

2 个玉米人工合成群体部分 S_1 株系 SSR 分析与产量配合力研究

张 华, 杨克诚

(四川农业大学 玉米研究所, 四川 雅安 625014)

摘要: 以 39002 和 39007 群体不同基本株的 S_1 66 个单株及其与 3 个测验种按不完全双列杂交试验设计组配 198 个组合为供试材料, 对单株产量的配合力和供试群体 S_1 的多态位点数、基因杂合度等参数进行了分析, 并利用遗传相似系数进行聚类。结果表明, 39002 S_1 单株产量 GCA 的表现明显优于 39007 S_1 , 39002 S_1 的多态位点数、多态位点比例、基因型数、变异系数、基因杂合度等均大于 39007 S_1 , 说明 39002 S_1 的遗传组成较丰富, 同时表明 39002 S_1 自交后代的纯合速率可能比 39007 S_1 慢。此外, 39002 S_1 部分株系与 39002 S_1 部分株系聚在同一亚类, 说明它们之间可能有相似的遗传背景。

关键词: 玉米; 群体; S_1 株系; SSR 标记; 聚类分析; 配合力; 不完全双列杂交

中图分类号: S513.03 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-7091(2008)01-0055-07

Studies on SSR Analysis of Two Synthesized Corn Population S_1 Strain and Yield Combining Ability

ZHANG Hua, YANG Ke-cheng

(Maize Research Institute, Sichuan Agricultural University, Yaan 625014, China)

Abstract: Many maize breeders have been paying attention and efforts to solve the problem of narrow genetic diversity in maize. In order to broaden the genetic basis in maize breeding, It is necessary to know the genetic diversity in the current maize hybrids. There may be two ways to study the genetic diversity in breeding. The one is to analyze the parents of maize hybrids. The other is to analyze the parents of maize hybrids. In this study, analyses of yield combining ability, SSR molecular markers was made to study in 198 combinations which come from different strains in the basic S_1 66 plants of 39007 and 39002 groups and three types of tests in Incomplete Diallel Cross Experiments. The results showed that 39002 S_1 groups showed more excellent in GCA of yield than 39007 S_1 groups, number of polymorphic locus, proportion of polymorphic locus, genes heterozygosity parameters of material and gene heterozygote in 39002 S_1 groups over 39007 S_1 groups, 39002 S_1 groups have more genetic diversity than 39007 S_1 groups. And part of strain in 39002 S_1 groups have the same genetic background with 39002 S_1 groups.

Key words: Maize; Group; S_1 strain; SSR; Cluster analysis; Combining ability; Incomplete diallel cross

近年来, 种质资源丧失与贫乏的危机日益突出。玉米种质基础狭窄、遗传性过于单一, 易造成流行病害的发生。并且, 狭窄的种质基础严重制约了进一步发掘杂种优势潜力和增强抗逆能力的可能性^[1-4]。因此, 构建玉米人工合成群体, 通过自交后代选择或对群体进行改良, 对拓宽玉米种质基础, 提

高育种效率具有重要意义。从 1985 年起, 国际玉米小麦改良中心把群体合成与玉米杂交种选育相结合。着手合成了一批新的群体, 这些群体把杂种优势的潜力放在重要位置, 包括热带杂种优势群体 A、热带杂种优势群体 B、选系群体—1、选系群体—2、选系群体—3 和选系群体—4。最近, 国际玉米小麦

收稿日期: 2007-12-18

基金项目: 国家“十五”科技攻关计划项目(2000BA525B04); 教育部长江学者和创新团队发展计划项目(IRT0453); 四川省玉米育种攻关项目

作者简介: 张 华(1982-), 男, 四川江油人, 硕士, 主要从事玉米遗传育种研究。

通讯作者: 杨克诚(1940-), 男, 四川郫县人, 教授, 博士生导师, 主要从事玉米遗传育种研究。

改良中心为了适应发展中国家玉米生产的迅猛发展,调整研究方向和技术路线,组织实施了全球玉米种质评价、扩增、改良与创新计划,目的是利用先进的育种技术改良世界各国的玉米种质资源,培育农艺性状优良的自交系、杂交种、群体和基因库。自20世纪70年代初期以来,四川农业大学在改良创新玉米种质方面作了大量开拓性工作。包括将热带、亚热带种质导入温带材料,合成温热带种质综合种;采用混合选择和全同胞轮回选择对合成群体进行改良并较系统地研究其改良效果;探讨群体改良与杂交种选育相结合的方法等。随着生物技术的发展,各种DNA检测技术的也相继建立与完善,一些研究者已利用RFLP, RAPD, AFLP, SSR研究了不同玉米群体的遗传变异,开拓了分子标记在种质研究方面的新途径^[5-11]。近年来,为进一步拓宽玉米种质基础,四川农业大学又先后合成了一批新的玉米种质群体,并对各群体的主要农艺、经济性状表现、杂优类群以及配合力等进行了较为深入系统的研究,但尚未研究群体自交后代的表现。为提高育种效率,本研究拟以其中育种潜力较大的39002和39007群体的S₁ 66个单株及其与3个测验种组配的198个组合为供试材料,旨在通过SSR标记和配合力分析比较群体和株系间的遗传变异,进一步探讨其自交后代的育种潜势,以期群体自交后代的选择和有效利用以及群体的合成与改良提供一定的依据。

1 材料和方法

1.1 田间试验

1.1.1 供试材料 供试材料为39002和39007群体S₁各11个株系的66个单株与3个测验种按不完全双列杂交设计组配的198个组合。3个测验种为48-2, R08和ES40。

39002群体的单株代号为:269-1, 269-2, 269-3, 275-1, 275-2, 275-3, 281-1, 281-2, 281-3, 293-1, 293-2, 293-3, 295-1, 295-2, 295-3, 305-1, 305-2, 305-3, 313-1, 313-2, 313-3, 315-1, 315-2, 315-3, 317-1, 317-2, 317-3, 321-1, 321-2, 321-3, 331-1, 331-2, 331-3。

39007群体的单株代号为:485-1, 485-2, 485-3, 487-1, 487-2, 487-3, 493-1, 493-2, 493-3, 495-1, 495-2, 495-3, 497-1, 497-2, 497-3, 499-1, 499-2, 499-3, 501-1, 501-2, 501-3, 503-1, 503-2, 503-3, 505-1, 505-2, 505-3, 513-1, 513-2, 513-3, 515-1, 515-2, 515-3。

1.1.2 田间试验设计 2005年春季,从群体39002和39007的S₁中各选取田间表现优良的11个株系,每个株系取3个单株按不完全双列杂交设计分别与

3个测验种杂交,每个组合做2个果穗。果穗收获风干后,混合脱粒。

2006年4月3日,在四川农业大学玉米研究所多营试验基地进行198个组合的田间试验。试验采用随机区组设计,3次重复,单行区,行距0.85 m,窝距0.4 m,双株种植,每行14株,51 330株/hm²,川单13为对照品种,田间管理同大田生产。取中间10株调查获取性状资料。并对单株产量进行统计分析。

1.1.3 统计分析

1.1.3.1 组合间差异显著性检验 198个组合的数据以小区均值为单位,利用DPS软件,将数据进行方差分析,检验组合间单株产量的差异显著性。

1.1.3.2 配合力方差分析 如组合间差异显著,以不完全双列杂交模型作配合力方差分析。

如被测个体的GCA和组合的特殊配合力SCA有显著差异,进一步估算配合力效应值。

1.1.3.3 配合力分析 按不完全双列杂交法估算单株产量的GCA和SCA效应值,并检验其显著性。

1.2 室内分析

1.2.1 供试材料 供测交的2个群体S₁的66个单株。

1.2.2 DNA提取 按Saghai-Maroof提出的CTAB法提取并纯化DNA。

1.2.3 扩增反应和变性聚丙烯酰胺凝胶电泳 PCR扩增反应在PTC-100扩增仪上进行,反应总体积为15 μL,其中包括10 mmol/L Tris-HCl, 50 mmol/L KCl, 0.001% Gelatin, 1.5 mmol/L MgCl₂, 4种dNTP各200 μmol/L, 0.4 μmol/L SSR引物, 1 U Taq酶, 40 ng DNA模板, 72℃引物沿模板延伸2 min,共35个循环;最后在72℃延伸5 min。扩增产物采用6%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,银染观察结果。

1.2.4 资料统计分析 根据筛选出的具有多态性引物的扩增结果,将在相同迁移位置上有带的计为1,无带的计为0,缺失数据记为9,建立数据库计数或计算每对引物的总扩增位点数、多态位点数、基因型数,多态位点比例。按根并正利提出的公式计算位点的基因杂合度: $h=1-\sum f_i^2$ (h为杂合度, f_i 为第i等位基因频率)^[12-13]。采用NTSYS(version2.1)按UPGMA(Unweighted Paired Group Method Using Arithmetic Averages)方法进行聚类。

2 结果与分析

2.1 单株产量组合间差异显著性检验

按单因素随机区组试验设计对198个组合的

单株产量进行方差分析, 结果列于表 1, 可以看出, 组间单株产量 F 值达极显著水平, 表明 198 个组合间在单株产量上存在真实差异。

表 1 单株产量方差分析

性状 Trait	自由度 Df	F 值 F-value	
	组合 Combination	区组 Blocks	组合 Combination
单株产量 Yield/ plant	197	413. 842	2. 401 8 **

注: *表示在 0.05 水平上显著 **表示在 0.01 水平上显著 表 2 同。
Note: * and ** indicate significant difference at 0.05 and 0.01 level, respectively, the same as Tab. 2.

2.2 配合力方差分析

采用不完全双列杂交法进行配合力方差分析, 结果列于表 2。从表 2 可以看出, 单株产量 GCA 和 SCA 差异均达极显著水平, 表明这些性状的 GCA 和 SCA 在亲本和组合间存在真实的差异。

2.3 一般配合力分析

2.3.1 单株一般配合力分析 把每个单株作为 1 个亲本, 估算单株产量 GCA 效应值差异显著的性状

表 3 单株产量性状 GCA 效应值达显著或极显著水平亲本个数、效应值变幅、
效应值最大的亲本、差异不显著的株系数

Tab. 3 Positively or negatively significant parents ranges parent name and number of strains for GCA effect of yield traits							
性状 Trait	群体 S ₁ 后代 Population S ₁ progenies	正向个体数 Positively significant parents	负向个体数 Negatively significant parents	效应值变幅 Range of SCA effect	正向效应值 最大的个体 Parent with max. positive GCA effect	负向效应值 最大的个体 Parent with max. negative GCA effect	差异不显著个体数 No. of strains
单株产量	39002S ₁	15	8	−21. 594 ~ 16. 303	331-1	315-2	11
Yield/ plant	39007S ₁	7	10	−17. 233 ~ 16. 607	497-3	503-1	11

比较株系内个体间单株产量 GCA 差异的结果表明, 所有株系内的个体间 GCA 差异均不显著。

2.3.2 株系一般配合力分析 将所配组合株系内个体单株产量的均值作为该株系的值, 运用 DPS 软件计算各株系的 GCA 效应值, 并对群体内株系间单株产量性状 GCA 效应值差异进行显著性检验, 结果列于表 4。由表 4 可知, 39002S₁ 达正向显著或极显

进行分析, 并按 GCA 效应值显著或极显著进行归类, 同时对株系内个体间单株产量 GCA 效应值差异进行显著性检验, 将株系内个体间 GCA 差异不显著的个体数(下表中简称个体数)列于表 3。

由表 3 可知, 不同群体的 S₁ 株系, 其单株产量 GCA 达显著或极显著水平的个体数有一定差异。其中, 39002S₁ 达正向显著或极显著的个体数明显多于 39007S₁, 而达负向显著或极显著的个体则比 39007S₁ 少。因此, 就产量性状的 GCA 表现而言, 39002S₁ 显著优于 39007S₁。

表 2 配合力方差分析(F 值)

Tab. 2 Analysis of variance(F value) for combining ability of different traits

变异来源 Source of variation	自由度 Df	单株产量 Yield/ plant
测验种 GCA GCA of tested lines	2	6. 916 **
S ₁ GCA GCA of S ₁	65	2. 033 **
测验种× S ₁ GCA SCA of T. 1× S ₁	130	1. 714 **

著的株系数明显多于 39007S₁, 而达负向显著或极显著的株系数却比 39007S₁ 少, 且 39002S₁ GCA 正向变幅比 39007S₁ 大, 负向变幅比 39007S₁ 小。同样证明 39002S₁ 的产量 GCA 显著优于 39007S₁。此外, 从表 4 还可以看出, 39002S₁ 中 331 株系及 39007S₁ 中的 485 株系产量 GCA 效应值较高, 可能具有较大利用

表 4 单株产量性状株系的 GCA 效应

Tab. 4 GCA effect of strains of yield traits

性状 Trait	群体 S ₁ 后代 Population S ₁ progenies	正向株系数 Positively significant strains	负向株系数 Negatively significant strains	效应值变幅 Range of SCA effect	正向效应值 最大的株系 Strains with max. positive GCA effect	负向效应值 最大的株系 Strains with max. negative GCA effect
单株产量	39002S ₁	5	2	−6. 76 ~ 13. 31	331	315
Yield/ plant	39007S ₁	3	4	−7. 87 ~ 6. 61	485	499

2.4 组合的特殊配合力分析

对组合单株产量 SCA 差异显著的性状进行分析, 并按 39002S₁ 和 39007S₁ 内个体所配组合 SCA 效应值显著或极显著进行组合归类(表 6) 可看出

同一性状不同群体自交后代所配组合达显著或极显著差异的个数也有一定差异, 但差异较小。通过与 GCA 效应相比较可看出, GCA 最高的亲本所配的组合 SCA 并非最高, 反之 SCA 最高的组合其亲本 GCA

却相对较低,表明 *GCA* 与 *SCA* 间没有明显的对应关系。经过对 *SCA* 显著差异的亲本进行分析, 331, 485 和 499 三个株系的 *GCA* 在所有株系中处于中等, 因此, 高 *SCA* 组合来源于高 *GCA* × 中 *GCA* 模式。因此, 在 *GCA* 选择基础上还应注重 *SCA* 选择。

表 5 各性状 *SCA* 效应值达显著或极显著水平的杂交组合数、效应值变幅及正向、负向效应值最大的组合
Tab. 5 Positively or negatively significant hybrids ranges and hybrid name for *SCA* effect of different traits

性状 Trait	群体 S ₁ 后代 Population S ₁ progenies	正向组合数 Positively significant hybrid	负向组合数 Negatively significant hybrid	效应值变幅 Range of <i>SCA</i> effect	正向效应值 最大的组合 Hybrid with max. positive <i>GCA</i> effect	负向效应值 最大的组合 Hybrid with max. negative <i>GCA</i> effect
单株产量	39002S ₁	9	8	— 12. 91 ~ 22. 98	48-2× 269-1	ES40× 269-1
Yield/plant	39007S ₁	8	8	— 15. 62 ~ 19. 71	R08× 495-1	ES40× 515-2

表 6 39002S₁ 和 39007S₁ 扩增位点数、多态位点数、多态位点比例及基因型数
Tab. 6 Amplified number, polymorphicsite number, ratio of polymorphic sites and genotype number of 39002S₁ and 39007S₁

群体 S ₁ 后代 Population S ₁ progenies	扩增位点数 Amplified No.					多态位点数 Polymorphicsite No.				
	最小值 Min	最大值 Max	总和 Total	平均值 Mean	变异系/ % CV	最小值 Min	最大值 Max	总和 Total	平均值 Mean	变异系数/ % CV
39002S ₁	3	16	407	10. 1	0. 288	3	15	373	9. 33	0. 311
39007S ₁	3	16	407	10. 1	0. 288	3	14	368	9. 20	0. 265

群体 S ₁ 后代 Population S ₁ progenies	多态位点比例/ % Ratio of Polymorphic sites					基因型数 Genotype No.				
	最小值 Min	最大值 Max	总和 Total	平均值 Mean	变异系数/ % CV	最小值 Min	最大值 Max	总和 Total	平均值 Mean	变异系数/ % CV
39002 S ₁	60	100	3 728	93. 2	0. 239	3	19	375	9. 375	0. 486
39007 S ₁	55	100	3 546	88. 6	0. 119	2	17	352	8. 80	0. 443

表 7 39002S₁ 和 39007S₁ 基因型杂合度
Tab. 7 The genetic heterosity of 39002S₁ and 39007S₁

编号 No.	标记 SSR marker	染色体 Chromosome	H 39002S ₁	H 39007S ₁	编号 No.	标记 SSR marker	染色体 Chromosome	H 39002S ₁	H 39007S ₁
1	phi 339017	1. 03	0. 741	0. 645	21	umc2307	5. 09	0. 843	0. 858
2	bnlg1016	1. 04	0. 858	0. 838	22	phi423796	6. 01	0. 955	0. 939
3	nc130	1. 04	0. 789	0. 773	23	umc1006	6. 02	0. 865	0. 868
4	phi308707	1. 1	0. 832	0. 762	24	phi031	6. 04	0. 829	0. 813
5	phi064	1. 11	0. 836	0. 721	25	phi078	6. 05	0. 713	0. 705
6	umc2094	2. 01	0. 842	0. 896	26	phi299852	6. 07	0. 882	0. 868
7	bnlg125	2. 02	0. 851	0. 892	27	phi123	6. 07	0. 909	0. 918
8	umc1518	2. 02	0. 798	0. 722	28	phi008	7. 02	0. 822	0. 851
9	umc1026	2. 04	0. 901	0. 871	29	bnlg1161	7. 04	0. 796	0. 786
10	phi090	2. 08	0. 871	0. 858	30	phi051	7. 05	0. 823	0. 725
11	phi101049	2. 1	0. 774	0. 785	31	phi069	7. 05	0. 939	0. 925
12	phi193	3. 02	0. 885	0. 897	32	phi015	8. 08	0. 882	0. 863
13	phi046	3. 08	0. 84	0. 895	33	phi233376	8. 09	0. 824	0. 886
14	phi213984	4. 01	0. 447	0. 579	34	phi068	9. 01	0. 805	0. 827
15	phi213984	4. 01	0. 833	0. 826	35	phi065	9. 03	0. 478	0. 415
16	phi074	4. 04	0. 876	0. 733	36	phi032	9. 04	0. 817	0. 775
17	phi079	4. 05	0. 911	0. 892	37	umc1104	9. 07	0. 727	0. 578
18	umc1447	5. 03	0. 822	0. 747	38	phi059	10. 02	0. 848	0. 819
19	phi008	5. 03	0. 785	0. 715	39	phi054	10. 03	0. 764	0. 668
20	bnlg389	5. 09	0. 892	0. 897	40	phi062	10. 04	0. 875	0. 726
Mean	39002S ₁	0. 820	0. 819 2	0. 797 2	Mean	39007S ₁	0. 794	0. 819 8	0. 790 7

2.5 群体 S₁ 多态位点及基因型种类比较分析
从 80 对引物中筛选出 40 对扩增条带清晰, 具明显多态性的共同引物, 这些引物平均分布于供试材料的 10 条染色体上(引物名称及位置见表 6)。计算或计数得 39002S₁ 和 39007S₁ 的各项参数(表 7), 由表 7 可知, 40 对引物在 2 个群体 S₁ 中共扩增

表 8 39002S₁, 39007S₁ 66 个单株 SSR 聚类结果

类群 Groups	亚类 Subgroups	S ₁ 单株 S ₁ in individuals
I	I -1	269-1, 269-2, 269-3, 501-1, 501-2, 501-3
	I -2	275-1, 275-2, 275-3, 281-1, 281-2, 281-3
II	II-1	293-1, 293-2, 293-3, 295-1, 295-2, 295-3, 313-1, 313-2, 313-3
	II-2	321-1, 321-2, 321-3, 331-1, 331-2, 331-3, 485-1, 485-2, 485-3, 499-1, 499-2, 499-3
III	III-1	305-1, 305-2, 305-3, 317-1, 317-2, 317-3, 497-1, 497-2, 497-3, 315-1, 315-2, 315-3
	III-2	487-1, 487-2, 487-3, 503-1, 503-2, 503-3
IV	IV-1	493-1, 493-2, 493-3, 505-1, 505-2, 505-3
	IV-2	495-1, 495-2, 495-3, 513-1, 513-2, 513-3, 515-1, 515-2, 515-3

出 407 个等位位点, 每个 SSR 座位的等位基因数目为 3~16 个, 平均为 10.1 个, 且 39002S₁ 的多态位点数、多态位点比例、基因型数、变异系数等均大于 39007S₁, 表明 39002S₁ 的遗传多样性大于 39007S₁。

2.6 群体自交后代间基因杂合度比较

计算 39002S₁ 和 39007S₁ 的基因平均杂合度 H(表 8)。由表可知, 同一引物在不同群体 S₁ 中检测到的基因杂合度有较大差异, 表明每个等位位点在不同群体 S₁ 中的基因频率不同。在 40 对引物中有 27 对引物的基因平均杂合度 39002S₁ 大于 39007S₁, 且 39002S₁ 的基因平均杂合度在 40 对引物中的均数也大于 39007S₁, 表明 39002S₁ 的遗传组成较丰富, 同时表明 39002S₁ 自交后代的纯合速率可能比 39007S₁ 慢。

2.7 聚类结果分析

利用遗传相似系数, 按 UPGMA 进行聚类分析, 结果见表 8 和图 1。可看出以遗传相似系数 0.54 为阈值, 可将 66 个单株分为 4 个大类, 再以 0.63 为阈值, 又可将第 I 类、II 类、III 类和 IV 类各划分为 2 个亚类, 各类包括的单株见表 8。由图 1 及表 8 可知, 株系内 3 个单株均聚在一起, 表明同一株系内个体间遗传差异较小。39002S₁ 的 33 个单株主要分布在第 I 类和第 II 类, 而 39007S₁ 的 33 个单株主要分布在第 III 类和第 IV 类。在第 I-1 亚类中, 39002S₁ 的 269 株系和 39007S₁ 的 501 株系聚在一起, 在第 II-2 亚类中, 39002S₁ 的 331 株系和 39007S₁ 的 485、499 株系也聚在一起, 在第 III 亚类中, 39002S₁ 的 305、315、317 株系和 39007S₁ 的 497 株系也聚在一起, 表明 39002S₁ 和 39007S₁ 的部分株系可能有相似的遗传背景。

2.8 高产组合的组配方式

将对照优势大于 8% 的 17 个组合的单株产量列于表 9, 可看出对照优势大于 20% 的杂交组合有 2 个, 对照优势大于 10% 小于 20% 的杂交组合有 7 个, 对照优势大于 8% 小于 10% 的杂交组合有 8 个。

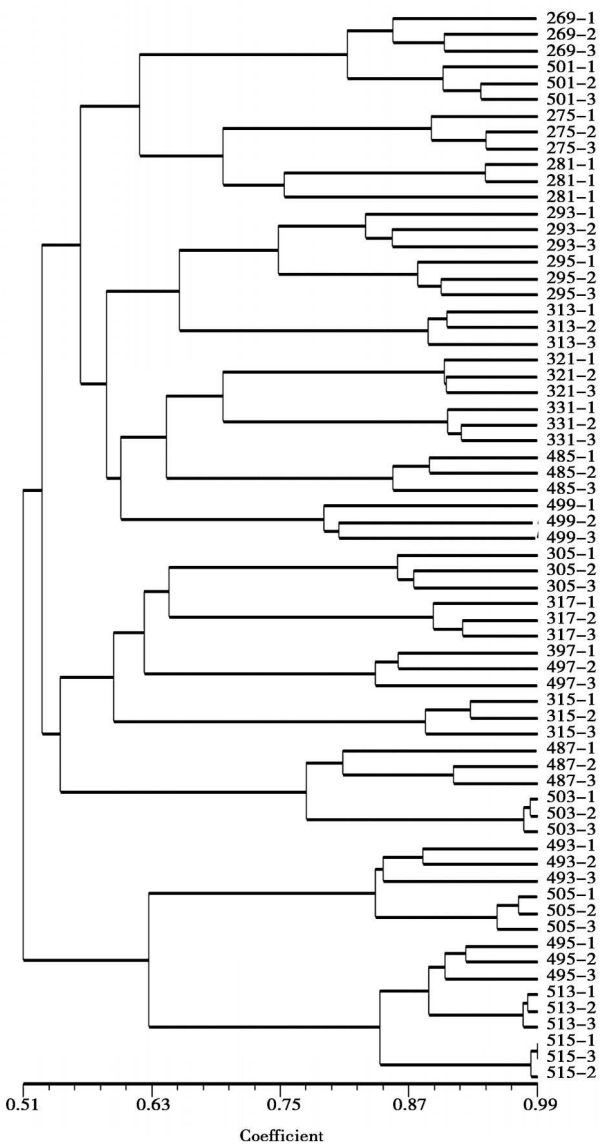


图 1 39002S₁, 39007S₁ 66 个单株 SSR 聚类图

Fig. 1 Dendrogram 66 individuals from 39002S₁, 39007S₁calculated based on genetic distance from SSR markers

这些组合中, 39002S₁ 的 331, 269 和 275 株系的个体分别出现 4, 3, 2 次, 39007S₁ 的 485, 275 株系的个体分别出现 4 3 次; 测验种 R08 出现 7 次 ES40 出现 6

次, 48-2 出现 4 次。表明 39002S₁ 的 331 株系与 ES40 组配获得高产组合的可能性较大, 39007S₁ 的 485 株系与 R08 组配获得高产组合的可能性较大。

表 9 单株产量对照优势大于 10% 的杂交组合
Tab. 9 Hybrid combinations with superiority over CK 10% in yield/ plant

编号 Code	杂交组合 Hybrid combination	单株产量 Yield/ plant	对照优势/ % Superiority over CK
1	48-2× 269-1	196. 29	27. 35
2	R08× 495-1	193. 18	25. 33
3	ES40× 331-2	175. 98	14. 17
4	ES40× 485-1	175. 93	14. 14
5	R08× 485-3	173. 99	12. 88
6	ES40× 331-2	173. 42	12. 51
7	R08× 295-1	171. 29	11. 13
8	R08× 293-1	170. 55	10. 65
9	ES40× 513-1	170. 08	10. 34
10	ES40× 331-1	169. 52	9. 97
11	R08× 331-1	169. 29	9. 83
12	48-2× 485-3	169. 07	9. 69
13	ES40× 269-2	168. 88	9. 56
14	48-2× 269-3	168. 57	9. 53
15	R08× 275-3	168. 15	9. 10
16	R08× 485-1	167. 86	8. 90
17	48-2× 281-3	167. 7	8. 80

3 讨论与结论

3.1 人工合成群体自交后代的配合力表现及选择

四川农业大学、河南农业大学等单位的研究结果表明, 配合力高低决定于基本株, 不同基本株之间配合力有显著的不同, 同一基本株不同的自交世代之间配合力大致相同。本试验对群体内株系间 *GCA* 和株系内个体间 *GCA* 的比较表明, 单株产量 *GCA* 效应值株系间差异显著, 株系内的差异不显著, 而本试验的 S₁ 株系来自群体的不同基本株, 因此株系间的差异实质上反映的是群体基本株间的差异。所以在利用群体自交选系时, 最好能进行早代测定, 以确定基本株配合力的优劣, 若无条件进行早代测定则应多选基本株自交, 并在自交后代中加强系间选择, 从而提高选系效率。

3.2 人工合成群体自交后代利用及群体改良方案探讨

人工合成群体的目的在于选育优良的自交系并用其组成优良的杂交种, 因此对 2 个群体自交后代中产量 *GCA* 较高的株系在继续自交的同时除利用测验种 ES40, R08, 48-2 测配外, 还可适当扩大测配范围, 以期得到产量等性状更加优良的组合。同时对 *SCA* 表现较好组合的亲本也可继续自交, 待纯合稳定后与同一测验种组配, 可能获得 *SCA* 较高的组合 利用群体自交后代选系的同时 也可将 2 个群

体 S₂ 中产量 *GCA* 效应值较高的个体分别选出, 取等量种子在隔离区混播, 自由授粉 2~3 代, 合成 *GCA* 更高的群体。

3.3 人工合成群体自交后代遗传分析

作物种质资源是进行作物遗传育种的物质基础, 作物遗传改良和突破性育种成就的取得, 主要依赖于种质资源的掌握和利用。种质资源的遗传变异越丰富, 分离类型越多, 就越有利于得到我们所需的各种不同类型的自交系。分子标记通过扩增位点数、多态位点数、多态位点比例、基因杂合度、基因型种类、遗传距离等一系列参数对供试材料进行遗传评价, 可为种质资源的有效利用提供一定的依据^[19]。魏昕利用 SSR 标记分析了 5 个轮次的墨白 964 改良群体 (C₁, C₂, C₃, C₄, C₅) 与其基础群体 C₀ 的遗传多样性, 结果表明, 40 对引物在各轮群体间共检测到 418 个等位基因变异, 每对引物检测到 3~22 个等位基因, 平均为 10. 5 个, 各轮群体的平均基因杂合度分别为 0. 793, 0. 781, 0. 775, 0. 763, 0. 752, 0. 727^[17]。

本试验 40 对引物在 2 个群体 S₁ 中共扩增出 407 个等位位点, 平均为 10. 1 个, 39002S₁ 的多态位点数、多态位点比例、基因型数、变异系数、基因杂合度等均大于 39007S₁。39002S₁ 的基因平均杂合度高, 不仅表明 39002S₁ 的遗传组成较丰富, 同时表明 39002S₁ 自交后代的纯合速率可能比 39007S₁ 慢。聚类分析结果表明, 部分株系与 39002S₁ 部分株系聚在同一亚类, 说明它们之间可能有相似的遗传背景。因此, 仅凭田间鉴定结果, 作为合成群体材料选择的依据, 很可能造成合成群体血缘和杂种优势模式的交叉。所以, 人工合成育种用群体, 尤其是合成多个群体, 选材时应将田间鉴定与分子标记检测结合, 确保所选材料属于同一类群, 避免合成群体的血缘混杂, 以利群体间交互改良, 提高育种效率。

参考文献:

[1] 胡延吉. 植物育种学 [M] . 北京: 高等教育出版社, 2003: 24—27.
[2] 佟屏亚. 中国玉米种质资源的整理与成就 [J] . 中国种业, 2001 (3) : 16—18.
[3] 沈 浩, 刘登义. 遗传多样性概述 [J] . 生物学杂志, 2001, 18 (3) : 5—7.
[4] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individual [J] . Genetics, 1978, 89: 583—590.
[5] Goodman M M, Stuber C W. Races of maize. VI. Isozyme variation among races of maize in Bolivia [J] Maydica 1983 28:

- 169—187.
- [6] Link W, Dixkens C, Singh M, *et al.* Genetic diversity in European and Mediterranean faba bean germplasm revealed by RAPD markers[J]. *Theor Appl Genet*, 1995, 90: 27—32.
- [7] 刘勋甲, 郑用链, 刘纪麟. 玉米轮回选择群体遗传多样性 RAPD 分子标记评估[J]. *中国农业科学*, 1999, 32 (3): 14—20.
- [8] 袁力行, Warbu M. 利用 RFLP, SSR, AFLP 和 RAPD 标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究[J]. *遗传学报*, 2000, 27(8): 725—733.
- [9] James G Gethi, Joanne A Labate, Kendall R Lamkey, *et al.* SSR variation in important U S maize inbred lines [J]. *Crop Science*, 2002, 42: 951—958.
- [10] 肖木辑, 李明顺, 李新海, 等. 东北地区主要玉米自交系的 SSR 遗传多样性分析[J]. *华北农学报*, 2006, 21 (增刊): 23—27.
- [11] 郭小平, 赵元明, 刘毓侠. SSR 技术及其在植物遗传育种中的应用[J]. *华北农学报*, 1998, 13(3): 73—76.
- [12] 杜金友, 黎 裕, 王天宇, 等. SSR 和 AFLP 分析玉米遗传多样性的研究[J]. *华北农学报*, 2003, 18(1): 59—63.
- [13] Xia X C, Reif J C, Hoisington D A, *et al.* Genetic Diversity among CIMMYT Maize Inbred Lines Investigated with SSR Markers. I. Lowland Tropical Maize [J]. *Crop Science*, 2004, 44: 2230—2237.
- [14] 高世斌, 荣廷昭, 李晚忱, 等. 19 个玉米自交系的数量性状和 AFLPs 的遗传差异比较研究[J]. *华北农学报*, 2004, 19(2): 24—27.
- [15] 陶 刚, 刘作易, 朱 英, 等. 利用 RAPD 分子标记对优良玉米种质的遗传分析和鉴定[J]. *西南农业学报*, 2004, 17(6): 681—684.
- [16] 郭 彦, 杨洪双, 周国利, 等. RAPD 技术在黑糯玉米亲缘关系划分上的应用[J]. *生物技术*, 2005, 15(1): 39—41.
- [17] 聂永心, 张 丽, 潘光堂, 等. 四川省常用玉米自交系 SSR 遗传多样性分析[J]. *分子植物育种*, 2005, 3(1): 43—51.