

苜蓿 SSR 遗传距离与杂种优势的相关性分析

乌云塔娜, 石凤翎, 薛晓兰, 石凤玲, 崔楠

(内蒙古农业大学生态环境学院, 呼和浩特 010019)

摘要: 利用 SSR 标记技术对 40 份苜蓿材料(6 个雄性不育株系和 34 个苜蓿品种)的遗传距离进行分析, 并利用其中的 6 个不育株系与 14 个苜蓿品种测交, 进一步对遗传距离(GD)、产量配合力与杂种优势效应进行相关性分析。结果表明, 25 对 SSR 引物共扩增出 189 条谱带, 其中多态性条带 136 条, 平均多态性位点百分率为 69.23%; 40 份苜蓿材料的遗传距离为 0.1818~0.9091, 平均 0.4544; 各亲本一般配合力及遗传距离均与杂种优势效应存在显著正相关, 其中亲本一般配合力与杂种优势的相关性高于遗传距离。因此, 仅以 SSR 遗传距离还不足以准确地组配强优势组合, 需结合各性状配合力的分析, 以充分发挥杂种优势效应。

关键词: 苜蓿雄性不育系; SSR 标记; 牧草产量配合力; 遗传距离; 杂种优势

Correlation Analysis of SSR Genetic Distance and Heterosis on Alfalfa

WU Yun-tana, SHI Feng-ling, XUE Xiao-lan, SHI Feng-ling, CUI Nan

(College of Ecology and Environment, Inner Mongolia Agricultural University, Huhhot 010019)

Abstract: Genetic distances of 40 alfalfa materials (six male sterile lines and 34 alfalfa breeding materials) were analyzed using SSR markers. 6 sterility strain and 14 alfalfa varieties were used to find the difference in the coupling relationships among genetic distance (GD), yield combining ability and heterosis effect through test cross. The results showed that 25 SSR primers pairs amplified 189 bands, including 136 polymorphic bands with the average polymorphism loci percentage of 69.23%. The mean value of genetic distance was 0.4544 among the different alfalfa materials, and varied from 0.1818 to 0.9091. Both general combining ability and GD had significantly positive relationship with alfalfa heterosis. The correlation between general combining ability and alfalfa heterosis was higher than GD and heterosis. To improve heterosis effect, therefore, SSR genetic distance was not enough to assemble strong heterosis combination. Furthermore, estimating all of characters combining ability would be needed.

Key words: alfalfa male sterile lines; SSR markers; forage yields combining ability; genetic distance; heterosis

杂种优势是生物界中普遍存在的现象。苜蓿的杂交种优势显著, 增产潜力巨大, 但由于其自交结实可高达 22%, 获得杂交种的种子纯度不高。利用雄性不育系生产杂交种, 是解决人工去雄难、种子纯度不高等问题最经济有效的途径^[1]。为进一步培育能够满足不同生产需求的苜蓿杂交种, 还需利用改良的不育系组配出更多的强优势组合。借鉴农作物不育系的研究利用经验, 通过对大量杂交父本进行

杂种优势群的划分, 不仅可减少测交组配的工作量, 而且使杂交种选育的目标更加明确。

同时, 随着分子生物学的发展, SSR 分子标记技术已在农作物尤其在玉米、大豆、棉花等的杂种优势领域取得了显著成果。2004 年魏臻武^[2]建立了苜蓿基因组 DNA 的 SSR 分子标记体系, 同时构建了 55 个苜蓿品种的 SSR 指纹图谱。结果表明, 苜蓿基因组具有较丰富的 SSR 多态性(多态性可达

收稿日期: 2014-12-04 修回日期: 2015-04-25 网络出版日期: 2015-10-14

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20151014.1422.016.html>

基金项目: 国家自然科学基金(31260576)

第一作者研究方向为牧草遗传育种。E-mail: happybaby1213@163.com

通信作者: 石凤翎, 主要从事牧草遗传育种研究。E-mail: sf0000@126.com

98.8%),不同品种间 SSR 多态性差异明显,所以在苜蓿分子研究领域利用 SSR 分子标记技术具有良好的应用前景。本研究利用 SSR 分子标记技术通过遗传距离、产量配合力和杂种优势相结合的方法,将 40 份苜蓿材料划分出可有效利用的杂种优势群,为深入挖掘和利用优良苜蓿种质资源的优异基因,筛选苜蓿强优势杂交组合提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

6 个苜蓿雄性不育株系(代号分别为 1、2、5、10、12、13 号),均来源于中国农科院草原所沙尔沁种质

圃^[1]。选择与草原 1 号杂花苜蓿(本试验所用不育株系选育的原始材料)亲缘关系较远或地理远缘的 34 个苜蓿品种(表 1)进行 SSR 分子标记检测并计算遗传距离。其中 I ~ M10 作为父本材料用于测交,测定其亲本及杂交组合产量配合力的杂种优势。

1.2 研究方法

1.2.1 SSR 分子标记 采用改良的 CTAB 法进行基因组 DNA 提取,经质量和浓度鉴定后,参考魏臻武^[2]、I. Eujayl 等^[3]、M. K. Sledge 等^[4]发表的苜蓿 SSR 引物序列及在 NCBI 等网站苜蓿数据库上搜索到的 SSR 引物序列,选用 25 对 SSR 引物(表 2)对 40 份苜蓿材料进行 SSR-PCR 扩增反应。

表 1 34 份苜蓿品种及其来源

Table 1 34 alfalfa varieties and their sources

材料代号 Material code	材料名称 Material name	学名 Scientific name	来源 Source
I	龙牧 806 苜蓿	<i>M. sativa</i> × <i>M. Ruehenicus</i> cv. Longmu No. 806	黑龙江省畜牧科学所
II	直立型黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> cv. Zhilixing	中国农科院草原研究所
III	新疆大叶苜蓿	<i>M. sativa</i> cv. Xinjiang Daye	内蒙古农业大学
IV	杂花苜蓿	<i>M. varia</i>	俄罗斯乌兰乌德
M1、M2	准格尔苜蓿	<i>M. sativa</i> L. cv. Neimengzhungeer	内蒙古准格尔旗
M3	紫花苜蓿	<i>M. sativa</i> L.	中国农科院草原研究所
M4	敖汉苜蓿	<i>M. sativa</i> L. cv. Aohan	内蒙古赤峰
M5	Adrenalin	<i>M. sativa</i> L.	美国
M6	标杆苜蓿	<i>M. sativa</i> L.	中国农科院草原研究所
M7	Concept(先行者)	<i>M. sativa</i> L.	加拿大
M8、M9、M10	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	中国农科院草原研究所
1	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	天津
2	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	兰旗草籽场
3	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	北京畜牧所
4	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	内蒙古农业大学
5	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	中国农科院草原研究所
6	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	中国农科院草原研究所
7	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	清水河
8	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	中国农科院草原研究所
9	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	中国农科院草原研究所
10	黄花苜蓿	<i>M. falcata</i> L.	内蒙古农业大学
11	公农 1 号	<i>M. sativa</i> L. cv. Gongnong No. 1	集宁
12	猎人河苜蓿	<i>M. sativa</i> L.	中国农科院草原研究所
13	伊犁苜蓿	<i>M. sativa</i> L.	中国农科院草原研究所
14	新牧 1 号	<i>M. varia</i> Xinmu No. 1	山西五台县
15	肇东苜蓿	<i>M. sativa</i> L. cv. Zhaodong	黑龙江
16	维多利亚(Victoria)	<i>M. sativa</i> L.	维吉尼亚
17	中苜 2 号	<i>M. sativa</i> L. cv. Zhongmu No. 2	中国农科院草原研究所
18	皇冠(Phabulous)	<i>M. sativa</i> L.	纽约
19	巨人	<i>M. sativa</i> L.	中国农科院草原研究所
20	草原 3 号	<i>M. varia</i> Martin. cv. Caoyuan No. 3	中国农科院草原研究所

表 2 SSR-PCR 扩增反应体系引物

Table 2 Primer of SSR-PCR amplification reaction system

引物名称 Primer name	正向引物(5'-3') Forward primer(5'-3')	反向引物(5'-3') Reverse primer(5'-3')
BF106	TTCAATCTTCTCCTTTGATTGC	GTTTTCTGGATATTTGGATGG
MTIC365	ATCGGCGTCTCAGATTGATT	CGCCATATCCAAATCCAAAT
MTIC188	GGCGGTGAAGAAGTAAACGA	AATCGGAGAAAACACGAGCAC
MTIC475	GGATTGAAATGCACTCTCTC	TTAATAAACGCCGCTCTCT
afct1	CCCATCATCAACATTTTGA	TTGTGGATTGGAACGAGT
gBLs	AGCAATAGGCAATGGCTGCTCCTGC	AGCAATAGGCAATGGCTGCTCCTGC
afct45	TAAAAACGGAAAGAGTTGGTTAG	GCCATCTTTTCTTTTGCTTC
be323955	CACACTCTCTCTCTCCGGTTC	TGTCTCAGTGGTGGTTGTTA
al372288	AAATATCCATTCGATACAATGACC	CAGGCCTCAAGCTAAGAAGCTGT
AFca16	GGTCAACCAAGCATGT	TAAAAACATTACATGACCTCAA
AFca15	TTACGGGTCTAGATTAGAGAGTATAG	CAAAATGAGTATAGGGAGTGG
AFca1	CGTATCAATATCGGGCAG	TGTTATCAGAGAGAGAAAGCG
AFca11	CTTGAGGGAAGTATTGTGTGAGT	AACGTTTCCCAAACATACTT
AFca32	TTTTTGTCCCACCTCATTAG	TTGGTTAGATTCAAAGGGTTAC
AFet11	GGACAGAGCAAAAAGAACAAT	TTGTGTGAAAAGAATAGGAA
MTLEC2A	CGGAAAGATTCTTGAATAGATG	TGGTTCGCTGTCTCATG
B14B03	GCTTGTCTCTCTTCAAGCTC	ACCTGACTTGTGTTTTATGC
AF245	TCTTTCGGTTTATTGATGAT	GGTATTGAAGGATAAGGAAAT
MTR58	GAAGTGGAAATGGGAAACC	GAGTGAGTGACTGTAAGAGTGC
MAA660456	GGGTTTTTGATCCAGATCTT	AAGGTGGTCATACGAGCTCC
W6002	CATATTGTTAGATTGTGG	GTGAGCGTTAAGTTGCTAGAG
W6007	GATTTGGGCTCATTCCTTCTTGT	CCTGAAGGGGAAAATTGCCAC
W6018	AGCAGGATTTGGACAGTTGC	ACCGTAGCTCCCTTTTCCA
W6019	TGGAATTTGGATATAGGAAG	GCCATAAGAACTTCCACTT
MTIC232	TAAGAAAGCAGGTCAGGATG	TCCACAAATGTCTAAAACCADDD

1.2.2 SSR-PCR 扩增反应体系和反应程序 PCR 反应体系为:7.0 μL ddH₂O, 10.0 μL 2 \times Taq PCR MasterMix(购自鸿之惠药品公司), 1.0 μL 引物 1(引物终浓度 0.2 $\mu\text{mol/L}$), 1.0 μL 引物 2(引物终浓度 0.2 $\mu\text{mol/L}$), 1.0 μL 模板 DNA(约 30 ng)。反应程序为:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s;55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 1 min;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 90 s;40 个循环,最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。于 PTC-100DNA 扩增仪上进行 PCR 扩增反应。聚丙烯酰胺凝胶电泳、银染程序参见 CIM-MYT 分子遗传学实验室操作手册,选取扩增谱带清晰且具有多态性的引物统计结果。

根据 PCR 扩增结果,在相同迁移位置有带记为 1,无带记为 0,建立数据库。并按 M. Nei^[5]的方法分别计算不同苜蓿品种间的遗传相似系数 GS(ge-

netic similarity) 和遗传距离 GD(genetic distance)。遗传相似系数 $GS_{ij} = 2N_{ij}/(N_i + N_j)$,其中 GS_{ij} 是品种 i 与 j 的遗传相似性; N_{ij} 是 i、j 2 个品种共同具有的带数; N_i 是 i 品种具有的带数, N_j 是 j 品种具有的带数。遗传距离 $GD = 1 - GS$,以遗传距离为指标对各苜蓿品种进行系统聚类分析,将其划分为不同的杂种优势群。聚类分析采用 NTSYS2. 10e 软件完成。

1.2.3 田间试验设计 按不完全双列杂交(NCII)设计以 6 个苜蓿雄性不育系为母本,14 个苜蓿品种(I、II、III、IV;M1-M10)为父本配制 84 个杂交组合。采取随机区组设计,株行距 50 cm \times 50 cm,小区面积 18 m²。小区土壤肥力和管理措施保持一致。开花初期随机取 15 个完整植株,测定生长第 4

年的亲本及其杂交组合平均单株牧草产量,计算一般配合力效应: $g_i = x_i - \bar{x}$; $g_j = x_j - \bar{x}$ 、特殊配合力: $S_{ij} = x_{ij} - \bar{x} - g_i - g_j$ (式中 g_i 表示 P_1 中第 i 个亲本的一般配合力效应, g_j 表示 P_1 中第 j 个亲本的一般配合力效应, \bar{x} 为试验总平均数, x_i 和 x_j 分别为 P_1 组和 P_2 组各组合的平均数)和杂种优势(%) = $(F_1 - MP) / MP \times 100\%$, 其中 F_1 为杂交组合值, MP 为双亲平均值。数据处理和统计分析用 Excel 和 SAS 9.0 软件完成。

2 结果与分析

2.1 亲本及其杂交组合牧草产量性状配合力效应分析

由图 1 可知,母本中仅 2 号不育系产量一般配合力表现为正值(0.56),显著高于其他母本($P < 0.05$),其余 5 个不育系的产量一般配合力效应无显

著差异($P > 0.05$)。在 14 份父本材料中 II 号和 III 号的一般配合力效应显著高于其他材料($P < 0.05$),且均为正值(0.53 和 1.22),其中 III 号父本一般配合力最高(1.22)。

对杂交组合进行特殊配合力效应分析(表 3),特殊配合力效应值大于等于 0 的杂交组合 47 个(占 55.95%),特殊配合力小于 0 的杂交组合 37 个(占 44.05%)。其中特殊配合力效应值最高的为杂交组合 $2 \times II$ (1.00),最低的组合为 $10 \times III$ (-1.64)。

2.2 牧草产量配合力与杂种优势效应的相关分析

根据 84 个杂交组合的杂种优势效应(表 4)结果表明,同一性状不同组合之间的杂种优势存在明显差异。产量配合力平均杂种优势为-17.03%。在各杂交组合中, $12 \times I$ 是杂种优势最强的组合(52.10%),其次是 $2 \times II$ (46.92%)。

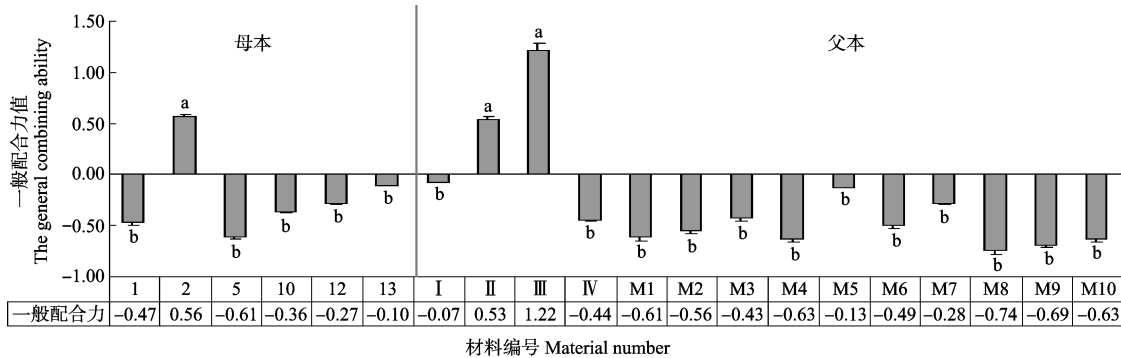


图 1 14 个苜蓿亲本牧草产量性状的一般配合力效应

Fig. 1 General combining ability values of forage yield characters of 14 alfalfa parents

表 3 杂交组合牧草产量特殊配合力效应值

Table 3 Specific combining ability effect of forage yield characters of cross combinations

父本 Male parent	母本 Female parent					
	1	2	5	10	12	13
I	-0.24	-0.18	-0.10	0.37	-0.20	0.19
II	-0.84	1.00	-0.70	-0.95	-0.69	-0.50
III	-1.53	-0.54	-1.39	-1.64	-0.31	0.66
IV	0.13	-0.90	0.27	0.02	-0.07	0.10
M1	0.47	-0.73	0.44	0.20	0.11	-0.07
M2	0.25	-0.57	0.39	0.14	0.05	0.10
M3	0.53	-0.91	0.54	0.02	-0.07	-0.24
M4	0.32	-0.71	0.64	0.43	0.13	0
M5	-0.18	-1.21	-0.04	0.36	-0.37	0.10
M6	0.47	-0.85	0.32	0.36	-0.01	-0.18
M7	0.51	-0.56	0.11	0.32	-0.23	-0.40
M8	0.43	-0.60	0.63	0.33	0.25	0.07
M9	0.38	-0.65	0.52	0.27	0.18	0.10
M10	0.47	-0.71	0.46	0.21	0.12	-0.05

表 4 各杂交组合的杂种优势

Table 4 The heterosis of hybrid combinations

父本 Male parent	母本 Female parent					
	1	2	5	10	12	13
I	-16.18	-45.56	-23.70	-56.39	52.10	-6.64
II	10.16	46.92	-24.19	-7.01	23.37	-44.55
III	-36.90	28.64	-2.20	-11.74	35.63	24.95
IV	-34.81	-8.75	-63.76	3.16	-26.19	-37.79
M1	-19.43	-26.11	-32.65	-16.19	-35.80	-11.35
M2	-50.00	-35.87	-31.58	-34.16	-22.41	24.01
M3	-8.36	-30.77	-1.29	-12.95	2.15	-5.85
M4	-46.96	-25.47	-4.95	-44.28	-13.31	-43.22
M5	-38.04	-10.43	-4.88	-15.57	-58.27	5.79
M6	-29.15	-34.10	-15.45	38.28	-19.93	-15.69
M7	-12.07	-21.96	-55.38	9.58	-2.73	-36.34
M8	-16.77	-29.00	-9.66	-9.49	7.59	-38.05
M9	-21.65	-18.45	-6.31	2.55	-47.25	-26.88
M10	-24.60	-21.21	-33.65	-22.95	-17.47	-33.00

为了探讨产量配合力与杂种优势的关系,对亲本及各杂交组合牧草产量配合力与杂种优势效应进行相关分析发现,亲本及各杂交组合配合力和杂种优势间存在不同程度的相关性,各亲本一般配合力与杂种优势效应间存在极显著正相关(相关系数为 0.6336),而亲本一般配合力和杂种优势与杂交组合特殊配合力间相关性不显著且呈负相关趋势(相关系数为 -0.9681)。

2.3 牧草产量配合力与杂种优势效应的聚类分析

利用亲本一般配合力,以 1.5 为阈值,可以将 6 个不育系和 14 个父本材料聚成 3 类(图 2): III 为第 1 类,在一般配合力表现中最好(1.22)。第 2 类为 2、II,在一般配合力中表现较好,其中 2 号为一般配

合力最高的不育系,一般配合力总效应值达 0.56。其余亲本材料为第 3 类,在一般配合力表现中最差。

根据 84 个杂交组合特殊配合力聚类分析(图 3),以 0.40 为阈值,可将 $1 \times I$ 、 $1 \times M1$ 、 $10 \times M2$ 等 56 个组合与 $2 \times M1$ 、 $5 \times II$ 、 $13 \times II$ 等 12 个组合各分为一类,并结合 84 个杂交组合杂种优势分析 $1 \times I$ 、 $1 \times M1$ 、 $10 \times M2$ 等 56 个杂交组合杂种优势表现居中; $2 \times M1$ 、 $5 \times II$ 、 $13 \times II$ 等 12 个杂交组合杂种优势表现较弱。因此,根据 84 个杂交组合特殊配合力聚类分析和杂种优势表现分析将剩余的组合 $1 \times II$ 、 $1 \times III$ 、 $2 \times II$ 、 $2 \times III$ 、 $2 \times IV$ 、 $2 \times M5$ 、 $5 \times III$ 、 $10 \times II$ 、 $10 \times III$ 、 $10 \times M6$ 、 $12 \times I$ 、 $12 \times II$ 、 $12 \times III$ 、 $12 \times M5$ 、 $13 \times III$ 、 $13 \times M2$ 分为强优势组合类别,以供进一步试验研究。

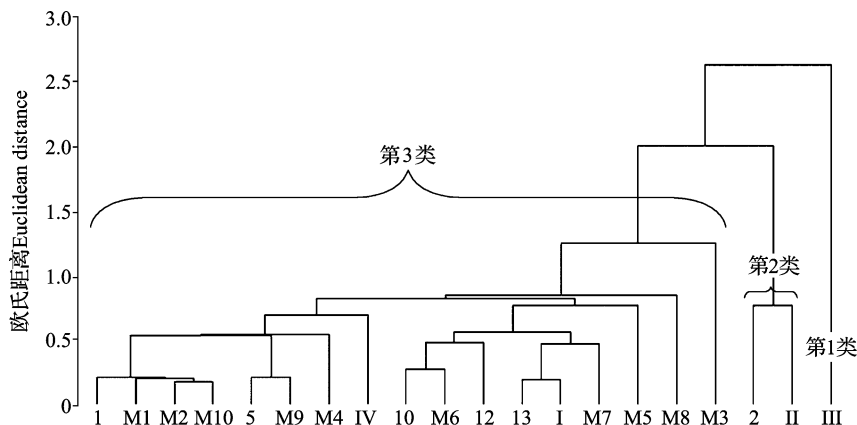


图 2 14 个苜蓿亲本一般配合力效应聚类分析

Fig. 2 General combining ability cluster analysis of 14 alfalfa parents

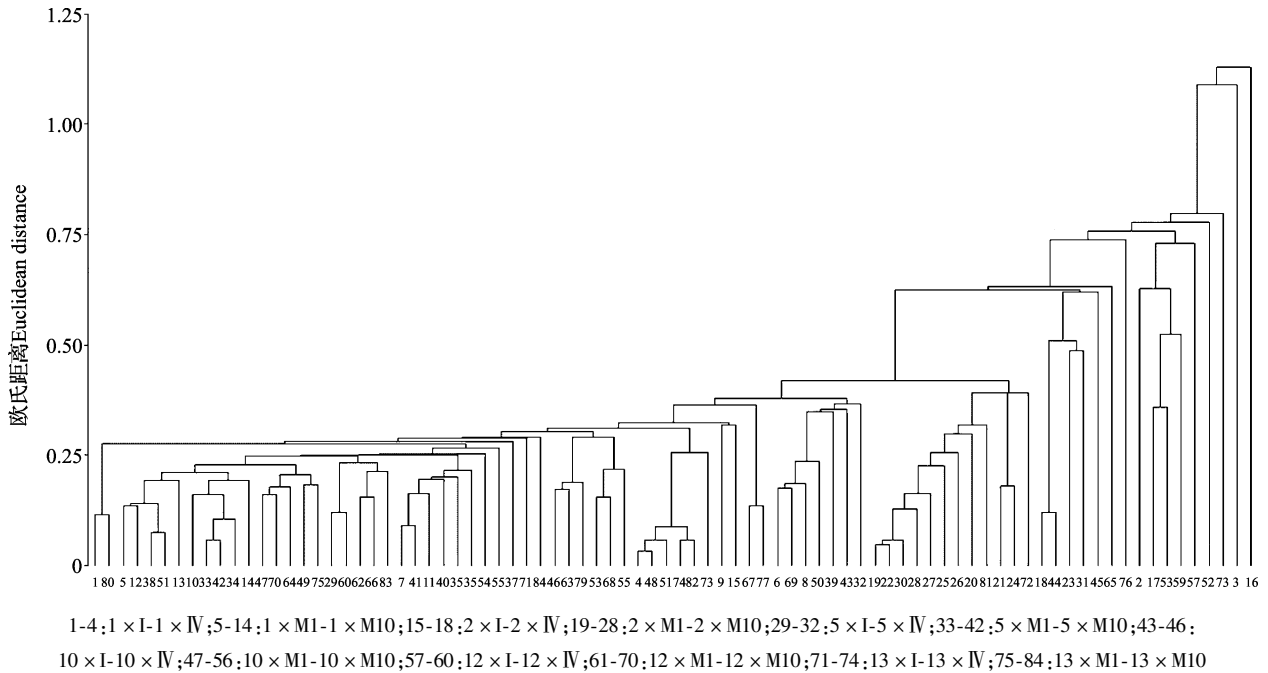


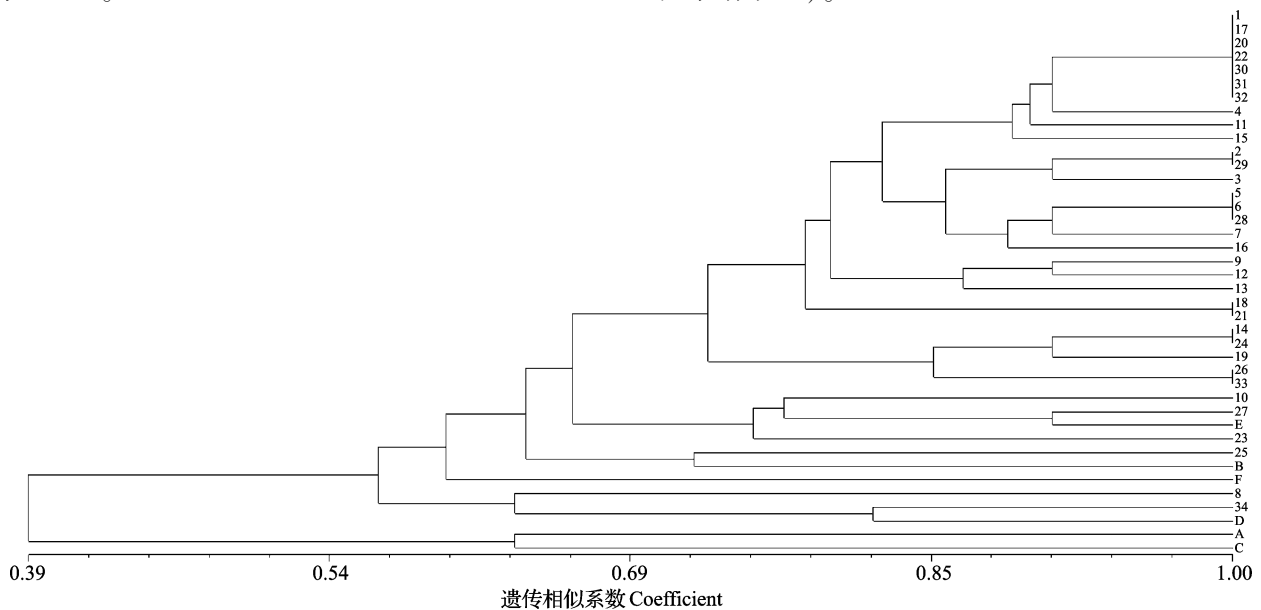
图3 杂交组合特殊配合力与杂种优势效应聚类分析

Fig. 3 Specific combining ability and heterosis effect cluster analysis of hybrid combinations

2.4 SSR 分子标记与亲本间遗传距离分析

根据 SSR 分子标记结果,25 对 SSR 引物对 40 份苜蓿材料扩增出 189 条谱带,其中多态性条带 136 条,平均多态性位点百分率为 69.23%。平均每对引物可扩增出 7.56 条谱带和 5.44 条多态性条带。利用 136 个多态性 SSR 标记计算 40 份苜蓿材料间的遗传相似系数(GS),其范围为 0.0909 ~ 0.8182,平均为 0.5456。

计算 40 份苜蓿材料的遗传距离(GD = 1-GS)为 0.1818 ~ 0.9091,平均 0.4544,表明各材料间的遗传差异较大。根据遗传相似系数矩阵,按 UPGMA 方法对 40 份亲本材料进行聚类分析,得到 SSR 分析聚类图(图 4),40 份苜蓿材料中与 6 个不育株系遗传距离最远的苜蓿品种是:材料 I、II、III、3、6、8、16、17、18 等;遗传距离最近的是材料 20(草原 3 号,图中编号 34)。



1-4;I-IV;5-14;M1-M10;15-29;1-20;30-34;16-20;A:1号;B:2号;C:5号;D:10号;E:12号;F:13号

图4 40份苜蓿材料 SSR 聚类树状图

Fig. 4 Dendrogram of 40 alfalfa materials on SSR genetic similarity by cluster analysis

2.5 遗传距离与杂种优势的相关性分析

将 40 份材料遗传距离与杂种优势效应进行分析发现,遗传距离与杂种优势效应间呈显著正相关(相关系数为 0.2437)。进一步对 84 个杂交组合中的强优势组合遗传距离分析发现(表 5),16 个强优势杂交组合的遗传距离范围在 0.3636 ~ 0.8182 之间。

表 5 16 个强优势杂交组合遗传距离

Table 5 16 cross combinations genetic distance

组合 Combination	遗传距离(GD) Genetic distance	组合 Combination	遗传距离(GD) Genetic distance
1 × II	0.4545	10 × III	0.4545
1 × III	0.5455	10 × M6	0.7273
2 × II	0.6364	12 × I	0.5455
2 × III	0.5455	12 × II	0.7273
2 × IV	0.5455	12 × III	0.6364
2 × M5	0.8182	12 × M5	0.7273
5 × III	0.3636	13 × III	0.5455
10 × II	0.5455	13 × M2	0.5455

3 讨论

3.1 一般配合力与杂种优势

配合力是杂交组配中亲本潜在能力的表现,是强优势杂交组合的重要参考依据。研究发现,生长第 2 年的亲本中 2、11、12 号不育株系一般配合力表现较好^[6];生长第 3 年的亲本中 4、10 和 12 号不育系一般配合力效应较高^[7]。本研究为生长第 4 年的亲本牧草产量一般配合力,结果表明,2、12 号不育系仍表现出较高的一般配合力,同时父本材料 I、II 的一般配合力表现也较好,因此作为杂交亲本具有较大的利用价值。

在杂交稻中的研究表明^[8-9],亲本的一般配合力和总配合力的大小是可以预测杂种优势强弱的。本研究表明,亲本的一般配合力与杂种优势呈显著正相关。双亲中至少有一个亲本的一般配合力较高时,尽管其杂交组合的特殊配合力效应不是最高,也可以组配出杂种优势较高的杂交组合。相反,利用一般配合力低的亲本配组,即使特殊配合力相对较高,也难有较强的杂种优势效应。由此说明,亲本一般配合力是影响组合杂种优势的重要因素之一。

3.2 特殊配合力与杂种优势

本研究表明,杂交组合特殊配合力与杂种优势

之间相关性不显著。在育种实践过程中,利用苜蓿雄性不育系配制杂交组合时,杂交组合 2 × II 的特殊配合力效应值为最高(1.00),但杂种优势最强的组合却是 12 × I (52.10%),其次是 2 × II (46.92%)。由此说明,特殊配合力大的组合杂种优势不一定也高。

在配合力与杂种优势的研究中已有大量报道,但不同学者得出的结果并不一致。大多数研究者认为只有亲本一般配合力高且组合特殊配合力也高的杂交组合才会有较强的杂种优势。谭震波等^[10]在杂交稻的研究中认为,特殊配合力与杂种优势的关系密切,并认为配合力总效应与主要的农艺性状间关系密切。本研究发现,2 × II、2 × M5、2 × III、12 × II、13 × III 等强优势组合的亲本中至少有一个的一般配合力高,同时组合的特殊配合力也相对较高,才能有较高的杂种优势效应。因此,先选择一般配合力较高的亲本进行配组,再从中选择特殊配合力也高的组合,才能有效提高组合的杂种优势,筛选出强优势的杂交组合。

3.3 遗传距离与杂种优势

崔国惠等^[11]的研究结果表明,SSR 分子标记能应用于杂种优势群的划分。张志清等^[12]认为,利用 SSR 分子标记可能是应用于杂种优势的有效方式。但在小麦的研究中,SSR 标记亲本遗传距离之间的相关程度均较低。因此,利用 SSR 遗传距离预测小麦的杂种优势还有待研究。

本研究结果表明,40 份苜蓿材料间的遗传差异较大,且遗传距离与杂种优势间呈显著正相关,即遗传距离远的亲本组配出的组合杂种优势强的几率越大。表明了 SSR 分子标记应用于苜蓿遗传多样性分析、杂种优势预测和基因定位等方面的实践可能性。但本研究中得出的遗传距离与杂种优势间的相关系数(0.2437)偏小,进一步对 84 个组合杂种优势与遗传距离的对比研究发现,并不是遗传距离越大其杂种优势效应越强,而是遗传距离范围在 0.3636 ~ 0.8182 之间的 16 个杂交组合表现为强优势。由此说明,遗传距离在一定范围内的亲本间进行组配,更有利于杂种优势的表现,且仅以 SSR 遗传距离还不足以准确地预测杂种优势。因此,遗传距离与杂种优势的相关性仍有待进一步研究与探讨。

4 结论

4.1 在 6 个雄性不育株系和 34 个苜蓿品种中 2、

12号不育株系和Ⅱ、Ⅲ的遗传距离及牧草产量一般配合力均较大(高),可以组配出较强的优势组合。

4.2 通过牧草产量特殊配合力和杂种优势效应的聚类分析将84个杂交组合划分为3类,其中 $2 \times \text{II}$ 、 $2 \times \text{III}$ 、 $12 \times \text{I}$ 、 $12 \times \text{III}$ 为强优势杂交组合。

4.3 SSR遗传距离应用于苜蓿杂种优势预测是可行的,但仅以SSR遗传距离还不足以准确地预测杂种优势。需结合各性状配合力的分析配制杂交组合,研究杂种优势的规律,充分发挥杂种优势效应。

参考文献

[1] 蔡丽艳. 苜蓿雄性不育系杂交种牧草产量优势形成机理研究[D]. 呼和浩特:内蒙古农业大学,2010

[2] 魏臻武. 利用SSR、ISSR和RAPD技术构建苜蓿基因组DNA指纹图谱[J]. 草业学报,2004,13(3):62-67

[3] Eujayl I, Sledge M K, Wang L, et al. *Medicago truncatula* EST-SSRs reveal cross-species genetic markers for *Medicago* spp. [J]. Theor Appl Genet,2004,108(3):414-422

[4] Sledge M K, Ray I M, Jiang G. An expressed sequence tag SSR map of tetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet,2005,111(5):980-992

[5] Nei M. Molecular evolutionary genetics[M]. New York:Columbia University Press,1987:106-107

[6] 陈海玲,石凤翎,徐军,等. 苜蓿雄性不育系配合力和遗传力分析[J]. 草业科学,2010,27(10):64-68

[7] 乌云塔娜,石凤翎,翟夏杰,等. 苜蓿雄性不育株系及其杂交组合牧草产量配合力与优势效应分析[C]. 北京:第二届中国草业大会论文集,2012:351-356

[8] 何予卿,戚华雄,王长义. 两系杂交粳稻主要亲本配合力测定

[J]. 华中农业大学学报,1995,14(3):220-225

[9] 龙太康,吴凡,王茂理. 杂交水稻主要性状的配合力及遗传效应初步研究[J]. 绵阳农专学报,1995,12(2):1-9

[10] 谭震波,况浩池. 杂交稻若干品质性状的配合力初步研究[J]. 杂交水稻,1993(2):34-36

[11] 崔国惠,倪中福,刘志勇,等. 小麦杂种优势群研究Ⅲ普通小麦和斯卑尔脱小麦微卫星分子标记遗传差异的研究[J]. 农业生物技术学报,1999,7(4):333-338

[12] 张志清,郑有良,魏育明,等. SSR标记遗传距离与小麦杂种优势相关分析[J]. 四川农业大学学报,2003,21(1):6-9

[13] 蔡丽艳,石凤翎,张福顺,等. 苜蓿杂种优势研究进展[J]. 中国草地学报,2010,32(4):92-97

[14] Hoisington D, Khairallah M, Gonzalez-de-leon D, et al. CIMMYT applied molecular genetics laboratory [M]. Mexico: CIMMYT,1998

[15] 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

[16] 李新海,袁力行,李晓辉,等. 利用SSR标记划分70份我国玉米自交系的杂种优势群[J]. 中国农业科学,2003,36(6):622-627

[17] 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

[18] 张彩英,李喜焕,常文锁,等. 应用SSR标记分析大豆种质资源的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报,2008,9(3):308-314

[19] 番兴明,谭静,张世煌,等. 利用SSR标记对29个热带和温带玉米自交系进行杂种优势群的划分[J]. 作物学报,2003,29(6):835-840

[20] 段运平,陈卫国,李明顺,等. 利用SSR标记分析27个玉米群体的遗传关系[J]. 中国农业科学,2006,39(6):1102-1114

[21] 姚文华,罗黎明,汪燕芬,等. 利用SSR标记和产量对27份玉米自交系进行杂种优势群划分[J]. 玉米科学,2009,17(1):54-58

欢迎订阅 2016 年《中国草地学报》

《中国草地学报》是由中国农业科学院草原研究所和中国草学会共同主办的国家级草学学术期刊。本刊为全国中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国农业核心期刊、RCCSE中国核心学术期刊、中国科学引文数据库来源期刊和全国优秀农业期刊,并被《中国核心期刊(遴选)数据库》、《万方数据-数字化期刊群》、《中文电子期刊资料服务库》、《中国科技论文与引文数据库》、《中国学术期刊综合评价数据库》、《中国期刊全文数据库》、《中国学术期刊(光盘版)》、《中国期刊网》、《中国知网》、《中国生物医学文献数据库》和《中国生物学文摘》等多种数据库及二次文献收录。

本刊主要栏目设置有专题报告、研究报告、综述与专论、研究简报等,主要刊登内容有草原学、牧草学、草地学和草坪学等学科领域内有关草地与牧草资源、草地经营管理与改良利用、牧草遗传育种与引种栽培、牧草生理生化、草地建设与生态保护、草地生产与饲草料加工调制、草坪绿地、草业经济与可持续发展战略等。栏目主要有读者对象为从事草业科研、教学、生产和管理的专家、学者、院校师生、领导及业内中高级科技人员,也适合农学、畜牧学、林学、环境科学、地理科学等相关领域的科技人员阅读参考。

双月刊,每期定价15元,全年90元。国内统一刊号CN15-1344/S,国内邮发代号16-32,全国各地邮局(所)均可订阅,也可直接向本刊编辑部补订。

地址:呼和浩特市乌兰察布东街120号

邮编:010010

电话:(0471)4928361(办公室);(0471)4926880(总编室)

E-mail:zgcdxb@126.com