely. The average polymorphic information content (PIC) was 0.586 (0.213–0.965) per locus. All above showed that the genetic diversity of inbred lines tested was relatively plentiful. The 70 inbreds could be classified into three groups by POPTREE software (Windows version). The 1st Group included 8 inbred lines mainly with temperate germplasm of Reid, Lancaster, etc.. The 2nd Group had 11 inbreds mainly with temperate germplasm of PN78599, Reid, Lancaster, etc.. The 3rd Group possessed 51 lines, and could be sorted into A and B sub-group which the latter could be divided into B1 and B2 sub-sub-groups. A Sub-group with 10 lines had chiefly temperate local germplasm. B1 Sub-sub-group with 19 lines bore basically sub-tropical local germplasm of Guizhou, and B2 Sub-sub-group with 22 lines tropical Suwan germplasm from Suwan Farm in Thailand. Analysis of hybrid vigor utilization indicated that two heterotic groups of B1 and B2 were principally applied to maize breeding in Guizhou during

收稿日期: 2010-03-01 修回日期: 2010-11-16

基金项目: 贵州省科技计划项目 (黔科合 NY 字 [2005] 3021); 国家科技支撑计划项目 (2007BAD59B00)

作者简介: 杨文鹏, 博士, 研究员, 从事玉米分子遗传学与育种研究。E-mail: ywpmaize@126.com

the recent decade, relating to high percentage of polymorphic loci and allelic mean number of SSR loci within B1 and B2. It is necessary to reinforce researches of germplasm enhancement, improvement and innovation in that the less of germplasm types used in Guizhou.

Key words: Inbred line; SSR; Genetic diversity; Heterotic group; Maize

玉米育种水平取决于种质资源的创新程度及对种质资源的了解深度和应用广度。丰富的玉米种质资源是产生杂种优势的基本条件,而种质遗传基础狭窄是困扰玉米育种的一大难题。因此,种质遗传多样性的研究可以为充分利用玉米种质资源、提高玉米育种水平和效率服务。我国育种家利用传统的方法,根据玉米种质的系谱来源、主要经济性状的配合力和杂种优势表现等方面,对玉米种质基础进行了系统研究^[1-3],划分了杂种优势类群。但对于一些系谱来源不清晰的材料,根据田间表型性状很难对其进行较为准确的杂种优势群划分,同时利用田间杂种的优势表现划分杂种优势类群耗时长,工作量大,效率低。

近年来,分子标记技术的飞速发展在分子水平上研究玉米的遗传多样性提供了新的手段。随着玉米 SSR 引物的大量开发和应用,SSR 标记技术已经被广泛用于玉米种质遗传多样性的研究。利用 SSR 标记和适合的标准测验种还可以有效地将不同来源的自交系划分到相应的种质类群,对划分杂种优势群有重要参考价值。Zheng 等^[4]利用 SSR 标记对中国和美国各 18 个自交系进行了遗传多样性分析以及杂种优势类群划分,发现 25.5% 和 19.8% 的等位基因在中国和美国的自交系中是特异的,并认为两国的玉米自交系中存在着丰富的遗传多样性。Liu 等^[5]利用 SSR 标记对来自北美、南非、泰国以及国际玉米小麦改良中心(CIMMYT)和国际热带农业研究所(IITA)提供的 260 个温带、热带和亚热带自交系进行了遗传多样性以及遗传结构分析,在 93 个微卫星位点总共识别到 2039 个等位基因,系统聚类结果与系谱来源基本一致,发现热带和亚热带自交系较温带自交系有更丰富的遗传多样性。孙友位等^[6]和 Xie 等^[7]利用 SSR 标记对国内的一些玉米自交系进行了遗传多样性研究,并划分了杂种优势类群,取得了良好效果。吴渝生等^[8]、Liu 等^[9]和刘世建等^[10]利用 SSR 标记分别对云南、四川和重庆的玉米地方品种进行了遗传多样性研究,为地方品种的利用提供了良好的依据。许洛等^[11]利用 116 个 SSR 标记研究不同来源的 5 个同名玉米

骨干自交系的遗传同一性和遗传差异,聚类分析结果表明,在供试自交中,除丹 340 和自 330 的同名材料在聚类时互有交叉外,其余 3 个材料的同名自交系能很好地聚为一类,且遗传相似系数很高。

近年来,对于贵州玉米的遗传多样性也有报道,姚启伦等^[12-13]对分别来自云南、贵州、四川和重庆的各 15 个玉米地方品种群体进行了遗传多样性分析,结果表明云、贵、川和渝的玉米地方品种在 DNA 分子水平表现出较高的遗传变异。聂琼等^[14]利用 SSR 标记分析了贵州常用玉米自交系的遗传多样性,将 35 个自交系划分为 7 个类群,贵州地方玉米种质被划分到不同类群中。邱红波等^[15]利用 SSR 标记分析了贵州 36 个玉米主要自交系的遗传多样性,SSR 分子标记将其划分为 5 组,与系谱分析结果基本一致。

本研究利用 SSR 分子标记技术,对贵州省 2000 年以来审定的 47 个玉米品种的 70 份亲本自交系进行遗传多样性分析,并结合育成品种进行杂种优势群分析,以期为这些亲本材料的遗传改良和育种应用提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

从贵州省 2000 年以来审定的玉米品种中,选择贵州省安顺市、贵阳市、六盘水市、遵义市、毕节地区、黔西南布依族苗族自治州等玉米主产区的育种单位(包括科研院所和种子企业)育成并在生产上应用的品种,征集其亲本自交系。共征集到前述育种单位育成的 47 个品种的亲本自交系 70 份,其中 5 个品种有 3 个只征集到母本自交系、有 2 个只征集到父本自交系。征集到亲本品种及其亲本自交系,包含黄粒玉米、白粒玉米、普通玉米、高赖玉米、糯玉米、甜玉米等类型,基本上可代表贵州省主要玉米育种单位育成的品种和利用的玉米自交系。自交系的名称和来源见表 1。

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取 取幼苗叶片按照 CTAB 法分离提取 DNA;紫外分光光度计检测 DNA 浓度和质量后,将 DNA 样品浓度稀释至 50ng/ μ l, -20℃ 下保存备用。

表 1 供试玉米自交系的名称及来源

Table 1 The name and origin of maize inbreds used in the study

编号 Code	名称 Name	来源 Origin	编号 Code	名称 Name	来源 Origin
1	苏 37	Suwan 1 号群体	36	W3168	5311 (贵州晴隆五穗白选系) 变异株
2	交 51	贵州长顺五穗白	37	S3123	苏 11 × Mo17
3	96-132	(Q53 × Q82) × 7922	38	美 22	美国杂交种
4	苏 65	Suwan 1 号群体	39	素 3342	Suwan 5 号群体
5	1441	修文黄玉米-52 × 兴黄单 89-2 (5311 × 苏 11)	40	B4211	B6 × 抗 4
6	78-002	Mo17 × 泰国那空沙旺	41	素 341	Suwan 5 号群体
7	D902	美国先锋公司杂交种 PN78599	42	苏糯 32	苏玉 (糯) 1 号 (通系 5 × 衡白 522)
8	P156	美国杂交种 93020 × 外引系 919	43	糯白 1	贵州糯玉米农家种
9	4011	黄早 4 × 525	44	筑 S37-97	S37
10	QB48	苏湾 3 号群体	45	SL97-6	自 330 × 鲁单 50
11	J106	美国杂交种 3245	46	综早选 807	杂交种垦粘 1 号、烟单 5 号、渝糯 2 号和外引地方种中甸白糯、吉糯
12	93-63	Reid 种质 478	47	C11-4	贵州岑巩白糯
13	Q102	Suwan1 号群体	48	C3-1 × C3-141 (互为姊妹系)	贵州岑巩白糯
14	太系 19/α2	引自山西省农科院	49	遵三糯 31	贵州遵义糯玉米与自 330 杂交
15	QB39	苏湾 3 号群体	50	C11-3	贵州岑巩白糯
16	食枣-1	河南食枣	51	金矮糯 70	贵州金沙白糯
17	CML319	CIMMYT 亚热带种质	52	YSu934	云南省农科院甜玉米综合种
18	QB44	苏湾群体	53	GQ923	贵州省原农干院甜玉米 × 贵州花溪综甜玉米
19	S611	Suwan 5 × S11	54	素 33411	苏湾 5 号群体
20	WSJ	53 × 交 51	55	1251122	贵州地方种 × 自 330
21	齐 205/α2	(雌矮 141 × 中系 017/α2) S3 × Pob70	56	3340	美国 33R87 × 丹 340
22	B7	贵州地方种毕 7	57	78599-141	美国先锋公司杂交种 PN78599 选系
23	168	大 19 变异株	58	T81-4	78599-141 × S37
24	砂黄 1B	贵州毕节地方品种	59	混选 1-4	贵州务川白糯、桐梓白糯、岑巩白糯、晴隆白糯、大方红芯白糯、瓮安白糯
25	99-8-2	赞比亚 (热带, 高原)	60	H52	衡白 52 分离出的糯质
26	六苏	苏 37 的变异株	61	97178	CIMMYT 杂交种
27	D6361	Mo17 亚群天然杂株	62	Y174	许 052 × 铁 21
28	西 1	78599-141 天然杂株	63	BS37	S37 与亚热带玉米种质天然杂交
29	六苏 37 × S37 (互为姊妹系)	苏湾群体	64	毕 331	木 6 × 木 4 (兰卡斯特种质)
30	糯-1	贵州独山白糯与兰卡斯特种质的杂交	65	3340-2	美国杂交种 33R87 × 丹 340
31	南糯白	热带种质改良的温带瑞德糯质系	66	S22-1	贵州金沙白粒种与黄粒温带种的天杂种
32	019	苏 37 × 苏 11	67	8702	成单 18 号 [698-3 (美国玉米带种质为基础材料选系) × 齐 205]
33	140	贵州本地白粒种 × 外地白粒种	68	L9665	(L961 × 65232A) × 5003
34	WX213346	5003 × 贞丰 20	69	K163	美国先锋公司杂交种 PN78599 选系
35	S3241	Suwan1 号群体	70	123	原武 02 × 齐 31

1.2.2 SSR 标记分析 SSR 标记的 PCR 扩增引物,根据 MaizeGDB 网站公布的序列,由上海捷瑞生物工程有限公司合成。PCR 扩增反应体系为 20 μ l,其中 1 \times Buffer,25mmol/L Mg²⁺,150 μ mol/L dNTP,0.3 μ mol/L SSR 引物,0.75 单位 Taq DNA 聚合酶,50ng DNA 模板。反应液上加盖 1 滴矿物油。PCR 反应过程:93 $^{\circ}$ C 预变性 1min,1 个循环;93 $^{\circ}$ C 变性 1min,58 $^{\circ}$ C 退火 2min,72 $^{\circ}$ C 延伸 2min,共 30 个循环;最后于 72 $^{\circ}$ C 延伸 5min。PCR 扩增产物经 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,硝酸银染色显带。在相同迁移率位置上的条带,有带记为 1,无带记为 0。在进行统计分析时,再转换成适用于软件的数据格式。

1.2.3 统计分析 利用 CERVUS2.0 软件,计算基因频率和多态信息量(PIC)。基于分子标记数据的遗传距离计算,最常用的方法之一是 Nei and Li 法。POPTREE 软件是根据微卫星 DNA 位点的等位基因频率数据,计算 Da 距离(modified Cavalli-Sforza distance)^[16],用 neighbor-joining 方法构建种系发生树。因此,本研究用 POPTREE 软件进行聚类分析。多态位点百分率(p)按下式计算: $p = l/T \times 100\%$,式中: l 为小群体(或个体)观察到的多态性位点数, T 为大群体内所观察到的多态性位点总数^[17]。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记的遗传多态性

从玉米基因组 251 个 SSR 标记中筛选出多态性好、检测效果好的 88 个 SSR 标记。它们均匀分布于玉米 10 条染色体上。在 70 个自交系中,这些标记共检测出 466 个等位基因,每个标记可检测 2~17 个,平均为 5.31 个。每个 SSR 位点的多态信息量(PIC)变幅为 0.213~0.965,平均为 0.586,其中标记 bnlg1194 位点最大为 0.965,umc1271 位点最小为 0.213(表 2)。

PIC 是衡量 DNA 标记座位变异程度高低的重要指标。当某 DNA 标记座位 $PIC > 0.5$ 时,表明其为高度多态座位;0.25 < $PIC < 0.5$ 时,为中度多态座位; $PIC < 0.25$ 时,为低度多态座位。DNA 标记位点的平均 PIC 值,可被用来估算群体的遗传多样性水平,群体的平均 PIC 值越高,表明群体的 DNA 标记位点变异程度越高,群体的遗传多样性越丰富^[18-19]。本研究中,70 个自交系的 88 个 SSR 位点的平均 PIC 值为 0.586,表明贵州玉米自交系具有较为丰富的遗传多样性。

2.2 SSR 标记聚类分析

由图 1 可见,70 个自交系明显地被聚成三大类群。I 类群包括 3340 等 8 个自交系,II 类群包括 78-002 等 11 个自交系,III 类群包括六苏等 51 个自交系。其中,III 类群又可分为 A 和 B 2 个亚群,分别含 10 个和 41 个自交系;B 亚群又可再分为 B1 和 B2 2 个次亚群,分别有 19 和 22 个自交系。

I 类群中,3340、3340-2、123、Y174、毕 331 源于温带种质;综早选 807 主要含温带种质,带有西南地方种质;1251122 含有温带和贵州地方种质;97178 源于国际玉米小麦改良中心种质(表 1,图 1)。可见,该群主要源于温带种质,含瑞德、兰卡斯特、旅大红骨种质,带有西南地方种质和国际玉米小麦改良中心种质。

II 类群中,P156、8702、L9665、美 22 来源于温带材料,WX213346 含有温带和贵州地方种质,齐 205/o2 具有温带和亚热带种质血缘,78-002 含有温带和热带种质,K163 和 78599-141 源于遗传基础丰富并含有亚热带和热带种质的 PN78599,西 1 和 T81-4 也主要源于 PN78599(表 1,图 1)。可见,该群主要源于温带种质,含有瑞德、78599(P 群)、兰卡斯特种质,含有亚热带、热带和地方种质。

III 类群中,包括 51 份亲本自交系,涉及的种质类型较多,因此将其分割为 A 和 B 2 个亚群,以便进行分析;同理,又将 B 亚群再分割为 B1 和 B2 2 个次亚群。A 亚群中,H52、食枣-1、苏糯 32 和太系 19/o2 源于温带种质;南糯白源于温带瑞德种质,带有热带种质;砂黄 1B 源于贵州地方种, GQ923 源于贵州品种,YSu934 源于云南品种,CML319 为 CIMMYT 亚热带种质,168 来源于国际玉米小麦改良中心种质(表 1,图 1)。可见,该亚群主要源于我国温带种质、国际玉米小麦改良中心种质、贵州地方种质,带有亚热带和热带种质。B 亚群较大,包括 41 份亲本自交系。其 B1 次亚群中,一支包含源于贵州地方糯玉米种质的 C11-3、C11-4、糯白 1、C3-1 \times C3-141(互为姊妹系)、金矮糯 70、混选 1-4、B7 和源于赞比亚的 99-8-2;一支包含源于温带种质的 D902、93-63、96-132、SL97-6(含 Reid、78599、兰卡斯特种质)和源于苏湾种质的素 341;一支包含源于贵州地方种的 W3168 和交 51,主要源于贵州地方种的 1441 和 140,以及源于美国兰卡斯特种质的 D6361 和杂交种的 J106(表 1,图 1)。可见,B1 次亚群主要包含贵州地方种质,也有其他温带种质和泰国、赞比亚的热带种质。B2 次亚群中,六苏、六苏 37 \times S37(互为姊妹系)、筑 S37-97、苏 37、苏 65、素 3342、素 33411、QB48、QB44、QB39、Q102、S3241、S611 和 19

表 2 88 个 SSR 标记位点在 70 份玉米自交系中的遗传多态性

Table 2 The genetic diversity of 88 SSR loci among the 70 maize inbreds

编号 Code	标记 Marker	染色体位置 Genomic position	等位基因数 Allelic number	多态信息量 PIC	编号 Code	标记 Marker	染色体位置 Genomic position	等位基因数 Allelic number	多态信息量 PIC
1	umc1619	1.00	2	0.337	45	bnlg161	6.00	8	0.804
2	bnlg1014	1.01	5	0.510	46	umc1018	6.01 ~ 6.02	7	0.780
3	bnlg1083	1.02	9	0.817	47	ylsr	6.02	4	0.670
4	bnlg1866	1.03	18	0.895	48	umc1918	6.04	5	0.582
5	umc1972	1.06	3	0.404	49	umc2317	6.04	3	0.419
6	umc1706	1.07	6	0.685	50	umc1413	6.05	6	0.712
7	bnlg2228	1.08	6	0.757	51	umc1474	6.05 ~ 6.06	3	0.268
8	umc1726	1.10	3	0.400	52	phi070	6.07	2	0.367
9	umc1009	1.11	3	0.463	53	umc2165	6.07	6	0.664
10	umc2094	2.01	12	0.887	54	umc1378	7.00	4	0.615
11	umc1422	2.02	4	0.369	55	phi057	7.01	2	0.353
12	umc1165	2.02	4	0.665	56	umc1213	7.02	3	0.560
13	umc1185	2.03	4	0.652	57	umc2142	7.02	4	0.662
14	phi083	2.04	4	0.631	58	bnlg1070	7.03	6	0.620
15	umc1065	2.06	9	0.844	59	umc1112	7.03	4	0.529
16	bnlg1169	2.08	3	0.313	60	umc1782	7.04	8	0.828
17	bnlg2144	2.08	9	0.805	61	phi051	7.05	4	0.610
18	umc1736	2.09	4	0.335	62	phi069	7.05	4	0.640
19	umc1696	2.10	5	0.703	63	umc1414	8.01	5	0.701
20	umc2049	3.01	3	0.426	64	bnlg1194	8.01	11	0.965
21	umc2369	3.03	5	0.688	65	umc1913	8.02	3	0.502
22	nc030	3.04	4	0.654	66	phi014	8.03	4	0.513
23	umc2266	3.06	3	0.454	67	umc1415	8.03	7	0.610
24	umc2081	3.08	2	0.300	68	umc1130	8.05	3	0.461
25	phi047	3.09	4	0.484	69	bnlg162	8.05	6	0.763
26	umc2048	3.10	9	0.852	70	umc1728	8.06	2	0.323
27	umc1017	4.01	7	0.699	71	phi233376	8.09	6	0.657
28	umc1294	4.02	8	0.775	72	umc1279	9.00	4	0.388
29	nc005	4.05	8	0.787	73	bnlg1583	9.01	8	0.783
30	bnlg1137	4.06	10	0.622	74	umc2336	9.02	4	0.471
31	phi092	4.08	6	0.657	75	umc1271	9.03	3	0.213
32	umc2188	4.08	6	0.596	76	umc1570	9.04	4	0.360
33	umc1173	4.09	4	0.634	77	umc2134	9.05	5	0.534
34	umc1532	4.10	3	0.353	78	umc1078	9.05	6	0.774
35	umc1491	5.00	3	0.468	79	umc2346	9.06	5	0.671
36	phi008	5.03	3	0.281	80	bnlg128	9.07	5	0.689
37	phi113	5.03	4	0.425	81	phi041	10.00	4	0.477
38	umc1624	5.04	3	0.389	82	umc1380	10.00	4	0.620
39	umc2026	5.05	4	0.422	83	umc2034	10.02	3	0.364
40	phi085	5.06	3	0.431	84	phi050	10.03	3	0.398
41	umc1019	5.06	12	0.832	85	umc1930	10.04	6	0.613
42	bnlg1118	5.07	4	0.528	86	bnlg1074	10.05	9	0.829
43	bnlg1885	5.07	7	0.800	87	umc1477	10.05	5	0.520
44	phi126	6.00	9	0.849	88	bnlg1450	10.07	11	0.875

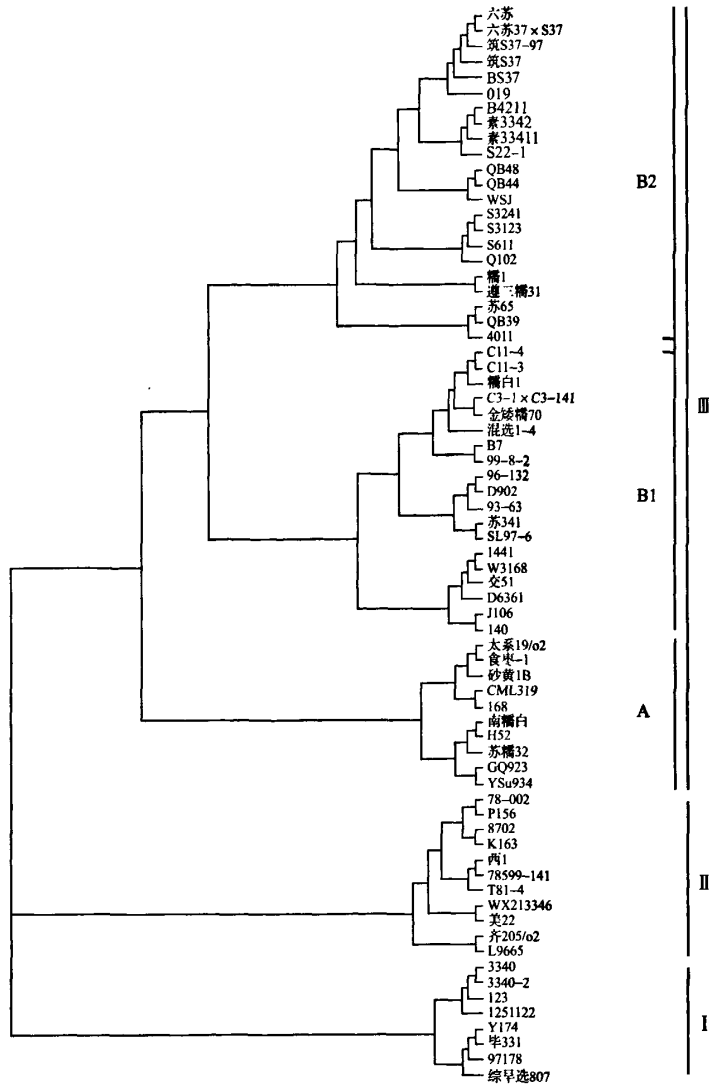


图 1 70 个玉米自交系的临接系统聚类图

Fig. 1 The Neighbour-joining phylogram of cluster analysis by Da values based on 88 SSR markers for the 70 maize inbreds

源于泰国苏湾种质;BS37 和 S3123 也主要源于苏湾种质, WSJ、S22-1、遵三糯 31、糯 1 主要源于地方种质和温带种质, B4211 和 4011 源于温带种质。可见, B2 次亚群主要包含苏湾种质, 也有贵州地方种质以及温带种质(如兰卡斯特和塘四平头种质等)。

2.3 杂种优势群分析

表 3 列出了各类群内自交系无论是作母本还是作父本参与育成的杂交种次数。可见, III 类群中的自交系参与组配育成的杂交种次数最多, 其中尤以 B 亚群中自交系参与组配育成的杂交种次数居多, 而 B1 和 B2 次亚群中自交系参加组配育成的杂交种次数相当。这表明贵州省 2000 年以来育成的杂交种, 主要是利用源于贵州地方亚热带种质的自交

系和泰国苏湾热带种质的自交系。

由表 3 可以看出, 各类群自交系参与组配育成杂交种的次数与各类群自交系的多态位点百分率和 SSR 位点的平均等位有线性相关关系。I、II、III 群自交系育成杂交种次数与其多态位点百分率的相关系数为 0.99 与类群内 SSR 位点的平均等位数的相关系数为 0.99; I、II、A、B 群自交系育成杂交种次数与其多态位点百分率的相关系数为 0.98, 与类群内 SSR 位点的平均等位数的相关系数为 0.99; I、II、A、B1、B2 群自交系育成杂交种次数与其多态位点百分率的相关系数为 0.98, 与类群内 SSR 位点的平均等位数的相关系数为 0.97。这表明多态位点百分率越高和(或)SSR 位点的平均等位越多的类

群,其所包含的自交系的利用价值越大。

表 4 列出的是各类群自交系作母本或作父本相互组配育成的杂交种个数。可见,各类群自交系间相互组配育成的杂交种(只征集到母本或父本自交系的 5 个杂交种除外),主要以Ⅲ类群内自交系间

杂交种为多,而且尤以 B1 和 B2 2 个次亚群中自交系间相互组配育成的杂交中居多。这表明贵州近些年在玉米杂种优势利用中,主要是利用贵州地方亚热带种质和泰国苏湾热带种质 2 个杂种优势群。

表 3 各类群自交系多态位点百分率、平均等位数和育成杂交种次数

Table 3 The Percentage of polymorphic loci, allelic mean number and frequency of hybrids bred by inbred lines within group, sub-group and sub-sub-group

类群 Group	多态性位点数 Allelic number	多态位点百分率(%) Percentage of polymorphic loci	平均等位数 Allelic mean number	类群自交系育成杂交种次数 Frequency of hybrids bred by lines within group
I	254	0.55	3.68	8
Ⅱ	308	0.66	4.40	16
Ⅲ	451	0.97	6.44	65
A	247	0.53	3.53	10
B	427	0.92	6.10	55
B1	350	0.75	5.00	25
B2	372	0.80	5.31	30

表 4 各类群自交系间组配育成的杂交种

Table 4 The authorized hybrids bred by crosses between inbreds of groups, sub-groups and sub-sub-groups

类群 Group	I (♂)	Ⅱ (♂)	Ⅲ (♂)	A (♂)	B (♂)	B1 (♂)	B2 (♂)	合计 Total
I (♀)	1	1	2	0	2	1	1	4
Ⅱ (♀)	1	2	6	0	6	3	3	9
Ⅲ (♀)	2	3	24	5	19	11	8	29
A (♀)	0	0	4	2	2	2	0	4
B (♀)	2	3	20	3	17	9	8	25
B1 (♀)	0	0	9	2	7	1	6	9
B2 (♀)	2	3	11	1	10	8	2	16
合计 Total	4	6	32	5	27	15	12	

3 讨论

陈泽辉^[20]对贵州省审定的 137 个玉米杂交种进行分析,结果表明:贵州省早期玉米杂交种的选育主要是从地方品种中分离自交系和从北方引进温带玉米自交系组配杂交种,20 世纪 90 年代后期加强了从引进的热带玉米群体中分离自交系;“十五”以来,加快了地方种质、热带种质和温带种质的相互改良和自交系选育,认为贵州具有丰富的玉米种质资源,但必须进行扩增、改良与创新。聂琼等^[14]、邱红波等^[15]和姚启伦等^[12]均利用 SSR 标记分别对贵州主要玉米自交系和地方品种进行了遗传多样性分

析,研究结果均表明贵州玉米材料具有较为广泛的遗传基础,蕴藏着丰富的遗传变异。本研究结果与上述研究基本一致,本研究中平均 PIC 值为 0.586,略低于聂琼等^[14]的结果,与姚启伦等^[12]的结果相近,略高于邱红波等^[15]的结果。可见,贵州省近些年利用的玉米自交系具有较为丰富的遗传多样性,这是贵州玉米杂交种育成的遗传基础。本研究各类群的多态位点百分率和 SSR 位点平均等位数结果表明,其良好的遗传基础主要存在于以贵州地方亚热带种质和泰国苏湾热带种质为主的自交系中,这是该两部分自交系育成的杂交种较多的遗传因素。但是,以温带种质类型为主的自交系的多态位点百

分率和 SSR 位点平均等位数却相对较低,说明贵州省利用的温带种质类型较少。因此,有必要加强贵州玉米种质的扩增、改良与创新。

本研究中 70 份玉米自交系被划分为 3 个类群,各类群有其自身的种质内涵,相互间也有种质渗透。种质渗透产生于近些年的种质交流和改良,它增加了类群内的遗传多样性。Ⅲ类群除了含有贵州乃至我国丰富的地方种质外,泰国苏湾热带种质的引进、选择和改良,以及瑞德、PN78599、兰卡斯特、CIMMYT 和热带种质的选择和渗入改良,是该类群具有丰富遗传多样性和产生较强杂种优势的遗传基础。Ⅰ和Ⅱ类群,主要是引进的温带种质,是种质交流引进产生的扩展类群,虽然已经过本地的选择和热带、亚热带、地方种质和国际玉米小麦改良中心种质的改良,但因引进的种质类型较少,如含旅大红骨和塘四平头的种质甚微,因此其遗传多样性不够丰富;Ⅲ类群中的 A 亚群也如此。在进行种质扩增、改良和创新时,可以考虑将Ⅰ和Ⅱ类群看作一个杂种优势列,Ⅲ单独作为一个杂种优势列,形成 2 个杂种优势列^[21],以便在保留类群主要种质内涵的基础上进行改良。在Ⅰ和Ⅱ类群杂种优势列中,可考虑引入国内外温带更多种质类型,在当地进行选择,在保留其丰产性、早熟性、良好的植株形态和抗倒性等优良特性的基础上,利用热带和亚热带种质改良其生物和非生物逆境抗性以及子粒品质等特性。在Ⅲ类群杂种优势列中,可考虑加强优良地方品种的选择和利用,引入更多类型的热带种质进行选择,在维持其良好的生物和非生物逆境抗性、植株持绿性、子粒品质等优良性状的基础上,利用温带种质改良其产量、植株、熟期、光周期等性状。

在杂种优势群分析中,贵州近些年主要是利用贵州地方亚热带种质和泰国苏湾热带种质 2 个杂种优势群,有向其他群扩展的趋势。这 2 个杂种优势群是Ⅲ类群内的 B1 和 B2 次亚群,其相互间杂交育成的品种多,表明其产量特殊配合力较高;同时也进一步说明杂种优势群的划分,应在遗传聚类分析的基础上进一步通过配合力来划分^[21]为佳。

本研究中,各类群自交系参与组配育成杂交种的次数与各类群的多态位点百分率和 SSR 位点的平均等位数组有线性相关关系,这预示杂种优势群与遗传类群的多态位点百分率和 SSR 位点的平均等位数组存在相关性。因此,加强多态位点百分率高、SSR 位点平均等位数组多的类群自交系的利用,有利

于培育更多的优良品种;通过种质扩增、改良和创新,提高类群的多态位点百分率和 SSR 位点的平均等位数组,有利于提高类群自交系的利用价值,形成新的杂种优势类群。

参考文献

- [1] 曾三省. 中国玉米杂交种的种质基础[J]. 中国农业科学, 1990, 23(4): 1-9
- [2] 吴景锋. 我国主要玉米杂交种种质基础评述[J]. 中国农业科学, 1983(2): 1-8
- [3] 彭泽斌, 刘新芝. 我国玉米杂种的现状评价[J]. 安徽农业科学, 1994, 22(3): 97-99
- [4] Zheng D H, Kyujung V, Sukha L. Molecular diversity and relationships among elite maize inbreds from US and CIMMYT populations and current heterotic groups in China[J]. Hereditas, 2008, 145: 182-193
- [5] Liu K J, Major G, Spencer M, et al. Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites[J]. Genetics, 2003, 165: 2117-2128
- [6] 孙友位, 李明顺, 张德贵, 等. 利用 SSR 标记研究 85 个玉米自交系的遗传多样性[J]. 玉米科学, 2007, 15(6): 19-26
- [7] Xie C X, Zhang S H, Li M S, et al. Inferring genome ancestry and estimating molecular relatedness among 187 Chinese maize inbred lines[J]. J Genet Geno, 2007, 34(8): 738-748
- [8] 吴渝生, 郑用璋, 孙荣, 等. 基于 SSR 标记的云南糯玉米、爆裂玉米地方种质遗传多样性研究[J]. 作物学报, 2004, 30(1): 36-42
- [9] Liu Y J, Huang Y B, Rong T Z, et al. Comparative analysis of genetic diversity in landraces of waxy maize from yunnan and guizhou using SSR markers[J]. Agric Sci China, 2005, 4(9): 648-653
- [10] 刘世建, 荣廷昭, 杨俊品, 等. 四川地方玉米种质的 SSR 聚类分析[J]. 作物学报, 2004, 30(3): 221-226
- [11] 许浩, 刘颖慧, 石云素, 等. 利用 SSR 标记研究不同来源的同名玉米骨干自交系的遗传同一性和遗传差异[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(1): 32-36
- [12] 姚启伦, 杨克诚, 潘光堂, 等. 云南和贵州玉米地方品种遗传多样性的比较分析[J]. 云南大学学报, 2008, 30(4): 408-414
- [13] 姚启伦, 许江, 许冬梅, 等. 四川及重庆玉米地方品种遗传多样性的比较分析[J]. 湖南农业大学学报, 2008, 34(1): 6-12
- [14] 聂琼, 徐如宏, 柏光晓. 贵州常用玉米自交系的 SSR 遗传分析[J]. 玉米科学, 2008, 16(5): 11-15
- [15] 邱红波, 叶雨胜, 戴保威, 等. 36 个贵州主要玉米自交系的 SSR 遗传分析[J]. 贵州农业科学, 2009, 37(12): 5-8
- [16] Nei M, Tajima F, Tateno Y. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data[J]. J Mol Evo, 1983, 19: 153-170
- [17] 孔繁玲. 植物数量遗传学[M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2006: 405-406
- [18] Botstein D, White L R, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms[J]. Am J Hum Genet, 1980, 32: 314-331
- [19] 龚桂芝, 洪棋斌, 彭祝春, 等. 枳属种质遗传多样性及其与近缘植物亲缘关系的 SSR 和 cpSSR 分析[J]. 园艺学报, 2008, 35(12): 1742-1750
- [20] 陈泽辉. 贵州玉米自交系杂交种的选育分析[J]. 贵州农业科学, 2007, 35(3): 122-127
- [21] 张世煌, 田清霞, 李新海, 等. 玉米种质改良与相关理论研究进展[J]. 玉米科学, 2006, 14(1): 1-6

析

作者: [杨文鹏](#), [关琦](#), [杨留启](#), [王伟](#), [张文龙](#), [祝云芳](#), [潘敏娜](#), [沈建华](#), [赵致](#), [YANG Wen-peng](#), [GUAN Qi](#), [YANG Liu-qi](#), [WANG Wei](#), [ZHANG Wen-long](#), [ZHU Yun-fang](#), [PAN Min-na](#), [SHEN Jian-hua](#), [ZHAO Zhi](#)

作者单位: [杨文鹏](#), [YANG Wen-peng](#) (贵州省旱粮研究所, 贵阳, 550006; 贵州省农业科学院/贵州省农业生物技术重点实验室, 贵阳, 550006), [关琦](#), [赵致](#), [GUAN Qi](#), [ZHAO Zhi](#) (贵州大学农学院, 贵阳, 550025), [杨留启](#), [王伟](#), [祝云芳](#), [潘敏娜](#), [沈建华](#), [YANG Liu-qi](#), [WANG Wei](#), [ZHU Yun-fang](#), [PAN Min-na](#), [SHEN Jian-hua](#) (贵州省旱粮研究所, 贵阳, 550006), [张文龙](#), [ZHANG Wen-long](#) (贵州省种子总站, 贵阳, 550001)

刊名: [植物遗传资源学报](#) **ISTIC|PKU**

英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年, 卷(期): 2011, 12(2)

参考文献(21条)

1. [张世煌](#); [田清震](#); [李新海](#) [玉米种质改良与相关理论研究进展](#) [期刊论文]-[玉米科学](#) 2006(01)
2. [陈泽辉](#) [贵州玉米自交系杂交种的选育分析](#) [期刊论文]-[贵州农业科学](#) 2007(03)
3. [龚桂芝](#); [洪棋斌](#); [彭祝春](#) [枳属种质遗传多样性及其与近缘植物亲缘关系的SSR和cpSSR分析](#) [期刊论文]-[园艺学报](#) 2008(12)
4. [Liu Y J](#); [Huang Y B](#); [Rong T Z](#) [Comparative analysis of genetic diversity in landraces of waxy maize from yunnan and guizhou using SSR markers](#) [期刊论文]-[Agricultural Sciences In China](#) 2005(09)
5. [吴润生](#); [郑用琏](#); [孙荣](#) [基于SSR标记的云南糯玉米、爆裂玉米地方种质遗传多样性研究](#) [期刊论文]-[作物学报](#) 2004(01)
6. [Xie C X](#); [Zhang S H](#); [Li M S](#) [Inferring genome ancestry and estimating molecular relatedness among 187 Chinese maize inbred lines](#) [期刊论文]-[J Genet Geno](#) 2007(08)
7. [孙友位](#); [李明顺](#); [张德贵](#) [利用SSR标记研究85个玉米自交系的遗传多样性](#) [期刊论文]-[玉米科学](#) 2007(06)
8. [Liu K J](#); [Major G](#); [Spencer M](#) [Genetic structure and diversity among maize inbred lines as inferred from DNA microsatellites](#) 2003
9. [Zheng D H](#); [Kyujung V](#); [Sukha L](#) [Molecular diversity and relationships among elite maize inbreds from US and CIMMYT populations and current heterotic groups in China](#) [外文期刊] 2008
10. [姚启伦](#); [杨克诚](#); [潘光堂](#) [云南和贵州玉米地方品种遗传多样性的比较分析](#) [期刊论文]-[云南大学学报](#) 2008(04)
11. [许洛](#); [刘颖慧](#); [石云素](#) [利用SSR标记研究不同来源的同名玉米骨干自交系的遗传同一性和遗传差异](#) [期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2009(01)
12. [刘世建](#); [荣廷昭](#); [杨俊品](#) [四川地方玉米种质的SSR聚类分析](#) [期刊论文]-[作物学报](#) 2004(03)
13. [Botstein D](#); [White L R](#); [Skolnick M](#) [Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms](#) 1980
14. [孔繁玲](#) [植物数量遗传学](#) 2006
15. [Nei M](#); [Tajima E](#); [Tateno Y](#) [Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data](#) [外文期刊] 1983
16. [邱红波](#); [叶雨胜](#); [戴保威](#) [36个贵州主要玉米自交系的SSR遗传分析](#) [期刊论文]-[贵州农业科学](#) 2009(12)
17. [聂琼](#); [徐如宏](#); [柏光晓](#) [贵州常用玉米自交系的SSR遗传分析](#) [期刊论文]-[玉米科学](#) 2008(05)
18. [姚启伦](#); [许江](#); [许冬梅](#) [四川及重庆玉米地方品种遗传多样性的比较分析](#) [期刊论文]-[湖南农业大学学报](#) 2008(01)

19. [彭泽斌;刘新芝](#) [我国玉米杂种的现状评价](#) 1994(03)
20. [吴景锋](#) [我国主要玉米杂交种种质基础评述](#) 1983(02)
21. [曾三省](#) [中国玉米杂交种的种质基础](#) 1990(04)

引证文献(1条)

1. [刘化龙](#), [王敬国](#), [刘华招](#), [赵宏伟](#), [陈温福](#), [邹德堂](#), [徐正进](#) [基于SSR标记的寒地水稻品种骨干亲本分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2011(6)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201102012.aspx