

网络出版时间:2013-05-02 10:22

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20130502.1022.005.html>

杂交稻亲本间成穗率 QTL-SSR 遗传距离与配合力及杂种优势的关系

黄永相¹, 刘永柱², 郭建夫¹, 王 慧², 陈志强²

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

【摘 要】 【目的】探讨应用分子标记预测杂交稻 F_1 茎蘖成穗率的配合力效应及杂种优势的可行性, 为杂交稻亲本的茎蘖成穗性状改良及选配提供理论依据。**【方法】**利用与成穗率 QTL 连锁的 56 个 SSR 标记检测了 13 个杂交稻亲本(7 个不育系和 6 个恢复系)之间的遗传距离, 结合 42 个 F_1 杂交组合(7×6 NC II)的成穗率表现, 对亲本间的 QTL-SSR 遗传距离与杂种 F_1 的配合力效应及杂种优势进行相关分析。**【结果】**13 个亲本间的 QTL-SSR 遗传距离为 0.15~0.53, 平均为 0.33; 以相似系数 0.65 为标准可将 13 个亲本划分为 2 大类群。亲本间 QTL-SSR 遗传距离与 F_1 双亲一般配合力之和呈极显著正相关($r=0.614$), 而与 F_1 特殊配合力相关不显著($r=0.033$); 亲本间 QTL-SSR 遗传距离与 F_1 中亲优势、超低亲优势分别呈极显著负相关($r=-0.523$)和显著负相关($r=-0.373$)。**【结论】**在一定范围内, 杂交稻亲本间 QTL-SSR 遗传距离的大小可以反映 F_1 成穗率性状的双亲一般配合力总效应, 并能预测 F_1 的杂种优势。

【关键词】 杂交水稻; 成穗率; QTL-SSR 标记; 遗传距离; 配合力; 杂种优势

【中图分类号】 S511.032

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2013)05-0043-09

Relationship between QTL-SSR marker based genetic distance, combining ability, and heterosis of productive tiller percentage in hybrid rice

HUANG Yong-xiang¹, LIU Yong-zhu², GUO Jian-fu¹, WANG Hui², CHEN Zhi-qiang²

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

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

Abstract: 【Objective】 The feasibility of using molecular markers based parental genetic distances(GD) to estimate combining ability and heterosis of productive tiller percentage(PTP) in hybrid rice was discussed. **【Method】** GD among 13 parents of hybrid rice(7 male sterile lines and 6 restorer lines) were examined using 56 SSR markers linked to QTLs of PTP. The relationship between GD, combining ability and heterosis was analyzed based on the performance of 42 F_1 hybrids crossed by a 7×6 diallel crossing method. **【Result】** GD among the 13 parents based on QTL-SSR marker were ranged from 0.15 to 0.53 with an average of 0.33, and these parents could be classified into two groups. The correlation between GD and the sum of two parents' GCAs($r=0.614$) was significant, but was not significant between GD and SCA($r=0.033$). The correlations of GD with mid parent heterosis and low parent heterosis were also significant,

【收稿日期】 2012-08-15

【基金项目】 国家“十一五”科技支撑计划项目(2008BAD97B02); 广东省水稻产业化推进专项(2007A020400003); 广东省现代农业产业技术体系建设专项(粤财教[2009]356号)

【作者简介】 黄永相(1978—), 男, 广东开平人, 助理研究员, 博士, 主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: hyx978025@126.com

【通信作者】 陈志强(1956—), 男, 广东揭阳人, 教授, 博士生导师, 主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: chenlin@scau.edu.cn

and the coefficients of correlations were -0.523 and -0.373 , respectively. 【Conclusion】 Both the sum of two parents' GCAs and heterosis for PPT of F_1 could be reflected by QTL-SSR marker based GD.

Key words: hybrid rice; productive tiller percentage; QTL-SSR marker; genetic distance; combining ability; heterosis

茎蘖成穗率是评价水稻群体发育与产量形成优劣的重要指标^[1]。茎蘖数稳定、成穗率高的水稻品种(组合)具有较好的后期群体冠层结构和光照条件,可防止植株功能叶早衰,提高植株的光合作用效率及供养能力^[1-3]。同时,茎蘖成穗率与水稻的有效穗数、理论产量和实际产量存在正相关关系^[4]。提高水稻成穗率,不仅可以降低无效分蘖的生长竞争及光合产物损耗,还可以优化水稻群体的产量结构,实现水稻品种(组合)超高产^[3-4]。因此,培育茎蘖变化平稳、成穗率高的品种(组合)已成为国内外水稻超高产育种的主要研究方向之一^[5-6]。

遗传距离作为一种对生物遗传基础差异的量化指标,是作物杂交育种亲本选择的重要参考依据^[7]。快速、有效地测算亲本间的遗传距离,进而揭示其与杂种优势的相关性,可以合理地选择杂交亲本,提高杂种选配效率。一直以来,遗传距离的测算主要通过 2 种途径实现:一是直接根据亲本的地理来源、形态学、细胞学或生理生化方面的差异程度得出;二是通过对亲本一系列测交 F_1 的平均优势或特殊配合力进行评判而间接获得。然而,这 2 种途径都存在耗时费力、可靠性低等缺点^[8]。DNA 分子标记的出现为估算遗传距离提供了新的技术和方法。分子标记利用标记位点的等位基因频率差异来估计遗传距离,可以直接在 DNA 水平上反映亲本间的遗传差异,且操作简单快速,克服了传统方法的局限性,已广泛应用于玉米^[9-10]、小麦^[11-12]、水稻^[7,13-16]等作物遗传距离与杂种优势的相关研究。Saghai 等^[13]利用 RFLP 和 SSR 标记对水稻亲本进行评价,发现杂种 F_1 分子标记的杂合性与 F_1 产量及杂种优势均呈显著正相关。李云海等^[14]用 SSR 标记检测了中国主要杂交水稻亲本的遗传差异,结果表明遗传距离与杂种优势存在正相关关系。朱作峰等^[15]用 RFLP 和 SSR 标记对水稻亲本的遗传差异进行比较,结果表明,亲本间差异与杂种产量表现相关程度较低,而与杂种超亲优势相关程度较高。赵庆勇等^[16]研究表明,SSR 标记遗传距离与粳稻产量性状的杂种优势呈极显著相关,但其相关性还不能用于杂种优势预测。金正勋等^[7]分析了 RAPD 标记遗传距离与籼稻稻米味度及淀粉黏滞性谱(RVA 谱)

杂种优势的关系,发现后者与亲本间的遗传差异大小无关。上述研究说明,国内外有关利用分子标记遗传距离预测水稻杂种优势的研究主要集中在产量、品质性状等方面,而将其用于预测水稻茎蘖成穗率杂种优势的研究尚未见报道。为此,本研究应用与茎蘖成穗相关 QTL 连锁的 SSR 分子标记,对杂交水稻亲本间的遗传距离与配合力及杂种优势的相关性进行了分析,探讨了利用 SSR 标记遗传距离预测杂种 F_1 配合力及杂种优势的可能性,旨在为杂交水稻的亲本茎蘖成穗率改良和亲本选配提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料母本为 II-32A、珍汕 97A、优 I A、龙特甫 A、培矮 64S、博 A 和博 II A 等 7 个水稻不育系,父本为直龙、广恢 128、明恢 63、明恢 86、02428 和 Francis 等 6 个水稻恢复系,以及按 7×6 NC II 方法配制的 42 个杂交组合。所有材料均由广东海洋大学农业生物技术研究所提供。

1.2 田间试验方法

试验采用随机区组设计,3 次重复,3 行区,每行 10 穴,株行距 $21 \text{ cm} \times 21 \text{ cm}$,每穴单苗。分蘖期在各小区选取生长较一致的 5 株定点(中间行),每隔 5 d 调查 1 次茎蘖数,成熟期调查单株有效穗数。试验于 2009 年晚季在广东海洋大学农学院基地进行,田间管理同大田生产。

1.3 SSR 分析

亲本叶片 DNA 的提取参照 Bernardo 等^[17]的 CTAB 法。根据水稻数据库网站 GRAMENE(<http://www.gramene.org>)提供的水稻成穗率相关 QTL 信息,选用 56 对连锁 SSR 引物(引物由上海生物工程有限公司合成),对供试亲本进行标记间的多态性分析。

PCR 反应体系总体积为 $20 \mu\text{L}$,其中包括 $2 \times$ PCR Reaction Mix $10 \mu\text{L}$ (100 mmol/L KCl, 20 mmol/L Tris-HCl, 3.0 mmol/L MgCl_2 , 400 nmol/L dNTP), $50 \sim 100 \text{ ng}$ 的水稻亲本基因组 DNA, 1 U 的 Taq 聚合酶和 $0.1 \mu\text{mol/L}$ 引物。扩增程序为:

94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 30 s,57 ℃退火 30 s,72 ℃延伸 1 min,循环 35 次;72 ℃延伸 10 min。PCR 产物进行 80 g/L 聚丙烯酰胺凝胶电泳,1 g/L 硝酸银染色。

1.4 数据统计与分析

根据水稻亲本 PCR 扩增产物的电泳带谱,每检测到 1 条多态性带视为 1 个等位基因。根据 PCR 扩增结果,在相同迁移位置有带时记为 1,无带时记为 0,缺失时记为 9。按 Betran 等^[10]的方法计算亲本间的相似系数(GS)和遗传距离(GD): $GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$, $GD = 1 - GS$ 。式中: N_i 为 i 亲本出现的谱带数, N_j 为 j 亲本出现的谱带数, N_{ij} 为 i 亲本和 j 亲本共有的谱带数。平均多态性信息量(PIC): $PIC = 1 - \sum_{i=1}^n (p_i)^2$ 。式中: p_i 为第 i 个多态性位点上的基因频率。

成穗率=有效穗数/茎蘖数×100%。中亲优势(Mid Parent Heterosis, MPH)=($F_1 - MP$)/ $MP \times 100\%$,MP 为中亲值;超低亲优势(Low Parent Heterosis, LPH)=($F_1 - LP$)/ $LP \times 100\%$,LP 为超低亲值。各组合的双亲一般配合力之和(Sum of female and male parent's general combining ability, GCA_{f+m})及特殊配合力(Special combining ability, SCA)参照文献[18]按公式 $GCA_{f+m} = x_i + x_j - 2\bar{x}..$ 和 $SCA = x_{ij} - \bar{x}.. - GCA_{f+m}$ 进行估算。式中: $\bar{x}..$ 为全部参试组合的成穗率总均值, x_i 、 x_j 分别为

第 i 母本或第 j 父本单独所配全部 F_1 组合的成穗率均值, x_{ij} 为第 i 母本与第 j 父本杂交 F_1 的成穗率小区均值。

采用 NTSYS-pc2.1 软件,根据类平均法(UP-GMA)进行亲本间的遗传距离聚类分析。成穗率数据经反正弦转换后,采用 DPS v7.05 软件进行亲本间表现值多重比较和配合力分析。采用 Excel 2003 软件进行各组合的亲本遗传距离与相应的表现值、中亲值、配合力效应值及杂种优势数据的相关分析和回归分析。

2 结果与分析

2.1 杂交稻亲本分蘖成穗性状表型及差异检验

对 13 个杂交稻亲本的分蘖成穗性状进行方差分析,结果显示,茎蘖数、有效穗数和成穗率的 F 值分别为 12.31,10.39 和 24.91,品种间差异均达到极显著水平,说明供试的 13 个亲本在分蘖成穗性状上存在极显著的遗传差异。供试 13 个杂交稻亲本的分蘖成穗性状分析结果见表 1。从表 1 可以看出,恢复系 02428 和 Francis 的分蘖能力弱,茎蘖数较少而成穗率高,分别达 87.41%和 90.67%;其余亲本品种的分蘖能力强,茎蘖数多,但成穗率相对较低,其中不育系的成穗率在 50.52%~75.45%,恢复系在 41.58%~55.18%,可见不育系的成穗率普遍高于恢复系。

表 1 13 个杂交稻亲本的分蘖成穗性状

Table 1 Tillering characteristics of 13 parental lines

	亲本 Parent lines	茎蘖数 Number of tillers	有效穗数 Number of panicles	成穗率/% Productive tiller percentage
不育系 Male sterile line	Ⅱ-32A	12.47±2.30 bcdAB	6.80±1.25 deCDE	55.14±3.84 efgDEF
	珍汕 97A Zhenshan97A	12.93±1.29 bcdAB	8.73±1.47 bcdBCD	67.90±5.92 bcdBCD
	优 I A You I A	13.53±1.89 bcdAB	9.60±1.00 bcABC	71.19±3.86 bcBC
	龙特甫 A LongtefuA	11.60±0.53 dB	5.73±0.90 eDEF	50.52±8.34 fghEF
	培矮 64S Pe'ai 64S	15.73±0.68 abAB	11.87±0.38 aA	75.45±0.89 bB
	博 A BoA	17.27±1.10 abA	10.67±1.30 abAB	60.26±5.18 defCDE
	博Ⅱ A BoⅡ A	13.40±0.87 bcdAB	8.13±1.14 cdBCDE	62.03±2.99 cdeCDE
恢复系 Restorer line	直龙 Zhilong	15.40±1.83 abcAB	6.53±0.99 deCDE	41.58±3.03 hF
	广恢 128 Guanghui 128	14.73±5.46 abcdAB	7.20±2.78 deCDE	48.67±2.09 ghEF
	明恢 63 Minghui 63	13.87±1.70 abcdAB	7.07±0.83 deCDE	50.79±9.86 fghEF
	明恢 86 Minghui 86	11.87±0.76 cdB	6.40±0.53 deCDE	55.18±6.04 efgDEF
	02428	6.27±1.53 eC	5.20±0.69 efEF	87.41±6.79 aA
	Francis	3.60±1.11 eC	3.27±1.01 fF	90.67±1.76 aA

注:同列数据后标不同大小写字母分别表示在 1%和 5%水平上差异显著。

Note: Within a column, data followed by different uppercase and lowercase letters indicate significant differences at 1% and 5% levels, respectively.

2.2 杂交稻亲本 QTL 分子标记遗传距离

56 对 QTL 连锁的 SSR 标记在 13 个杂交稻亲本间检测到 53 个多态位点(表 2),标记多态性频率为 94.64%;共检测到 184 个等位基因,单个位点等位基因数为 0~6 个,平均为 3.47 个。根据 Orjuela 等^[19]提出的衡量水稻基因变异程度高低的 PIC 指标, $PIC \geq 0.5$ 时该位点为高度多态性位点, $0.25 \leq PIC < 0.5$ 时为中度多态性位点, $PIC < 0.25$ 时为低度多态性位点。13 个亲本的 PIC 为 0.0~0.75,平均为 0.46,为中度多态性位点。在 53 个多态位点中,高、中、低多态性位点分别占 49.06%,47.17%和 3.77%,说明本研究所用材料的基因丰度和变异范围较大。

进一步对 13 个亲本的遗传距离进行估计,结果

显示,组合亲本间的遗传距离为 0.15~0.53,平均遗传距离为 0.33,其中不育系内的平均遗传距离为 0.31~0.36,恢复系内的遗传距离为 0.21~0.50,两者间的差异不显著($P>0.05$)。亲本 Francis 与博 II A 间的遗传距离最大,为 0.53;而亲本直龙与龙特甫 A 间遗传距离最小,为 0.15。亲本 02428、Francis 与 7 个不育系之间的遗传距离均大于 0.40。基于遗传相似系数对 13 个亲本进行类平均法(UP-GMA)聚类分析,结果见图 1。从图 1 可看出,以相似系数 0.65 为标准,可将 13 个亲本划分为 2 个类群:亲本 Francis 和 02428 为 I 群;其余亲本为 II 群,II 群中又可细分为 3 个亚群,培矮 64S 自成一亚群,恢复系广恢 128、明恢 63 和明恢 86 为一亚群,其余不育系和恢复系直龙为另一亚群。

表 2 水稻成穗率相关 QTL 连锁的 SSR 分析

Table 2 SSR markers of QTLs related to tillering traits in rice

引物名称 Prime	染色体 Chromo- some	QTL	性状 Traits	PIC 值/% PIC value	引物名称 Prime	染色体 Chromo- some	QTL	性状 Traits	PIC 值/% PIC value
RM237	1	<i>qPN</i> -1	PN	0.75	RM528	6	—	PN	0.50
RM220	1	<i>tn</i> 1.1	TN,PN	0.57	RM18	7	<i>tp</i> 7a	PTP,TN	0.64
RM414	1	<i>qNOT</i> 1-1	TN	0.00	RM336	7	<i>qTN</i> -7-3	TN	0.50
RM104	1	<i>qNOT</i> 1-1, <i>qpn</i> 1.4	TN,PN	0.14	RM248	7	<i>qTN</i> -7-4, <i>pp</i> l7.1	TN,PN	0.75
RM246	1	—	PN	0.64	RM2	7	—	PTP,TN	0.38
RM265	1	—	PN	0.52	RM38	8	<i>qNOT</i> -8-1	PTP,TN	0.26
RM240	2	<i>qtpp</i> 2	PN	0.52	RM547	8	<i>qNOT</i> -8-1	TN	0.73
RM262	2	<i>nt</i> 2.1	TN,PN	0.46	RM433	8	<i>qNOT</i> 8-4	TN	0.36
RM452	2	<i>pp</i> l2.1	PN	0.54	RM477	8	<i>qNOT</i> 8-4	TN	0.26
RM341	2	<i>qNOT</i> 2-1	TN	0.26	RM404	8	<i>qNOT</i> 8-3	TN	0.27
RM135	3	<i>QPn</i> 3	PN	0.38	RM210	8	—	TN,PN	0.62
RM156	3	<i>pp</i> l3.1	TN,PN	0.00	RM215	9	<i>qPN</i> -9	PN	0.59
RM16	3	<i>pp</i> l3.1	PN	0.50	RM105	9	<i>qNOT</i> 9-1	TN	0.49
RM232	3	<i>qTN</i> -3-1	TN	0.39	RM321	9	<i>qNOT</i> 9-1	TN	0.00
RM36	3	—	PN	0.38	RM409	9	<i>qNOT</i> 9-1	TN	0.27
RM241	4	<i>qPN</i> -4	PN	0.54	RM257	9	—	PN	0.60
RM261	4	<i>qPN</i> -4, <i>qpn</i> 4.9	PN	0.50	RM294	10	<i>qPN</i> -10	PN	0.49
RM471	4	<i>tn</i> 4.1, <i>qNOT</i> 4-2	TN	0.38	RM222	10	<i>qpn</i> 10.1	PN	0.39
RM564	4	<i>qNOT</i> 4-1	TN	0.72	RM167	11	<i>qPN</i> -11	TN,PN	0.27
RM273	4	<i>qpn</i> 4.2, <i>qpn</i> 4.4	TN,PN	0.56	RM202	11	<i>pp</i> l11.1	TN,PN	0.54
RM169	5	<i>nt</i> 5.1	TN	0.69	RM206	11	<i>pp</i> l11.1	PN	0.49
RM274	5	<i>qTN</i> -5-3	TN	0.63	RM536	11	<i>pp</i> l11.1	PTP,PN	0.46
RM26	5	<i>qTN</i> -5-4, <i>qTN</i> - 5-5	TN	0.58	RM209	11	<i>qTN</i> -11-2, <i>tp</i> 11	TN,PN	0.66
RM440	5	—	TN	0.49	RM224	11	<i>QPn</i> 11, <i>pp</i> l11.2	PN	0.60
RM30	6	<i>QRl</i> 6	PTP,TN, PN	0.36	RM19	12	—	PTP	0.38
RM121	6	<i>tp</i> 6b	PTP,PN	0.57	RM155	12	<i>QPn</i> 12	PN	0.14
RM3	6	<i>pp</i> l6.1	PN	0.59	RM179	12	<i>qPN</i> -12	PN	0.12
RM454	6	<i>pp</i> l6.1	PN	0.27	RM511	12	<i>qTN</i> -12-1	TN	0.66

注:TN.分蘖数;PN.有效穗数;PTP.成穗率。
Note: TN. Number of tillers;PN. Number of panicles;PTP. Productive tiller percentage.

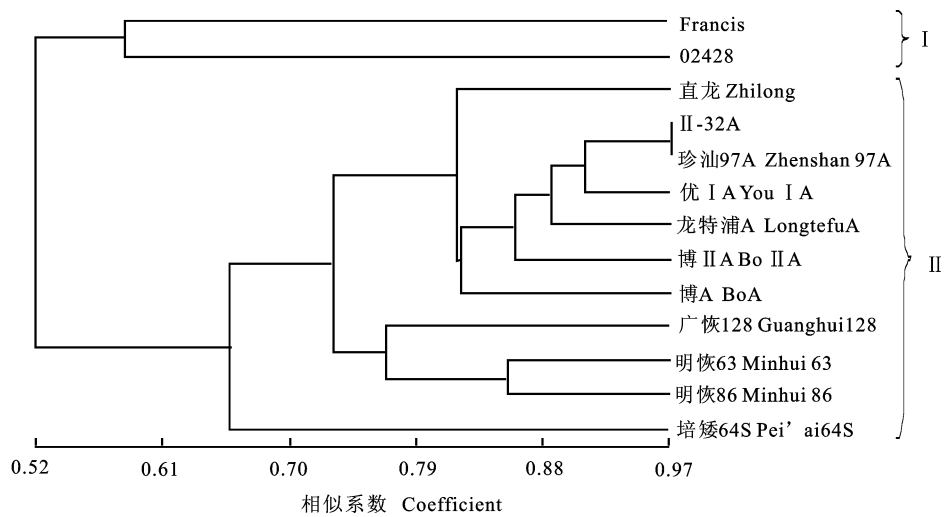


图 1 基于遗传相关系数的 13 个杂交稻亲本的聚类分析

Fig. 1 Dendrogram of cluster analysis for 13 parents based on genetic correlation coefficient

2.3 杂交稻成穗率的配合力和杂种优势分析

由表 3 可见,42 个水稻杂种 F_1 的成穗率表型值为 44.77%~77.90%,平均为 54.63%。其中,博 II A、02428 和 Francis 的配组杂种 F_1 成穗率普遍较高,其杂种 F_1 的平均成穗率分别为 62.39%,60.53%和 60.50%。方差分析结果表明,区组间成穗率差异不显著,组合间差异达极显著水平,亲本和 F_1 的一般配合力、特殊配合力及其方差的差异均达到了显著水平,说明 13 个亲本的一般配合力和组合的特殊配合力对 F_1 的成穗率都有明显影响。42 个杂种组合中,亲本一般配合力效应值之和前 3 位分别为优 I A/02428、优 I A/Francis 和优 I A/明恢 86;特殊配合力效应值前 3 位分别为博 II A/明恢 86、优 I A/02428 和龙特甫 A/直龙,这 3 个 F_1 中,博 II A/明恢 86 和优 I A/02428 的双亲一般配合力效应值较高,其一般配合力效应类型均为高/高,而龙特甫 A/直龙的双亲效应值较低,为低/低类型。

由表 4 可以看出,42 个杂交稻 F_1 的中亲优势为 -34.29%~27.15%,平均为 -11.78%。杂种组合博 II A/明恢 86、龙特甫 A/直龙、博 A/直龙、优 I A/明恢 86 和 II-32A/明恢 86 具有正向优势,占组合总数的 11.90%;其余 37 个组合皆为为负向优势,说明用这些亲本进行配组,难以获得成穗率超中亲的杂种 F_1 。平均超低亲优势为 2.70%,变幅为 -27.99%~35.04%,其中 24 个组合具有正向优势,占组合总数的 57.17%;各亲本中,以不育系优 IA 和恢复系直龙所配组合的超低亲优势较为明显。

2.4 杂交稻亲本遗传距离与配合力效应、杂种优势的相关性

表 4 表明,亲本的 QTL-SSR 遗传距离与杂种 F_1 成穗率表型值、中亲值呈极显著正相关,相关系数分别为 0.537 和 0.906;与杂种 F_1 成穗率特殊配合力的相关系数为 0.033,未达显著水平;与双亲一般配合力之和呈极显著正相关,相关系数为 0.614,说明在本研究中,杂种 F_1 的双亲一般配合力效应之和与亲本间 QTL-SSR 遗传距离关系密切,亲本间遗传差异越大,杂种 F_1 双亲一般配合力总效应就越高。对 QTL-SSR 遗传距离与杂种 F_1 成穗率表型值、双亲一般配合力效应之和进行回归分析,结果(图 2)表明,QTL-SSR 遗传距离(y)与 F_1 成穗率表型值及中亲值(x)的回归方程分别为 $y=81.65x+35.95(R^2=0.820)$ 和 $y=35.04x+43.10(R^2=0.288)$;QTL-SSR 遗传距离(y)与双亲一般配合力效应之和(x)的回归方程为 $y=41.40x-13.61(R^2=0.376)$ 。

QTL-SSR 遗传距离与中亲优势、超低亲优势分别呈极显著及显著负相关,相关系数分别为 -0.523和 -0.373。QTL-SSR 遗传距离(y)与中亲优势(x)的回归方程为 $y=-56.00x+6.64$,决定系数 R^2 为 0.273;与超低亲优势(x)的回归方程为 $y=-44.84x+17.99$,决定系数 R^2 为 0.139。说明随着 QTL-SSR 遗传距离的增大,中亲优势和超低亲优势有降低的趋势,在一定范围内能用 QTL-SSR 遗传距离预测对照优势和平均优势。此外,组合特殊配合力(y)与中亲优势、超低亲优势(x)之间呈极

显著正相关,回归方程分别为 $y=1.35x+3.25$ 和 $y=1.30x-11.77$,对应的相关系数分别为 0.542 和 0.503,决定系数 R^2 分别为 0.253 和 0.293,说明

随着特殊配合力效应值的增大,中亲优势和超低亲优势有增高的趋势。

表 3 42 个杂交稻组合的成穗率 GCA_{f+m} 、SCA、MPH 和 LPH						Table 3 GCA_{f+m} ,SCA,MPH and LPH for productive tiller percentage of 42 hybrids						%
不育系/恢复系 Male sterile line/ Restorer line	表型值/% Pheno- typic value	双亲一 般配合 力之和 GCA_{f+m}	特殊配 合力 SCA	中亲 优势/% MPH	超低亲 优势/% LPH	不育系/恢复系 Male sterile line/ Restorer line	表型值/% Pheno- typic value	双亲一 般配合 力之和 GCA_{f+m}	特殊配 合力 SCA	中亲 优势/% MPH	超低亲 优势/% LPH	
Ⅱ-32A/直龙 Ⅱ-32A/Zhilong	44.77	-8.16	-3.82	-7.43	7.67	龙特甫 A/明恢 86 Longtefu A/Minghui 86	52.79	2.58	-4.92	-0.12	4.48	
Ⅱ-32A/广恢 128 Ⅱ-32A/Guanghui 128	46.61	-8.90	-0.88	-10.20	-4.22	龙特甫 A/02428 Longtefu A/02428	57.30	5.68	-2.56	-16.91	13.42	
Ⅱ-32A/明恢 63 Ⅱ-32A/Minghui 63	51.95	-5.58	2.24	-1.92	2.28	龙特甫 A/Francis Longtefu A/Francis	61.95	5.42	3.38	-12.25	22.61	
Ⅱ-32A/明恢 86 Ⅱ-32A/Minghui 86	57.50	2.90	0.47	4.25	4.28	培矮 64S/直龙 Peiai 64S/Zhilong	44.95	-12.85	1.06	-23.18	8.10	
Ⅱ-32A/02428	61.55	6.00	2.36	-13.64	11.63	培矮 64S/广恢 128 Peiai 64S/Guanghui 128	45.97	-13.58	3.05	-25.92	-5.54	
Ⅱ-32A/Francis	59.15	5.73	-0.36	-18.87	7.26	培矮 64S/明恢 63 Peiai 64S/Minghui 63	50.64	-10.27	5.35	-19.78	-0.30	
珍汕 97A/直龙 Zhenshan 97A/Zhilong	46.66	-9.03	-0.66	-14.75	12.22	培矮 64S/明恢 86 Peiai 64S/Minghui 86	47.90	-1.79	-6.47	-26.66	-13.19	
珍汕 97A/广恢 128 Zhenshan 97A/Guanghui128	45.66	-9.77	-1.14	-21.66	-6.19	培矮 64S/02428 Peiai 64S/02428	54.33	1.31	-1.79	-33.28	-27.99	
珍汕 97A/明恢 63 Zhenshan 97A/Minghui 63	51.40	-6.46	2.46	-13.38	1.21	培矮 64S/Francis Peiai 64S/Francis	54.58	1.04	-1.22	-34.29	-27.66	
珍汕 97A/明恢 86 Zhenshan 97A/Minghui 86	57.50	2.02	1.34	-6.56	4.21	博 A/直龙 Bo A/Zhilong	53.84	-7.80	6.74	5.73	29.47	
珍汕 97A/02428 Zhenshan 97A/02428	56.90	5.12	-2.49	-26.72	-16.19	博 A/广恢 128 Bo A/Guanghui 128	49.82	-8.54	2.63	-8.53	2.36	
珍汕 97A/Francis Zhenshan 97A/Francis	59.13	4.85	0.50	-25.42	-12.92	博 A/明恢 63 Bo A/Minghui 63	49.11	-5.23	-1.54	-11.56	-3.32	
优 IA/直龙 You I A/Zhilong	51.18	2.89	-7.16	-9.24	23.08	博 A/明恢 86 Bo A/Minghui 86	50.00	3.26	-8.94	-13.37	-9.38	
优 IA/广恢 128 You I A/Guanghui 128	57.65	2.15	1.41	-3.81	18.45	博 A/02428 Bo A /02428	56.38	6.36	-4.35	-23.64	-6.43	
优 IA/明恢 63 You I A/Minghui 63	55.73	5.46	-4.22	-8.63	9.73	博 A/Francis Bo A/Francis	64.16	6.09	5.46	-14.98	6.47	
优 IA/明恢 86 You I A/Minghui 86	66.14	13.94	0.15	4.68	19.87	博 Ⅱ A/直龙 Bo Ⅱ A/Zhilong	47.33	-4.33	-4.57	-8.64	13.83	
优 IA/02428 You I A/02428	77.90	17.04	13.02	-1.78	9.41	博 Ⅱ A/广恢 128 Bo Ⅱ A/Guanghui 128	45.43	-5.07	-6.13	-17.93	-6.66	
优 IA/Francis You I A/Francis	65.72	16.77	-3.21	-18.80	-7.69	博 Ⅱ A/明恢 63 Bo Ⅱ A/Minghui 63	54.14	-1.76	1.09	-4.03	6.59	
龙特甫 A/直龙 Longtefu A/Zhilong	54.67	-8.47	8.41	18.72	31.49	博 Ⅱ A/明恢 86 Bo Ⅱ A/Minghui 86	74.52	6.72	18.36	27.15	35.04	
龙特甫 A/广恢 128 Longtefu A/Guanghui 128	47.96	-9.21	1.06	-3.29	-1.45	博 Ⅱ A/02428 Bo Ⅱ A/02428	59.33	9.82	-4.19	-20.61	-4.37	
龙特甫 A/明恢 63 Longtefu A/Minghui 63	45.38	-5.90	-5.37	-10.41	-10.17	博 Ⅱ A/Francis Bo Ⅱ A/Francis	58.85	9.55	-4.55	-22.92	-5.13	

表 4 杂交稻亲本遗传距离与杂种 F_1 成穗率表型值、配合力及杂种优势的相关分析							Table 4 Correlation coefficients among different parameters of productive tiller percentage							%
参数 Parameters	成穗率表型值 PV	中亲值 MPV	成穗率特殊配合力 SCA	双亲一般配合力之和 GCA_{f+m}	中亲优势 MPH	超低亲优势 LPH								
遗传距离 GD	0.537**	0.906**	0.033	0.614**	-0.523**	-0.373*								
表型值 PV		0.571**	0.544**	0.839**	0.309*	0.304*								
中亲值 MPV			0.000	0.678**	-0.593**	-0.437**								
特殊配合力 SCA				0.000	0.542**	0.503**								
双亲一般配合力之和 GCA_{f+m}					0.018	0.032								
中亲优势 MPH						0.781**								

注: * 和 ** 分别表示在 0.05 和 0.01 水平显著相关。
Note: *, ** Significant at 0.05 and 0.01 levels,respectively.

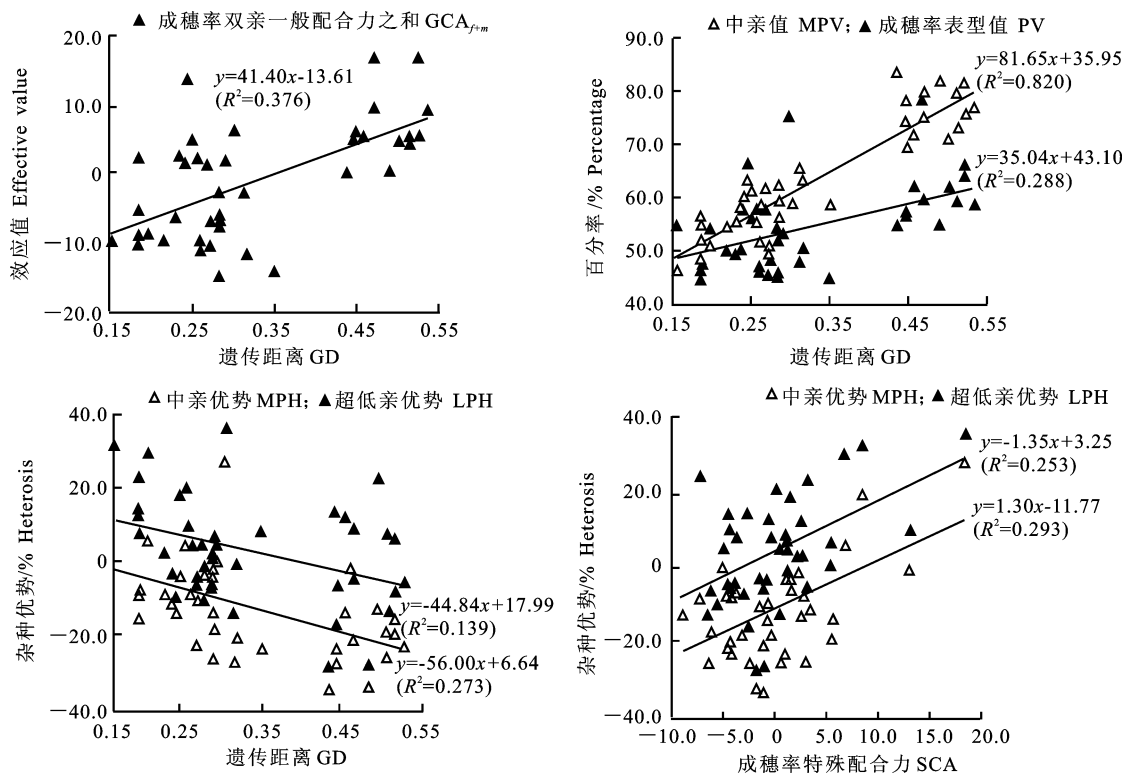


图 2 杂交稻亲本遗传距离与成穗率表型值、中亲值、配合力效应值及特殊配合力与杂种优势间的回归分析
Fig. 2 Regression analysis of the associations between genetic distance and phenotypic value, mid-parent value, and combining ability, and between special combining ability and heterosis

3 讨 论

随着分子生物学技术的发展,分子标记已成为深入研究杂种优势的重要手段。目前,关于利用分子标记差异预测杂种优势的报道很多,但因试验取材及方法的不同,所得结论也不尽一致^[6-12]。杂种优势是一类特殊的杂合性状,在遗传表现上主要取决于双亲部分特定遗传位点上的配对差异^[20]。然而,以往的研究大部分所用分子标记是覆盖整个基因组的,其亲本间遗传差异为双亲全部位点上的差异,涉及了许多与研究目标性状无关的位点,用之来分析遗传距离与杂种优势的相关性时就会出现偏差。Dias 等^[21]经理论及计算机模拟发现,提高与杂种优势相关 QTL 的连锁分子标记比例,可获得较高的遗传距离与杂种优势相关性。因此,采用更多的与目标性状有关的基因位点来分析亲本间的遗传差异,对其产生的遗传距离与杂种优势进行相关性研究更具合理性。张涛等^[8]利用与产量性状有关的功能基因标记分析了杂交水稻组合亲本间的遗传差异,进而研究了标记遗传距离与产量杂种优势的相关性,结果表明两者呈显著正相关,说明功能基因标记可应用于杂交水稻杂种优势预测。本研究选用

56 个与分蘖成穗相关 QTL 紧密连锁的 SSR 标记来分析杂交稻亲本间的遗传差异,对由此产生的 QTL-SSR 遗传距离与杂种优势的相关性进行研究,结果显示,QTL-SSR 遗传距离与实际杂种优势之间呈显著负相关,说明利用与目标性状相关的分子标记来预测杂种优势是可行的。

杂种优势群的划分和杂交模式的构建,主要依据亲本亲缘关系或者配组后代配合力及杂种优势来确定^[22]。这些做法将有助于提高杂交种组配效率,但仍带有一定的盲目性。利用分子标记技术进行杂交亲本的遗传多样性分析,可简便地将大量的待测亲本归类到相应的杂种优势群中。罗小金等^[23]利用 36 对 SSR 引物将 58 份籼稻材料划分为 3 个类群,结果表明应用 SSR 标记划分籼型水稻杂种优势群是可行的。王胜军等^[24]利用 SSR 标记将我国 48 个杂交籼稻骨干亲本划分为 4 个杂种优势群及 6 个亚群,并提出了相应的 28 种杂种优势模式。本研究根据 13 个水稻亲本的 QTL-SSR 遗传距离进行类平均法聚类分析,结果与系谱分析基本吻合,说明运用分子标记技术可以有效地鉴定亲本的遗传多样性,从而快速实现杂种优势群的划分与利用。

特殊配合力效应在某种程度上是亲本间遗传距

离的度量,也可以用于杂种优势的预测,但不同研究得出的结论有所不同。齐绍武等^[25]和赵庆勇等^[26]的研究认为,杂交水稻组合的特殊配合力与杂种优势高度相关。龚光明等^[27]研究表明,特殊配合力与杂种优势大小并不一致。本研究对杂交稻成穗率的 QTL-SSR 遗传距离、特殊配合力和杂种优势三者间的关系进行了研究,发现亲本间 QTL-SSR 遗传距离与特殊配合力效应的相关性不显著,其相关系数仅为 0.033;QTL-SSR 遗传距离与中亲优势、超低亲优势分别呈极显著及显著负相关,其相关系数分别为-0.523 和-0.373;而特殊配合力效应与中亲优势、超低亲优势均呈极显著正相关,相关系数分别为 0.542 和 0.503。QTL-SSR 遗传距离与杂种优势、特殊配合力与杂种优势的相关系数绝对值大小接近,说明 QTL-SSR 遗传距离与特殊配合力效应之间虽然不存在明确的内在联系,但都可用于杂种优势的估算,并且两者的有效性相当。因此,在水稻亲本杂交模式构建中,应将配合力测定与分子标记分析进行有机结合,以提高亲本选择的针对性及试验效率。

[参考文献]

- [1] 蒋彭炎,洪晓富,冯来定,等. 水稻群体中期成穗率与后期光合效率的关系 [J]. 中国农业科学,1994,27(6):8-14.
Jiang P Y, Hong X F, Feng L D et al. Relation between percentage of ear-bearing of colony in the middle phase and photosynthesis efficiency in the late in rice [J]. Scientia Agricultura Sinica,1994,27(6):8-14. (in Chinese)
- [2] 钟旭华,彭少兵,John E,等. 水稻群体成穗率与干物质积累动态关系的模拟研究[J]. 中国水稻科学,2001,15(2):10-13.
Zhong X H, Peng S B, John E, et al. Relationship between productive tiller percentage and biomass accumulation in rice [J]. Chinese Journal of Rice Science,2001,15(2):10-13. (in Chinese)
- [3] 凌启鸿,苏祖芳,张海泉. 水稻成穗率与群体质量关系及其影响因素的研究 [J]. 作物学报,1995,21(4):463-469.
Ling Q H, Su Z F, Zhang H Q. Relationship between earbearing tiller percentage and population quality and its influential factors in rice [J]. Acta Agronomica Sinica,1995,21(4):463-469. (in Chinese)
- [4] 张喜娟,孙晓杰,张淑萍,等. 水稻分蘖特性与产量关系 [J]. 中国农学通报,2006,22(2):130-132.
Zhang X J, Sun X J, Zhang X P, et al. The relationship between tillering character and yield [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin,2006,22(2):130-132. (in Chinese)
- [5] Peng S, Khush G S, Cassman K G. Breaking the yield barrier [M]. Los Banos, Philippines:IRRI Philippines,1994:5-20.
- [6] 陈温福,徐正进,张文忠,等. 水稻新株型创造和超高产育种 [J]. 作物学报,2001,27(5):665-674.
Chen W F, Xu Z J, Zhang W Z, et al. Creation of new plant type and breeding rice for super high yield [J]. Acta Agronomica Sinica,2001,27(5):665-674. (in Chinese)
- [7] 金正勋,姜文洙,晋重玄,等. 籼稻 RAPD 标记遗传距离与杂种后代稻米味度及 RVA 谱特性的相关分析 [J]. 中国水稻科学,2005,19(1):29-35.
Jin Z X, Jiang W Z, Chin J H, et al. Analysis on genetic distance based on RAPD markers as related to the taste meter and RVA properties in indica rice hybrids [J]. Chinese Journal of Rice Science,2005,19(1):29-35. (in Chinese)
- [8] 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.
Zhang T, Ni X L, Jiang K F, et al. Correlation between genetic distance based on molecular markers of functional genes and heterosis in rice [J]. Chinese Journal of Rice Science,2009,23(6):567-572. (in Chinese)
- [9] Makumbi D, Betran J F, Banziger M, et al. Combining ability, heterosis and genetic diversity in tropical maize (*Zea mays* L.) under stress and non-stress conditions [J]. Euphytica,2011,180(2):143-162.
- [10] Betran J F, Ribaut J M, Beck D, et al. Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments [J]. Crop Science,2003,43(3):797-806.
- [11] Krystkowiak K, Adamski T, Surma M, et al. Relationship between phenotypic and genetic diversity of parental genotypes and the specific combining ability and heterosis effects in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Euphytica,2009,165(3):419-434.
- [12] Benin G, Matei G, Oliveira A C, et al. Relationships between four measures of genetic distance and breeding behavior in spring wheat [J]. Genetics and Molecular Research,2012,11(3):2390-2400.
- [13] Saghai Maroof M A, Yang G P, Zhang Q. Correlation between molecular marker distance and hybrid performance in U. S. southern long grain in rice [J]. Crop Science,1997,37:145-150.
- [14] 李云海,钱前,曾大力,等. 我国主要杂交水稻亲本的 RAPD 鉴定及遗传关系研究 [J]. 作物学报,2000,26(2):171-176.
Li Y H, Qian Q, Zeng D L, et al. Identification by RAPD analysis and studies on genetic relation ship of main parents of hybrid rice in China [J]. Acta Agronomica Sinica,2000,26(2):171-176. (in Chinese)
- [15] 朱作峰,孙传清,姜廷波,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.
Zhu Z F, Sun C Q, Jiang T B, et al. The comparison of genetic divergences and its relationships to heterosis revealed by SSR and RFLP markers in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Acta Genetica Sinica,2001,28(8):738-745. (in Chinese)

- [16] 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.
Zhao Q Y, Zhu Z, Zhang Y D, et al. Analysis on correlation between heterosis and genetic distance based on simple sequence repeat markers in japonica rice [J]. Chinese Journal of Rice Science, 2009, 23(2):141-147. (in Chinese)
- [17] Bernardo G B, Galderisi U, Cipollaro M, et al. Methods to improve the yield and quality of DNA from dried and processed figs [J]. Biotechnol Prog, 2005, 21(2):546-549.
- [18] 刘来福,毛盛贤,黄远樟. 作物数量遗传 [M]. 北京:农业出版社,1984:250-262.
Liu L F, Mao S X, Huang Y Z. Crop quantity genetic [M]. Beijing: Agricultural Press, 1984:250-262. (in Chinese)
- [19] Orjuela J, Garavito A, Bouniol M, et al. A universal core genetic map for rice [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2010, 120(3):563-572.
- [20] 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.
Liu X C, Wang W X, Chen S G, et al. Identification of molecular markers referred to the grain quality traits of rice hybrids based on the combining ability of their parental lines [J]. Chinese Journal of Rice Science, 2005, 19(1):25-28. (in Chinese)
- [21] Dias L A, Picoli E A, Rocha R B, et al. A priori choice of hybrid parents in plants [J]. Genet Molecular Research, 2004, 3(3):356-368.
- [22] 陆作楣,徐保钦. 论杂种优势群理论对杂交稻育种的指导意义 [J]. 中国水稻科学,2010,24(1):1-4.
Lu Z M, Xu B Q. Heterotic group and its application in hybrid rice breeding [J]. Journal of Rice Science, 2010, 24(1):1-4. (in Chinese)
- [23] 罗小金,贺浩华,付军如,等. 利用 SSR 分子标记划分籼型水稻杂种优势群 [J]. 杂交水稻,2006,21(1):61-64.
Luo X J, He H H, Fu J R, et al. Studies on dividing heterotic groups in indica rice with SSR molecular markers [J]. Hybrid Rice, 2006, 21(1):61-64. (in Chinese)
- [24] 王胜军,陆作楣. 我国常用杂交水稻亲本杂种优势群的初步研究 [J]. 南京农业大学学报,2007,30(1):14-18.
Wang S J, Lu Z M. Study on heterosis groups of key parental lines in indica hybrid rice (*Oryza sativa* L.) in China [J]. Journal of Nanjing Agricultural University, 2007, 30(1):14-18. (in Chinese)
- [25] 齐绍武,盛孝邦. 籼型两系杂交水稻主要农艺性状配合力及遗传力分析 [J]. 杂交水稻,2000,15(3):38-40.
Qi S W, Sheng X B. Analysis on combining ability and heritability of major agronomic characters in two line indica hybrid rice [J]. Hybrid Rice, 2000, 15(3):38-40. (in Chinese)
- [26] 赵庆勇,朱 镇,张亚东,等. 12 个粳稻新不育系的配合力及利用价值评价 [J]. 中国水稻科学,2008,22(1):57-64.
Zhao Q Y, Zhu Z, Zhang Y D, et al. Combining ability and utilization of twelve new male sterile lines in japonica hybrid rice [J]. Chinese Journal of Rice Science, 2008, 22(1):57-64. (in Chinese)
- [27] 龚光明,周国锋,尹楚球,等. 籼型两用核不育系主要农艺性状的配合力分析 [J]. 中国水稻科学,1993,7(3):137-142.
Gong G M, Zhou G F, Yin C Q, et al. Analysis on the combining ability of main agronomic traits of indica double-functional genic male-sterile lines [J]. Chinese Journal of Rice Science, 1993, 7(3):137-142. (in Chinese)