

华南杂交稻亲本间产量配合力评价与分子标记鉴定

黄永相¹, 郭建夫¹, 王 慧², 陈志强²

(¹广东海洋大学农学院, 湛江 524088; ²国家植物航天育种工程技术研究中心, 广州 510642)

摘要: 选用华南地区广泛应用的 8 个杂交稻不育系与 10 个恢复系, 按 *NCII* 设计配制 2 套不完全双列杂交组合 61 个, 通过在湛江的 2 年种植试验, 结合 62 对与产量性状 QTL 连锁 SSR 标记, 对 18 个亲本的产量配合力进行综合评价和标记位点鉴定。结果表明: 供试亲本间一般配合力存在较大差异, 其中不育系珍汕 97A、万金 A 和恢复系直龙、广恢 3550 的一般配合力相对较高; 2 套组合共检测出 36 个与亲本产量配合力显著相关的标记位点, 其中 RM1、RM216、RM231 和 RM542 为 2 套材料所共有; 检测出的杂合标记位点中, 23 个为增效标记位点, 13 个为减效标记位点, 其中杂合标记位点 RM231、RM209 可使 F_1 的单株粒重增加 13.50% 和 16.43%。该结果可为华南地区杂交稻育种的亲本改良及选配提供理论指导。

关键词: 杂交稻; 配合力; 产量; SSR 标记; 标记位点

Evaluation and Molecular Marker Screening of Combining Ability for Yield among Major Parental Materials of Hybrid Rice in South China

HUANG Yong-xiang^{1,2}, GUO Jian-fu¹, WANG Hui², CHEN Zhi-qiang²

(¹College of Agronomy, Guangdong Ocean University, Zhanjiang 524088;

²National Engineering Research Center of Plant Space Breeding, Guangzhou 510642)

Abstract: Eight male sterile lines and ten restorer lines of hybrid rice in South China were crossed to develop two half-diallel mating sets designed according to *NCII* and sixty-one F_1 were obtained. These F_1 were planted in 2005 and 2006 respectively, and the combining ability for yield traits in its eighteen parents was evaluated and marker loci were identified by using sixty-two SSR markers related to functional QTLs. The results showed that there were obvious differences in general combining ability among these parent lines, and four parent lines including Zhenshan97A, WanjinA, Zhilong and Guanghui3550 had elite general combining ability. There were thirty-six SSR molecular loci associated with combining ability of yield traits, and marker loci RM1, RM216, RM231 and RM542 were detected in two sets of materials. Among them, twenty-three were effect-increasing locus while others were effect-decreasing locus. Heterozygous locus of RM231 and RM209 were two marker loci of elite combining ability for yield with the maximum increasing effects, which increased 13.50% and 16.43% of yield in F_1 , respectively. The results could be directly used for yield improvement and choice of parents for developing hybrid rice in South China.

Key words: hybrid rice; combining ability; yield; SSR marker; marker loci

在杂交稻育种中, 合理选择亲本进行组配是选育优良组合的关键环节。为此, 双亲除了要符合优点多、缺点少、性状互补等选配原则外, 亲本的优良性状还必须具有较强的遗传传递力。因此, 杂交稻

育种的实质是配合力育种^[1], 配合力是杂交稻育种中用于评价亲本利用价值的重要指标。与普通形态性状不同, 亲本配合力效应值的估算必须与双列遗传交配设计相结合, 通过对杂合状态的 F_1 群体进行

收稿日期: 2012-06-22 修回日期: 2012-07-21 网络出版日期: 2013-04-02

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130402.1735.009.html>

基金项目: 广东省重大科技专项(2007A020400003); 广东省现代农业产业技术体系建设专项资金(粤财教[2009]356号)

作者简介: 黄永相, 博士, 助理研究员。研究方向: 水稻遗传育种研究。E-mail: hyx978025@126.com

通信作者: 陈志强, 教授, 博士生导师。研究方向: 水稻遗传育种研究。E-mail: chenlin@scau.edu.cn

测定才能获得^[2]。目前,有关杂交稻亲本配合力的研究很多,所得结果对鉴别杂种优势的配对模式十分有益^[3-5]。然而,迄今还没有一种快速、准确的方法对亲本配合力进行预测。DNA 分子标记的出现为杂种优势相关研究提供了新的方法和手段,分子标记辅助选择已被广泛应用于水稻的目标性状改良^[6-7]。近年来,利用分子标记进行亲本配合力预测已逐渐成为水稻杂种优势研究的热点之一^[8-11]。

X. C. Liu 等^[8]和刘小川等^[9]分别利用 SSR 标记对杂交籼稻亲本的产量性状与米质性状配合力进行研究,筛选出多个相关性状配合力的优异标记位点,并利用这些优异标记位点对恢复系明恢 63 的产量性状配合力进行改良。梁奎等^[10]对 18 个杂交粳稻亲本进行产量性状优异配合力的标记基因型鉴定,结果共鉴定出 20 个 SSR 标记基因型与亲本产量及其构成性状配合力显著相关,其中部分标记基因型与多个性状配合力相关。目前,利用分子标记对华南地区杂交稻杂种优势及亲本配合力分子标记辅助改良的研究鲜有报道。

本研究以华南地区广泛应用的 18 个杂交稻亲本及其配制的两套半双列杂交组合为材料,结合水稻微卫星 DNA 分子标记技术,对亲本的产量性状配合力进行综合评价及分子标记筛选研究,以期对华南地区杂交稻的亲本改良及选配提供理论指导。

表 1 供试杂交稻亲本材料来源及系谱信息

Table 1 Origins and pedigrees of the tested parents in hybrid rice

序号 Code	名称 Names of parents	系谱 Pedigrees	育成年份 Released year	育成单位 Breeding institute
1	博 A	珍汕 97A//军协 B/钢枝占	1987	广西博白县农业科学研究所
2	万金 A	优 I A//博 B//金 23B/澳洲袋鼠占	2006	广东海洋大学农学院
3	N22A	S7002//梅青 B/II-32B	2006	广东海洋大学农学院
4	双青 A	K17A//梅青 B/协青早 B	2005	广东海洋大学农学院
5	湛 A	S7002//梅青 B/II-32B	2005	广东海洋大学农学院
6	II-32A	印水珍鼎 A//珍汕 97/IR665	1986	湖南省杂交水稻研究中心
7	优 I A	II-32 A/协青早 B 突变株	1992	湖南省杂交水稻研究中心
8	珍汕 97A	野败/珍汕 97	1972	江西省萍乡市农业科学研究所
9	HR15	R622/R638	1996	广东海洋大学农学院
10	HR136	青六矮 1 号/ IR 36	2002	广东海洋大学农学院
11	R125	明恢 63/七桂早 25//早恢 15	2005	广东海洋大学农学院
12	直龙	IR153/龙粳//青直 6 号	1982	广东海洋大学农学院
13	密阳 46	统一/IR24//IR1317/IR24	1980	韩国晋州道岭南作物所
14	桂 99	龙野 5-3//IR661/IR2061	1987	广西区农业科学院水稻研究所
15	广恢 128	七桂早 25/测 64//明恢 63	1994	广东省农业科学院水稻研究所
16	广恢 3550	青四矮 16/ IR 54	1985	广东省农业科学院水稻研究所
17	广恢 998	R1333/R1361	1998	广东省农业科学院水稻研究所
18	广恢 122	连 836-1 明恢 63/广恢 3550	1993	广东省农业科学院水稻研究所

1 材料与方法

1.1 材料

选用华南地区主要应用的 18 个水稻亲本(8 个不育系和 10 个恢复系)为试验材料(表 1)。2005 年按 *NCH* 设计配制 2 套不完全双列杂交:第 1 套为 5×5 组合,5 个不育系为湛 A、双青 A、万金 A、N22A 和珍汕 97A,5 个恢复系为广恢 128、广恢 122、密阳 46、HR15 和直龙;第 2 套为 6×6 组合,6 个不育系为博 A、双青 A、万金 A、N22A、优 IA 和 II-32A,6 个恢复系为桂 99、广恢 998、广恢 3550、R125、HR15 和 HR136。亲本中不育系双青 A、万金 A、N22A 和恢复系 HR15 为 2 套组合共用。

1.2 方法

1.2.1 田间种植和性状调查 试验在广东海洋大学农学院试验教学基地进行,于 2005 年和 2006 年 7 月 20 日分别单独播种第 1 套、第 2 套杂交组合及其亲本(不育系用同型保持系代替),同为 8 月 12 日移栽大田,随机区组设计,3 次重复,每小区栽植 3 行,每行 10 株,单本植,15 cm×23 cm 株行距,栽培管理按常规方法。成熟时,每小区取中间行中部生长一致的 5 株,考查有效穗数、穗总粒数、穗实粒数、结实率、千粒重和单株粒重共 6 个产量相关性状。

1.2.2 分子标记分析 DNA 提取,采用 CTAB 法提取亲本叶片 DNA^[7]。

SSR 分析,62 对 SSR 引物序列参照文献[10]、[12],对供试亲本进行多态性分析。PCR 反应体系总体积为 20.0 μL (50 ~ 100 ng/ μL DNA, 10.0 μL 10 \times 反应缓冲液, 250 mmol/L dNTP, 20 mmol/L MgCl₂, 0.1 $\mu\text{mol/L}$ 引物, 1 U *Taq* 酶, 9.0 μL 蒸馏水)。PCR 扩增反应条件为 94 $^{\circ}\text{C}$ 下预变性 4 min 后, 94 $^{\circ}\text{C}$ 下变性 30 s, 57 $^{\circ}\text{C}$ 下退火 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸 60 s, 共循环 35 次, 72 $^{\circ}\text{C}$ 下再延伸 5 min。8% 聚丙烯酰胺胶电泳分离, 0.1% 硝酸银显色。SSR 引物扩增出的多态性带按 0/1 法统计。

1.2.3 数据分析 配合力分析,以小区的平均值为单位,按莫惠栋^[13]的 $p \times q$ 交配模式进行亲本性状的配合力分析,同时参考梁奎等^[10]的总秩次方法对亲本进行综合评价。

配合力标记位点筛选,将所有杂交组合按如下

方法分成纯合型组和杂合型组:两亲本在某个分子标记的单个位点若表现为纯合型(即同一带型 11 或者 00),其 F_1 被认为是纯合型组;若表现为杂合性(10 或者 01),则 F_1 被分到杂合型组。杂合型组和纯合型组的性状平均值进行差异显著性 t 检验。若差值为正,且 t 值显著或极显著,则表明杂合标记位点为配合力增效位点;反之为减效位点。位点筛选的计算采用自编 VBA 语句和 Excel 相结合运算完成。

2 结果与分析

2.1 18 份亲本产量性状的一般配合力综合评价

对 2 套不完全双列杂交组合 3 次重复的随机区组试验结果进行方差分析表明,产量及其构成性状组间差异均达到显著水平,对这 6 个性状进行亲本一般配合力(GCA)效应的估算和显著性测验。由表 2 可知,在第 1 套组合不育系中,产量性状 GCA

表 2 18 个亲本 6 个产量性状的一般配合力效应综合评价

Table 2 GCA effect of six yield traits and integrative evaluation in 18 parents

杂交组合 Hybrid set	亲本 Parent	单株有效穗数 PP	每穗总粒数 TSP	每穗实粒数 FSP	结实率 (%) SSR	千粒重 (g) TWG	单株产量 (g) YPP	GCA		V_{SCA}	
								总秩次 of GCA	排序 Sequence	总秩次 of V_{SCA}	排序 Sequence
I	湛 A	3.37*	7.86**	5.74**	-1.91**	-8.22**	-2.96	18	3	17	2
	双青 A	18.14**	-2.12	-1.43	0.77*	0.90	-0.72	15	2	23	5
	万金 A	-11.81**	-4.92**	-3.59*	1.20**	8.13**	5.80*	18	3	17	2
	N22A	-10.36**	-4.12*	-4.29*	-0.29	-4.70**	-9.72**	26	5	22	4
	珍汕 97A	0.67	3.31*	3.57*	0.23	3.88*	7.60*	13	1	10	1
	广恢 128	1.08	-1.94	-0.71	1.30**	4.69**	3.58	14	2	21	4
	广恢 122	-8.07**	-0.04	0.12	0.26	-4.82**	-4.81	20	3	24	5
	密阳 46	-1.41	-0.54	-1.27	-0.54	2.49*	-3.79	21	4	16	2
	HR15	4.20*	-5.11**	-5.59**	-0.59	-0.33	-6.08*	25	5	20	3
	直龙	4.20*	7.63**	7.45**	-0.42	2.94*	11.11**	9	1	9	1
II	博 A	-0.03	3.57	18.33**	8.40**	-1.02**	2.43**	17	2	24	4
	万金 A	-0.56**	10.66**	21.44**	6.02**	1.84**	4.34**	11	1	20	3
	N22A	-0.25	7.33	-6.32**	-6.29**	-0.95**	-2.78**	29	6	26	5
	双青 A	1.57**	-32.53**	-29.45**	-0.97	0.72**	-0.75	21	3	18	2
	II-32A	-0.64**	8.30*	1.60	-2.92**	-0.16	-1.68	23	4	27	6
	优 I A	-0.10	2.67	-5.61**	-4.24**	-0.43*	-1.57	25	5	10	1
	HR15	-0.39**	11.21**	11.57**	0.65	-0.50**	0.48	20	4	26	5
	广恢 998	0.22	-1.62	1.02	1.63	-0.44*	0.47	19	2	21	4
	桂 99	0.82**	-26.80**	-18.16**	2.62**	1.82**	0.80	19	2	18	3
	R125	0.12	-4.64	-13.87**	-4.80**	0.40**	-1.65**	27	6	16	2
广恢 3550	-0.30**	8.36**	11.43**	1.72	-0.15	1.23	15	1	15	1	
HR136	-0.47**	13.49**	8.00**	-1.82**	-1.12**	-1.33**	26	5	30	6	

* 表示 5% 水平差异显著; ** 表示 1% 水平差异显著; V_{SCA} 表示特殊配合力方差

*, **: significant at 5% and 1% probability level respectively, V_{SCA} : Variation of special combining ability, PP: panicles per plant, TSP: total spikelets per panicle, FSP: filled spikelets per panicle, SSR: Seed setting rate, TGW: 1000-grain weight, YPP: Yield per plant

及特殊配合力方差 (V_{SCA}) 表现最优的是珍汕 97A, 其 6 个产量性状 GCA 效应值皆为正值且单株产量效应值为最高; 恢复系中以直龙的产量性状 GCA 和 V_{SCA} 表现最好, 其有效穗数、穗总粒数、穗实粒数和单株产量 GCA 效应为最大。在第 2 套组合不育系中, 产量性状 GCA 表现最好的是万金 A, 除单株有效穗数外, 其余产量性状 GCA 效应值皆为正值且穗总粒数、穗实粒数和单株产量效应值最高, 但其 V_{SCA} 表现中等; 恢复系中以广恢 3550 的产量性状 GCA 及 V_{SCA} 表现最好, 其穗总粒数、穗实粒数、结实率和单株产量 GCA 效应均较大。珍汕 97A、直龙和广恢 3550 是早期育成的杂交稻骨干亲本, 其产量性状 GCA 及 V_{SCA} 较高说明现有杂交稻亲本在产量性状加性效应与非加性效应的利用上都收效不大。

2.2 18 份亲本的 SSR 分子标记分析

在 62 对 SSR 引物中, 共有 56 对引物在 18 个亲

本间扩增出有差异的条带。56 个多态位点在 18 个亲本间共检测到 154 个等位变异, 每个位点平均为 2.85 个, 变异幅度为 2~6 个。18 份杂交稻亲本的遗传相似系数 (GS) 在 0.52~0.80 之间, 在 GS 为 0.66 处明显聚为两大类 (恢复系组和不育系组, 图 1), 与其系谱关系基本相吻合。第 I 类为 7 个恢复系材料, 类群品种间 GS 平均为 0.71, 其中广恢 128 与 R125 的 GS 最高, 为 0.89。第 I 类在 GS 为 0.70 处又可分为 2 组: 第 1 组包括密阳 46 和桂 99; 第 2 组为 R125、广恢 128、广恢 122、广恢 998 及广恢 3550 为主的广恢系列。第 II 类为 3 个恢复系材料和 8 个不育系材料。类群品种间 GS 平均为 0.79, 其中珍汕 97A 与 II-32A 的 GS 最高, 为 0.98。第 II 类在 GS 为 0.70 处又可分为 2 组: 第 1 组包括 HR 系列的 HR15 和 HR136; 第 2 组为含有梗稻血缘的直龙与 8 个不育系亲本。

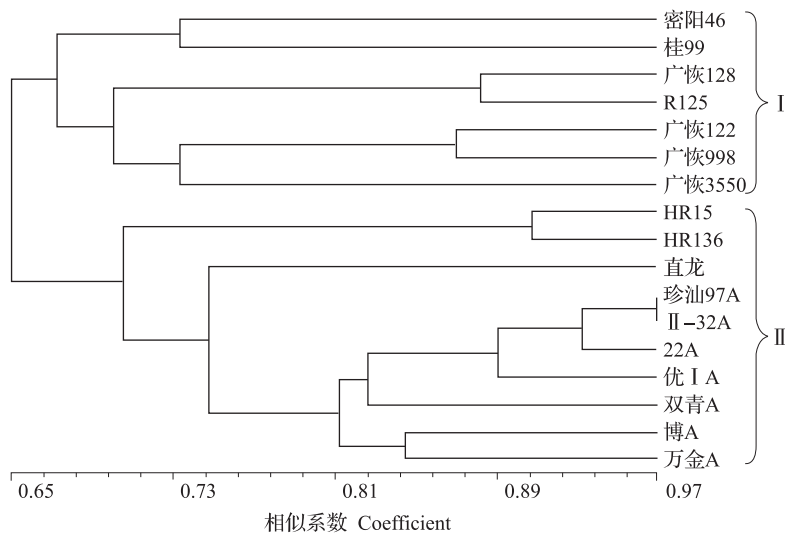


图 1 18 个亲本材料的 SSR 标记聚类图

Fig. 1 Dendrogram for 18 parents of hybrid rice based on SSR markers by UPGMA method

2.3 亲本产量构成性状配合力的 SSR 标记位点鉴定

56 个多态性 SSR 位点对 18 个亲本 6 个产量性状配合力标记位点筛选结果见表 3。在第 1、第 2 套组合中分别检测出 6 个和 30 个与亲本产量性状配合力显著相关的标记位点, 2 套组合共有 36 个亲本标记位点被检出, 其中标记位点 RM1、RM216、RM231 和 RM542 在 2 套材料中都被检出, 表明这 4 个标记位点在杂交稻亲本产量性状改良中起着重要的作用。在检测出的 36 个杂合标记位点中, 有 23 个为亲本性状的增效标记位点, 13 个为减效标记位点。在 6 个产量性状中, 检出配合力增效标记位点次数最多的是穗总粒数、千粒重和穗实粒数,

分别有 7、6 和 5 个 (次), 而单株有效穗数、结实率和单株粒重仅有 1~2 个 (次)。

在穗总粒数 7 个 (次) 配合力增效标记位点中, RM1 和 RM216 可使 F_1 植株穗粒总数增加, 其 2 套组合的增幅均值分别达 30.65% 和 23.09%; 其余 3 个增效标记位点 RM542、RM246 和 RM474 在第 2 套组合的增幅范围为 14.64%~32.76%。在穗实粒数性状中, 配合力增效标记位点 RM1 和 RM216 同样可使 2 套组合 F_1 植株穗实粒数增加, 平均增幅分别为 28.54% 和 23.89%; 增效标记位点 RM206 仅在第 2 套组合中被检出, 其增幅约为 34.76%。在千粒重性状中, 标记位点 RM231 在 2 套组合中均

被检出,其 F_1 植株千粒重平均增幅为 10.07%,其余 4 个增效标记位点 (RM85、RM169、RM510 和 RM542) 增幅范围在 6.80% ~ 9.80% 之间。在结实率和单株产量 2 个性状中,均筛选到标记位点

RM231 和 RM209 与亲本配合力极显著相关,可分别增加 F_1 结实率的 8.94%、12.97% 和单株产量的 13.50%、16.43%,这也说明通过提高杂交稻组合的结实率更容易获得高产。

表 3 与亲本产量构成性状配合力相关的标记位点

Table 3 Marker locus significantly related to combining ability of yield component trait in parents

性状 Trait	杂交组合 Hybrid set	标记位点 Marker loci	杂合组 Heterozygous group		纯合组 Homozygous group		增减率 (%) Percentage of increase or decrease	t 值 t -value	
			F_1 组合 Number of F_1 cross	F_1 平均 Average of F_1 cross	F_1 组合 Number of F_1 cross	F_1 平均 Average of F_1 cross			
单株有效穗数 PP	I	RM1	20	6.13	5	7.57	-19.09	-4.26	
		RM108	17	6.10	8	7.09	-13.99	-3.01	
		RM216	21	6.18	4	7.65	-19.20	-3.77	
	II	RM1	30	7.71	6	9.59	-19.59	-6.82	
		RM510	11	9.04	25	7.58	19.35	6.29	
		RM216	24	7.66	12	8.76	-12.57	-3.98	
每穗总粒数 TSP	I	RM1	20	150.28	5	115.04	30.63	6.42	
		RM542	21	147.15	4	122.69	19.94	2.84	
		RM216	21	148.83	4	113.85	30.72	5.10	
		II	RM1	30	166.30	6	127.27	30.67	5.75
		RM246	24	166.90	12	145.59	14.64	3.23	
	II	RM85	6	133.00	30	165.16	-19.47	-4.14	
		RM169	6	133.00	30	165.16	-19.47	-4.14	
		RM510	11	132.44	25	171.83	-22.92	-10.59	
		RM216	24	167.26	12	144.87	15.46	3.45	
		RM474	24	165.47	5	124.63	32.76	5.44	
每穗实粒数 FSP	I	RM1	20	125.90	5	99.88	26.05	5.50	
		RM216	21	124.78	4	99.28	25.68	4.41	
		II	RM1	30	142.37	6	107.03	33.02	4.42
	II	RM510	11	114.29	25	146.25	-21.85	-5.33	
		RM216	24	145.25	12	118.95	22.10	4.03	
		RM206	31	141.55	5	105.04	34.76	4.14	
结实率 SSR	II	RM231	11	90.64	25	83.20	8.94	2.81	
		RM209	18	90.68	18	80.27	12.97	5.12	
千粒重 TGW	I	RM231	5	25.61	20	23.19	10.44	3.43	
	II	RM231	11	25.99	25	23.69	9.68	5.85	
		RM85	5	26.22	30	24.03	9.11	3.81	
		RM169	5	26.22	30	24.03	9.11	3.81	
		RM510	11	25.52	25	23.90	6.80	3.38	
		RM542	18	23.70	18	25.09	-5.50	-3.05	
		RM167	5	26.22	30	24.03	9.11	3.81	
单株产量 YPP	I	RM5	21	17.56	4	20.52	-14.42	-2.93	
	II	RM231	11	28.71	25	25.29	13.50	3.32	
RM209		18	28.34	18	24.34	16.43	4.71		

$t_{23,0.01} = 2.807$ and $t_{34,0.01} = 2.728$. PP: panicles per plant, TSP: total spikelets per panicle, FSP: filled spikelets per panicle, SSR: Seed setting rate, TGW: 1000-grain weight, YPP: Yield per plant. The same as below

2.4 亲本产量性状配合力的复合型 SSR 标记位点筛选

表 3 所列的 36 个标记位点中,不少标记位点存在与亲本多个产量性状配合力相关的情况。根据这些标记位点与亲本配合力相关的产量性状个数进行归类,结果列于表 4。表 4 显示,在第 1 套和第 2 套组合中分别有 1 个和 4 个标记位点同时与亲本 4 个产量性状配合力相关;有 3 个和 4 个标记位点同时与亲本 3 个产量性状配合力相关;有 1 个和 7 个标记位点同时与亲本 2 个产量性状配合力相关;其余 16 个标记位点仅与亲本单个产量性状配合力相关。

表 4 亲本产量性状配合力的复合型 SSR 标记位点及其对 F_1 性状值的增减率

Table 4 Marker locus related to combining ability of yield traits in parents and percentage of increase or decrease to trait value in F_1

相关性状数量 No. of traits related	杂交组合 Hybrid set	标记位点 Marker loci	单株有效穗数 PP	每穗总粒数 TSP	每穗实粒数 FSP	结实率(%) SSR	千粒重(g) TGW	单株产量(g) YPP
4	I	RM231	-13.98		12.95	1.50	10.44	
4	II	RM85	12.53	-19.47	-15.55		9.11	
4	II	RM169	12.53	-19.47	-15.55		9.11	
4	II	RM510	19.35	-22.92	-21.85		6.80	
4	II	RM167	-20.66	-19.47	-15.55		9.11	
3	I	RM1	-19.09	30.63	26.05			
3	I	RM216	-19.20	30.72	25.68			
3	I	RM542	-13.99	19.94		-1.58		
3	II	RM1	-19.59	30.67	33.02			
3	II	RM216	-12.57	15.46	22.10			
3	II	RM231				8.94	9.68	13.50
3	II	RM80		-18.13			-7.64	-14.12
2	I	RM223					-6.10	-10.60
2	II	RM209				12.97		16.43
2	II	RM224	-8.69		-10.38			
2	II	RM206	32.76		34.76			
2	II	RM246	-9.13	14.64				
2	II	RM211	10.23	-8.59				
2	II	RM542		10.12			-5.50	
2	II	RM223		12.06			-4.93	

3 讨论

高配合力亲本是选配强优势杂交稻组合的前提条件。苏京平^[14]对近年全国新组合区试结果及种植面积进行分析,发现新育成杂交稻组合的增产幅度普遍不高,种植面积较大的组合几乎都为 20 年前所育成,其主要原因在于亲本配合力没有突破性进展。本研究结果显示,2 套组合中以不育系珍汕 97A、万金 A 和恢复系直龙、广恢 3550 的产量性状配合力表现最好。其中,除了万金 A 为近年育成的

此外,单株有效穗数的亲本配合力标记位点效应与每穗总粒数、每穗实粒数的亲本配合力标记位点效应相反,如 RM231、RM85、RM169 等 8 个标记位点;每穗总粒数、每穗实粒数的亲本配合力标记位点效应与千粒重的亲本配合力标记位点效应相反,如标记位点 RM85、RM169、RM510 和 RM167;单株产量的亲本配合力标记位点效应则与千粒重的亲本配合力标记位点效应一致,如标记 RM231、RM80 和 RM223。以上结果说明在保持杂交稻组合穗粒数不变的基础上,改善子粒灌浆状况,提高组合的结实率和千粒重,有利于杂交稻的增产。

高产类型新不育系外,珍汕 97A、直龙和广恢 3550 为 20 世纪 80、90 年代育成的华南地区杂交稻骨干亲本。因此,在发掘、筛选有利新种质的同时,充分利用这些骨干亲本的丰产性和稳产性配合力结合好的遗传优势,通过杂交、回交和定向转育等方法,培育产量性状配合力更优的新不育系及恢复系。

杂种优势是一类特殊的杂合性状,其遗传表现与纯系性状明显不同,是主要取决于双亲间部分遗传位点上的配对差异。目前,有关利用分子标记差异性预测杂种优势的研究很多,但难以取得较一致

的结论^[6-8,15-19]。究其原因,主要是因为杂种优势和分子标记杂合性之间的变化所致^[7]。这种不稳定性一方面由于研究中所用遗传材料、试验设计及种植环境不同而引起,另一方面则与所应用的分子标记有差异有关:(1)分子标记的种类。目前,作物杂种优势预测研究中应用较多的分子标记主要有 RFLP、RAPD、AFLP、SSR 和 ISSR 等,但不同类型标记技术的有效性及其效率存在差别,大多研究结果认为结合几种标记来估算亲本间遗传差异,进而预测杂种优势的效率要比单独使用一种标记高^[12,16]。(2)标记的数目及分布。杂种优势是双亲遗传差异所造成的,用于检测的标记位点越多,越能全面反映双亲基因组水平的整体差异^[7,20]。同时,选用的标记所检测位点应在多条染色体上随机均匀分布,过度集中染色体的局部或呈簇状分布,会导致可利用的位点数少,杂种优势相关性下降。(3)标记与对应性状的连锁程度。众多研究表明,所用分子标记与控制性状的杂种优势 QTLs 的连锁程度,是影响亲本标记遗传差异与 F₁ 杂种优势表现相关性的关键因素^[21],连锁程度紧密,贡献率大的标记,其预测效率应相对较高。(4)标记的效应分析。QTLs 的显性、加性和上位性作用等对杂种优势均有重要贡献,目前多数研究仅考虑了标记的显性和加性效应,忽略了 QTLs 之间存在的上位性效应,导致分子标记预测杂种优势的效率偏低。因此,为了提高预测效率,在检测亲本的遗传差异时可通过多种分子标记相结合,多选与 QTLs 连锁的标记,运用有效统计方法把杂种优势剖分到特定的 QTL 效应上。

实际上,亲本间的遗传差异涉及多个性状、多个位点,但与产量连锁的构成因素及位点却是特定的^[7]。因此,利用与产量性状相连锁的 QTLs 来检测亲本间的遗传差异,筛选出对杂种优势产生有显著效应的 QTL 位点及其紧密连锁的分子标记,将有助于实现亲本产量性状配合力的分子标记辅助改良。本研究结果表明,2 套组合共有 36 个与亲本产量配合力显著相关的标记位点被检出,其中部分标记同时与多个亲本性状的配合力相关。如标记位点 RM231 对结实率、千粒重和单株产量配合力皆呈显著的正效应,利用 RM231 辅助选择可对这 3 个性状的亲本配合力同时进行改良。然而,由于产量构成因素性状间普遍存在负相关关系,因此,不少标记位点对 F₁ 各性状的遗传效应方向性不同。对于此类标记位点,在亲本产量性状配合力的后续改良中应视亲本特点选择使用。对于亲本多个产量性状配合

力的综合改良,则应尽量选用各自独立的有利标记位点对这些性状同时进行改良,最后通过聚合杂交来获得整体产量性状配合力协调的优异亲本。

参考文献

- [1] 陆作楣. 论杂交稻育种的配合力选择[J]. 中国水稻科学, 1999, 13(1): 1-5
- [2] 梁耀懋, 黎坤爱, 陆岗, 等. 水稻偏粳型广谱性强恢复系种质 GR38 的创新和评价[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 382-386
- [3] 戴正元, 李爱宏, 刘广青, 等. 几个优良籼稻亲本质性状的配合力和杂种优势分析[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(2): 234-238
- [4] 蒋开锋, 郑家奎, 曾德初, 等. 杂交水稻稳产性配合力初步研究[J]. 中国水稻科学, 1998, 12(3): 134-138
- [5] Rahimi M, Rabiei B, Samizadeh H, et al. Combining ability and heterosis in rice (*Oryza sativa* L.) cultivars[J]. J Agr Sci Tech, 2010, 12: 223-231
- [6] Zhao M F, Li X H, Yang J B, et al. Relationship between molecular marker heterozygous and hybrid performance in intra- and inter-sub-specific crosses of rice[J]. Plant Breeding, 1999, 18(2): 139-144
- [7] 张涛, 倪先林, 蒋开锋, 等. 水稻功能基因标记遗传距离与杂种优势的相关性研究[J]. 中国水稻科学, 2009, 23(6): 567-572
- [8] Liu X C, Wu J L. SSR heterogenic patterns of parents for marking and predicting heterosis in rice breeding[J]. Mol Breeding, 1998, 4(3): 263-268
- [9] 刘小川, 王渭霞, 陈深广, 等. 杂交稻米质性状的亲本配合力分子标记鉴定[J]. 中国水稻科学, 2005, 19(1): 25-28
- [10] 梁奎, 黄殿成, 赵凯铭, 等. 杂交粳稻亲本产量性状优异配合力的标记基因型筛选[J]. 作物学报, 2010, 36(8): 1270-1279
- [11] Qu Z, Li L Z, Luo J Y, et al. QTL mapping of combining ability and heterosis of agronomic traits in rice backcross recombinant inbred lines and hybrid crosses[J]. PLoS ONE, 2012, 7(1): 1-10
- [12] 黄明. 分子标记与水稻遗传多样性及杂种优势的相关性研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2010
- [13] 莫惠栋. p × q 交配模式的配合力分析[J]. 江苏农学院学报, 1982, 3(3): 51-57
- [14] 苏京平. 杂交稻恢复系选育的组合判别法研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2002
- [15] 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[J]. 中国水稻科学, 2009, 23(2): 141-147
- [16] 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[J]. 遗传学报, 2001, 28(8): 738-745
- [17] Zhang Q F, Zhou Z Q, Yang G P, et al. Molecular marker heterozygosity and hybrid performance in indica and japonica rice[J]. Theor Appl Genet, 1996, 93(8): 1218-1224
- [18] 杨文鹏, 关琦, 杨留启, 等. 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[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 241-248
- [19] 罗小金, 贺浩华, 彭小松, 等. 利用 SSR 标记分析水稻亲本间遗传距离与杂种优势的关系[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(2): 209-214
- [20] You A Q, Lu X G, Jin H J, et al. Identification of quantitative trait loci across recombinant inbred lines and testcross population for trait of agronomic important in rice[J]. Genetics, 2006, 172: 1287-1330
- [21] Schrag T A, Möhring J, Melchinger A E, et al. Prediction of hybrid performance in maize using molecular markers and joint analyses of hybrids and parental inbreds[J]. Theor Appl Genet, 2010, 120: 451-461