

文章编号: 1005-0906(2009)01-0054-05

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

姚文华, 罗黎明, 汪燕芬, 黄云霄, 段智利,
徐春霞, 陈洪梅, 谭 静, 番兴明

(云南省农业科学院粮食作物研究所, 昆明 650205)

摘要: 利用 SSR 标记技术对 23 份玉米自交系和 4 个测验种进行杂优类群研究。从 117 对引物中筛选出 77 对扩增带谱清晰且具有多态性的 SSR 引物, 在供试材料中检测到 398 个等位基因变异, 计算 27 个自交系间的遗传距离(GD)在 0.107 4~0.438 0, 平均 0.288 0。分析 GD 和产量发现, GD 大于 0.310 0 的组合具有明显产量优势, GD 小于 0.288 0 组合的产量优势较弱; 根据分子聚群并结合产量和系谱来源分析, 将 27 份自交系划分为 3 个杂种优势群 A 群、B 群和 C 群。

关键词: 玉米自交系; SSR; 遗传距离; 杂种优势群

中图分类号: S513.024

文献标识码: A

Heterotic Grouping of 27 Maize Inbred Lines Divided by SSR Markers and Yields

YAO Wen-hua, LUO Li-ming, WANG Yan-fen, FAN Xing-ming, et al.

(Institute of Food Crops, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China)

Abstract: Heterotic grouping of 23 maize inbred lines and 4 testers were classified by SSR markers. A set of 77 polymorphic SSR primers were selected from 117 primers, Genetic distances(GD) based on SSR markers of 27 lines ranging from 0.107 4 to 0.438 0, with an average of 0.288 0. Comparison of GD with yields, it could be found that the combinations with GD > 0.310 0 had great yield heterosis, while the combinations with GD < 0.288 0 had low yield heterosis. Combined with molecular markers and yield as well as pedigree data, the 27 inbred lines were classified into three heterotic groups A, B and C.

Key words: Maize inbred line; SSR; Genetic distance; Heterotic groping

近十年来我国玉米育种资源发生了很大改变, 尤其是地方种质与国外种质互相渗透以及温热种质的互导, 使种质基础发生了较大变化, 给杂种优势群的划分带来极大困难。玉米研究者将分子标记技术应用用于玉米自交系杂种优势群的研究, 进一步推动

了优势群划分方法的进展, 但不能准确预测育种中最关注的产量指标, 因此仅以分子标记划分的杂种优势群应用于育种生产必然会受到一定的限制。有研究者提出将亲缘关系和田间试验相结合划分的杂种优势群会具有更大的应用价值。

本文利用 SSR 分子标记对自交系的 DNA 多态性和遗传距离进行分析, 并结合田间产量及配合力分析将所选材料划分出可以有效利用的杂种优势群, 为指导种质的改良、扩增和创新及杂交组合的亲本选配提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

收稿日期: 2008-03-26; 修回日期: 2008-07-06

基金项目: 云南省自然科学基金项目(2004C0011Z)

作者简介: 姚文华(1980-), 男, 山东菏泽人, 硕士, 研究方向为分子遗传研究与玉米遗传育种。

E-mail: yaowenhua-sdau@163.com

番兴明为本文通讯作者。Tel: 0871-589250

E-mail: xingmingfan@vip.km169.net

23 份优良自交系和 4 个代表国内玉米核心种质的骨干自交系 Mo17(Lancaster 群)、丹 340(旅大红骨群)、黄早四(塘四平头群)和掖 478(Reid 群)为标准测验种(表 1)。

表 1 供试自交系及其系谱来源
Table 1 Maize inbred lines and their pedigrees in the study

自交系 Inbred lines		系谱来源 Sources of pedigree	自交系 Inbred lines		系谱来源 Sources of pedigree
YML411	Si204		YML024		忻自 9102
齐 205	亚热带种质 Pop70QPM 导入温带材料(潍矮 141 × 中系 017)		YML401		忻自 401
YML872	ZPL108		CML163		Pool26
CA307	—		CML166		Pop66
中系 096/o2	中系 096		CML161		Pool25
YML042	Si204		CML165		Pop66
CA10139	Pool33		CML170		Pool26
H152	黄早四、E28、Mo17 和来自 Mo17 亚群 × 自 330 亚群的 150 混合种植 3 代,再经 8 代选择而来		CML171		Pool25
长 709/o2	长 709		CML172		Pool25
YML330	忻自 330		Mo17		系 178-2 × C103
长 631/02	长 631		丹 340		旅 9 × 有稈玉米
YML011	忻 9101		黄早四		塘四平头
YML065	8065QPM		掖 478		U8112 × 沈 5003
8129QPM	—				

注:CML 为 CIMMYT 选育的自交系,YML 为云南省农科院选育的自交系。
Note:CML,YML respectively point the inbreds of CIMMYT and Yunnan academy of agricultural sciences.

1.2 研究方法

1.2.1 SSR 分子标记实验

采用 CTAB 法提取 DNA。PCR 扩增反应、聚丙烯酰胺凝胶电泳检测、印染程序参见 CIMMYT 分子遗传学实验室操作手册,用 117 对 SSR 引物对 27 份自交系进行分析,选取扩增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,缺失数据记为 9,建立数据库。多态性信息量(Polymorphism information content PIC)计算公式如下: $PIC=1-\sum f_i^2$, f_i 为 i 位点的基因频率。遗传相似值(Genetic similarity,GS)和遗传距离(Genetic distance,GD)计算公式: $GS=m/(m+n)$; $GD=1-GS$ 。 m 表示基因型间共有带数目, n 表示基因型间差异带数目。按 UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average) 方法进行聚类分析。数据统计在 NTSYSpc-2.1 软件下完成。

1.2.2 田间试验设计

按 NC-II 遗传交配设计,以 23 份优良自交系为母本,以 4 个标准测验种为父本,在云南省昆明组配 92 个测交组合。在云南省昆明(海拔 1 960 m)、曲

靖(海拔 1 862.5 m)和德宏州(海拔 913.8 m)3 种不同的生态环境分别进行杂交组合田间鉴定试验。试验采用完全随机区组设计,3 次重复,单行区,行长 5 m,行距 70 cm,株距 25 cm,密度约为 57 140 株/hm²。田间管理同大田,成熟后每小区选择除行头株以外连续收获 5 株,子粒风干至恒重称取子粒重量,并计算平均单株产量。根据考种结果,采用 NC-II 遗传交配设计分析方法用 SAS 统计软件对单株产量进行配合力方差分析。

2 结果与分析

2.1 聚类分析

利用 398 个多态性 SSR 标记计算 27 份自交系间的遗传相似系数(GS),其范围为 0.562 0~0.892 6,平均为 0.712 0 (遗传距离 $GD=1-GS$ 为 0.107 4~0.438 0,平均 0.288 0)。其中自交系 YML042 和 YML411 遗传相似性最大为 0.892 6;掖 478 和 YML065 遗传相似性最小,为 0.562 0。根据遗传相似系数矩阵,按 UPGMA 方法对 27 个玉米自交系进行聚类分析,得到 SSR 分析聚类图(图 1),除 YML411 和 YML042 外,所有自交系均被有效分开。

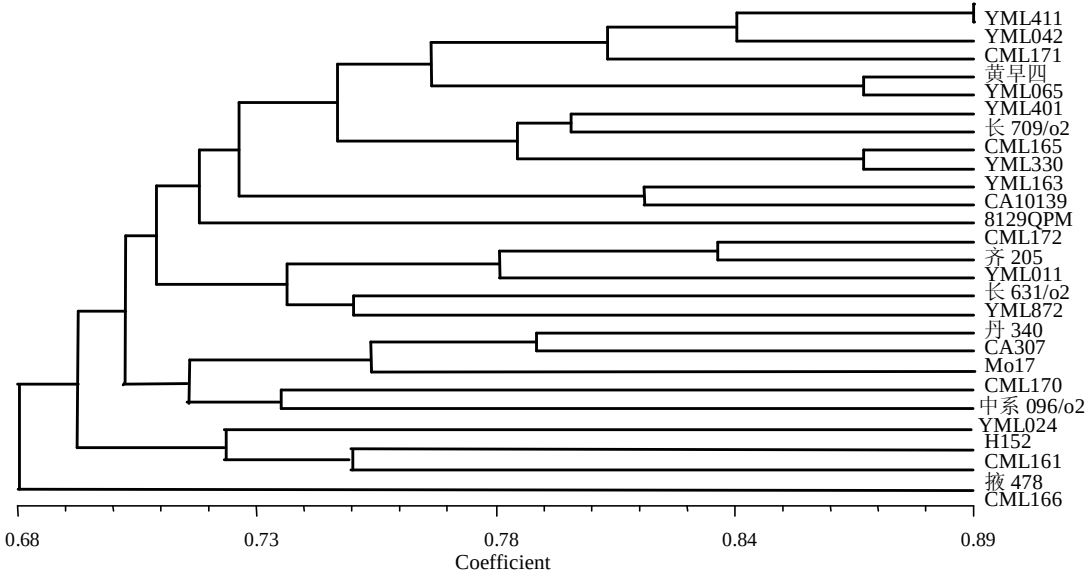


图 1 27 份玉米自交系的 SSR 聚类树状图

Fig.1 Dendrogram of 27 maize inbred lines based on SSR genetic similarity by cluster analysis

2.2 遗传距离与产量优势分析

27 份玉米自交系遗传距离的变化范围为 0.107 4~0.438 0,平均为 0.288 0。由田间试验得知 3 点田间单株平均产量在 83.3~168.9 g,平均为 125.1 g。分析遗传距离和单株产量发现并没有太大的相关性(表 2);进一步分析发现 *GD* 小于 0.288 0 组合的单株产量大多数小于 125.1 g。组合 CML170×Mo17、齐 205×丹 340、YML872×丹 340、YML011×丹 340、H152×掖 478、CML161×掖 478 的双亲间遗传距离小于 0.288 0,而单株产量大于 125.1 g,占有组合数的 6.5%;有 28 个组合双亲间遗传距离大于 0.288 0,而单株产量小于 125.1 g,占有组合数的 30.4%。说明遗传距离大的组合配出

高产杂交种的几率较大。
进一步分析可知,遗传距离在 0.288 0~0.300 0 范围内组合的产量无规律性,分析遗传距离较大而单株产量较低的 28 个组合,发现 16 个组合遗传距离在 0.288 0~0.300 0,4 个组合在 0.300 0~0.310 0,8 个遗传距离大于 0.310 0。其中大于 0.310 0 的组合大部分是以掖 478 为父本(YML042×Mo17 除外),分析 3 个试点产量发现与掖 478 组配的杂交组合在曲靖点低于另外两试点近 25%;方差分析表明产量与地点互作($P<0.000\ 1$)达极显著水平,这可能与掖 478 组配的杂交组合不适应曲靖的环境条件有关,致使遗传距离大而产量偏低(表 2)。

表 2 92 个测交组合的单株产量和遗传距离
Table 2 Single plant yield and GD of 92 test-crosses

被测系 Tested lines	Mo17		丹 340 Dan340		黄早四 Huangzaosi		掖 478 Ye478	
	产量(g) Yield	GD	产量(g) Yield	GD	产量(g) Yield	GD	产量(g) Yield	GD
YML411	132.7	0.290 2	160.7	0.298 9	111.6	0.179 7	105.1	0.298 8
齐 205	153.8	0.305 1	135.3	0.262 4	91.8	0.289 0	132.4	0.297 1
YML872	128.9	0.372 1	144.9	0.242 4	103.4	0.287 9	147.3	0.297 7
CA307	116.0	0.178 1	144.0	0.291 9	118.9	0.299 7	139.8	0.312 7
中系 096/o2	124.1	0.219 9	143.9	0.299 3	108.7	0.294 2	133.6	0.330 7
YML042	122.2	0.339 9	168.9	0.293 9	83.3	0.205 7	125.1	0.339 7
CA10139	135.4	0.315 1	110.5	0.309 1	114.2	0.265 1	118.8	0.338 0
H152	127.6	0.314 4	132.8	0.305 1	107.8	0.303 1	135.1	0.263 3
长 709/o2	113.6	0.305 4	128.1	0.314 3	96.8	0.269 7	134.2	0.297 1
YML330	125.2	0.322 4	126.9	0.298 4	105.3	0.281 2	113.2	0.313 2
长 631/o2	124.9	0.340 8	119.9	0.263 3	106.0	0.292 9	144.2	0.330 2

续表 2 Continued 2

被测系	Mo17		丹 340 Dan340		黄早四 Huangzaosi		掖 478 Ye478	
Tested lines	产量(g) Yield	GD	产量(g) Yield	GD	产量(g) Yield	GD	产量(g) Yield	GD
YML011	130.3	0.296 2	130.4	0.231 0	95.7	0.291 2	117.2	0.296 7
YML065	125.8	0.363 1	139.1	0.347 2	118.7	0.278 7	132.6	0.438 0
8129QPM	116.0	0.291 0	150.9	0.298 5	108.4	0.254 4	126.4	0.312 5
YML024	124.7	0.274 8	113.2	0.298 7	110.4	0.306 0	103.2	0.337 1
YML401	128.8	0.329 7	121.4	0.296 9	118.7	0.250 7	121.1	0.354 4
CML163	131.8	0.306 9	143.3	0.313 6	111.5	0.288 7	121.6	0.319 8
CML166	152.1	0.348 0	136.7	0.289 8	134.3	0.314 1	133.6	0.322 3
CML161	135.7	0.309 8	129.0	0.291 2	118.7	0.288 8	129.9	0.242 9
CML165	127.8	0.298 2	118.8	0.289 8	108.0	0.263 1	114.7	0.293 1
CML170	140.6	0.243 1	148.4	0.293 1	89.4	0.295 9	127.8	0.356 0
CML171	138.0	0.306 1	144.1	0.298 9	116.8	0.178 8	116.3	0.313 7
CML172	134.9	0.337 9	120.1	0.298 1	107.2	0.268 8	118.1	0.331 0

2.3 杂种优势群分析

根据遗传距离与产量分析可知，在遗传距离较大范围内(0.310 0~0.438 4)组合比遗传距离较小范围内(0.107 4~0.288 0)组合的产量偏高,因此初步认为遗传距离在 0.310 0~0.438 0 的组合亲本大部分属于不同的杂种优势群，遗传距离在 0.107 4~0.288 0 的组合亲本属于同一个杂种优势群;遗传距离在 0.288 0~0.310 0 的组合以田间产量为主(最低产量组合的自交系与测验种分在同一杂种优势群)以遗传距离为辅将亲本划分杂种优势群。根据以上分析将 27 份自交系划分为 3 个杂种优势群。A 群:齐 205、YML872、CA10139、长 709/o2、YML330、长 631/o2、YML011、YML065、ML401、CML161、CML165、

CML171、CML172、丹 340、黄早四;B 群:YML411、CA307、中系 096/o2、YML042、8129QPM、CML170、Mo17;C 群:H152、YML024、CML163、CML166、掖 478。

2.4 产量一般配合力分析与优良自交系组配模式

产量一般配合力分析表明:YML411、齐 205、YML872、CA307、中系 096/o2、YML065、CML166、CML161、CML171、Mo17 和丹 340 的单株产量 GCA 效应值较高，用这些自交系做亲本容易组配出产量较高的杂交种;CA10139、长 709/o2、YML330、YML011、YML024、CML165 和黄早四的单株产量 GCA 较低，用这些自交系做亲本很难组配出产量较高的杂交种(图 2)。

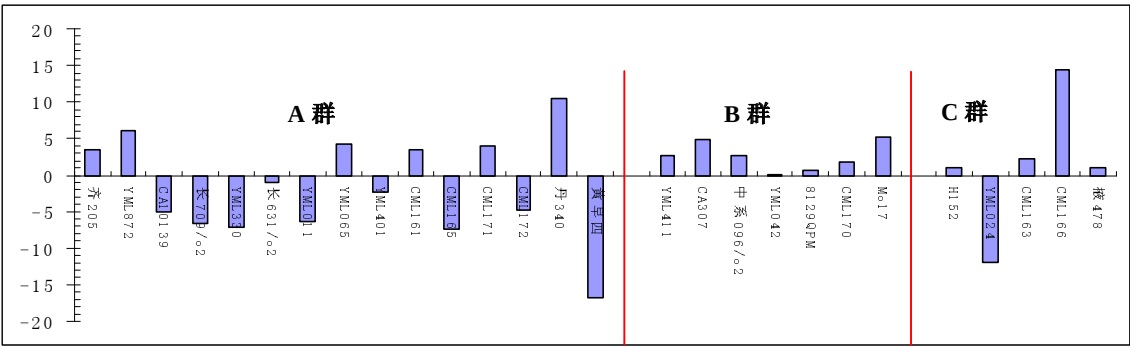


图 2 23 份被测系和 4 个测验种单株产量一般配合力效应值

Fig.2 Estimates of GCA among 23 tested inbred lines and four testers for yield per plant

3 讨 论

两个遗传距离在相差较小的情况下，很难确定两个组合产量的高低;遗传距离在大于一定值(本研

究为遗传距离平均值 0.288 0)的情况下,产量优势较为明显。
把遗传距离大于 0.310 0 的自交系基本划在了不同的优势群,而遗传距离小于 0.288 0 的自交系基

本划在了同一个优势群,遗传距离在 0.288 0~0.310 0 的自交系参考杂交产量划群。在亲缘关系和产量优势的基础上将 27 份自交系划分为 3 个杂种优势群,其中黄早四和旅大红骨类群为一杂种优势群,兰卡斯特类群为一群,瑞德类群为一群,与李登海的观点一致。

人们为了选育品种的需要而将自交系划分为不同的杂种优势群。番兴明提出“三群法”和“三角形杂种优势模式”有利于提高玉米育种的工作效率;潘光堂认为四川农业大学玉米研究所以及西南大多数玉米育种单位的品种基本是根据“三群法”和“三角形杂种优势模式”选育的。李建生认为西南区玉米划分为 3 个杂种优势群比较合理。本研究通过分子实验和田间试验分析,表明将 27 份自交系划分为 3 个杂种优势群:A 群、B 群和 C 群较为合理,并根据配合力分析选出 11 个一般配合力较高的自交系,将 11 个自交系按“三角形杂种优势模式”相互组配,对有效选育高产杂交种具有指导作用。

在同一杂种优势群内的自交系组配出高产杂交组合的概率一般不大,在不同的杂种优势群间选择产量一般配合力较高的自交系容易组配出高产杂交组合。A 群中产量一般配合力较高的自交系包括齐 205、YML872、YML065、CML161、CML171、丹 340;B 群中包括 YML411、CA307、中系 096/o2、Mo17;C 群中包括 YML166。A 群、B 群和 C 群是在分析遗传距离和产量优势基础上得出的杂种优势群,群间自交系相互之间都具有一定的产量优势。因此,选择 3 个群中的优良自交系随机组配即采用 $A \times B$ 、 $A \times C$ 、 $B \times C$ 模式,可以大大减少组合选配的盲目性,提高育种的工作效率。

参考文献:

- [1] Li Y, Du J, Wang T, Shi Y, et al. Genetic diversity and relationships among Chinese maize inbred lines revealed by SSR markers[J]. *Maydica*, 2002, 47: 93–101.
- [2] Enoki H, Sato H, Koinuma K. SSR analysis of genetic diversity among maize inbred lines adapted cold regions of Japan[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 104: 1270–1277.
- [3] Marilyn L. Warburton, Xia Xianchun, et al. Genetic characterization of CIMMYT inbred lines and open pollinated populations using large scale fingerprinting methods[J]. *Crop Science*, 2002, 42: 1832–1840.
- [4] 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.
- [5] Xia X C, Reif J C, Hoisington D A, et al. Genetic Diversity among CIMMYT maize inbred lines investigated with SSR markers: I. Low-land tropical maize[J]. *Crop Sci.*, 2004, 44: 2230–2237.
- [6] Townsend M S, John A H. Potential heterotic groups in hop as determined by AFLP analysis[J]. *Crop Sci.*, 2005, 45: 1901–1907.
- [7] 番兴明,张世煌,谭 静,等. 根据 SSR 标记划分优质蛋白玉米自交系的杂种优势群[J]. *作物学报*, 2003, 29(1): 105–110.
- [8] Menkir A, Melake-Berhan A, The C, et al. Grouping of tropical mid-altitude maize lines on the basis of yield data and molecular markers[J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2004, 108: 1582–1590.
- [9] 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): 1102–1113.
- [10] Hoisington D, Khairallah M, Gonzalez-de-leon D, et al. CIMMYT applied molecular genetics laboratory[M]. Mexico DF. CIMMYT. 1998.
- [11] Smith O S, Chin E C L, Smith O S, et al. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize: Comparison with data from RFLPs and pedigree[J]. *Theor. Appl. Genet.*, 1997, 95: 163–173.
- [12] 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.
- [13] 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.
- [14] Xie Chuan-xiao, Zhang Shi-huang, Li Min-shun, et al. Inferring genome ancestry and estimating molecular relatedness among 187 Chinese maize inbred lines[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2007, 34(8): 738–748.
- [15] 吴敏生,王守才,戴景瑞. RAPD 分子标记与玉米杂种产量优势[J]. *遗传学报*, 1999, 26(5): 578–584.
- [16] 袁力行,傅骏骅,刘新芝,等. 利用分子标记预测玉米杂种优势的研究[J]. *中国农业科学*, 2000, 33(6): 6–12.
- [17] 黄益勤,徐尚忠,李建生. RFLP 分子标记杂合性与玉米 F_1 产量性状相关的研究[J]. *中国农业科学*, 2006, 39(10): 1962–1966.
- [18] 姚 杰. 提高玉米育种创新能力加快新品种选育速度——玉米育种专家访谈录[J]. *作物杂志*, 2007(5): 1–4.
- [19] 番兴明,姚文华,黄云霄. 提高玉米育种效率的技术途径[J]. *作物杂志*, 2007(2): 1–4.

(责任编辑:朴红梅)