

文章编号: 1005-0906(2007)03-0030-06

利用 SSR 标记研究云南玉米骨干自交系的亲缘关系

张建华¹, 张金渝^{1,2}, 杨晓洪¹, 金航², 华秋瑾¹

(1. 云南省农业科学院质量标准与测试技术研究所, 昆明 650205; 2. 云南省农业科学院药用植物研究所, 昆明 650223)

摘要: 用 SSR 标记对云南常用的 72 个玉米骨干自交系进行亲缘关系的研究。结果表明: ①用国内外确定的 63 对玉米 SSR 核心引物中筛选的 20 对核心引物, 共扩增出 228 个等位基因, 平均 PIC 值为 0.7099、MI 值 8.09、 I 为 0.5535、 h 为 0.3745, 72 个玉米自交系存在丰富的遗传多样性。②选择的云南玉米骨干自交系与五大优势群标准测验种之间的遗传距离表现为四平头群(黄早四(B4))>PN 种质(掖 478(B20))>Reid 群(B73(D19))>Lancaster 群(Mo17(B2))>旅大红骨群(丹 340(B6))。23.88% ~ 61.19% 的云南玉米骨干自交系分别与 5 大优势群标准测验种间的遗传距离大于平均值 0.543 1, CX2 和 CX6 与 5 个标准测验种的遗传距离均大于 0.7。③SSR 标记结果将 72 个云南玉米骨干自交系被划分为 11 个遗传类群, 第 II、IV、V、IX、X、XI 6 个类群共 22 个自交系没有与已知的优势群标准测验种聚在一起, 可能是新的优势类群, 对于开发新的玉米杂优利用模式具有重要作用。

关键词: 玉米自交系; 亲缘关系; SSR 标记; 云南**中图分类号:** S513**文献标识码:** A

A Study on Genetic Relationship of Main Maize Inbred Lines in Yunnan by SSR Markers

ZHANG Jian-hua¹, ZHANG Jin-yu^{1,2}, YANG Xiao-hong¹, JIN Hang², HUA Qiu-jin¹(1. *Agricultural Quality, Standard and Testing for Technology Institute, YAAS, Kunming 650205;**2. Institute of Medicinal plant, YAAS, Kunming 650223, China)*

Abstract: The genetic relationships 72 main maize inbred lines in Yunnan were studied by SSR markers. The results showed that: ①20 pairs core primers were selected from 63 pairs of core SSR primers which had been used by other labs, 228 alleles were detected in the 72 main inbred lines, average polymorphism information content (PIC) was 0.709 9, average marker index (MI) is 8.09, Shannon's information index (I) was 0.553 5 and Nei's gene diversity (h) was 0.374 5. Abundant genetic variation exit in the 72 materials. ②the average Genetic distance (GD) among the main inbred lines of Yunnan and the standard test varieties of 5 domestic main maize heterotic grouping showed Sipingtou (Huangzaosi (B4)) > PN germplasm (Ye478 (B20)) > Reid (B73 (D19)) > Lancast (Mo17 (B2)) > Lvdahonggu (Dan340 (B6)). The GD about 23.88% ~ 61.19% of Yunnan maize inbred lines materials and 5 domestic main maize heterotic grouping were above 0.543 1 respectively, As same as CX2, the GD of CX6 were above 0.7. ③According to the results of SSR markers, genetic distance and cluster analysis showed that 72 maize main inbred lines of Yunnan were divided into 11 groups, and the II, IV, V, IX, X and XI groups with 22 inbred lines were not congregated with standard varieties of 5 domestic main maize heterotic groups. The 22 varieties should be worthwhile to be noticed in corn breeding in the future.

Key words: Inbred lines of maize; Genetic relationship; SSR markers; Yunnan province**收稿日期:** 2007-01-04; **修回日期:** 2007-03-25**基金项目:** 云南省自然科学基金项目“玉米 DUS 测试技术体系构建”(2002C0078M)**作者简介:** 张建华, 男, 副研究员。Tel: 0871-5894691

E-mail: zhjhua6748@163.com

以 DNA 结构多态性为基础的分子标记技术, 克服了传统方法的许多缺点, 已被人们逐渐用于玉米的亲缘关系研究中。SSR 标记的每个条带代表一个等位基因, 因此, 通过这些条带确定的等位基因频率差异来测算遗传距离 (GD), 进而分析相关种质的亲

缘关系 (袁力行等,2000)。用 RFLP、SSR、AFLP 和 RAPD 标记比较分析玉米种质遗传多样性,SSR 标记是分析种质遗传多样性的最优的分子标记。Smith 等(1997)利用 SSR 标记对玉米自交系进行了遗传类群的划分。聂永心等(2004)、刘杰等(2002)、李凌雨等(2002)、番兴明等(2003)、钟昌松等(2006)分别用 SSR 标记研究了 10~20 个玉米自交系的杂种优势群和亲缘关系,分类结果与系谱有较好的一致性。SSR 标记用于玉米育种亲本的亲缘关系研究和遗传类群划分的技术方法已经成熟。

袁力行等(2003)所在的 AMBIONET 中国实验室将我国玉米亲本划分为 5 大遗传类群(四平头、旅大红骨、兰卡斯特、瑞德和 PN 种质),并且鉴定出其相对应的 5 个标准测验种(黄早四、丹 340、Mo17、B73 和掖 478),为玉米新优势群的发掘与新的杂交模式

的建立奠定了基础。本文运用 SSR 标记技术对 72 份云南选育或引进利用的骨干自交系进行亲缘关系的分析,为这些自交系的高效利用提供指导依据。

1 材料与方法

1.1 材料

参试的 72 个云南玉米骨干自交系详见表 1。其中 B1~B32 和 D1~D19 为农业部植物新品种 DUS 测试中心提供;YC1~YC8 为云南省农业科学院玉米研究中心提供;SM1、SM2 为思茅地区农科所提供;LC1 为临沧地区农科所提供;QJ1~QJ9 为曲靖地区农科所提供;BS1~BS5 为保山地区农科所提供;GX1~GX4 为云南农科院珍禾种业公司提供;CX1~CX6 为楚雄州农科所提供。

表 1 72 个云南玉米自交系
Table 1 The list of 72 maize inbred lines in Yunnan

代号 Code	名称 Variety	代号 Code	名称 Variety	代号 Code	名称 Variety	代号 Code	名称 Variety
B1	107	B22	8112	D19	B73	QJ7	靖 98031
B2	Mo17	B23	8605-2	YC1	122	QJ8	靖 78003
B3	330	B24	7884-7	YC2	140	QJ9	靖 128
B4	黄早四	B25	106	YC3	161	BS1	齐 205
B5	1611	B27	16-A	YC4	166	BS2	保 107
B6	丹 340	B28	7922	YC5	171	BS3	云 142/U8112
B7	M6	B29	451	YC6	BTN-1-3	BS4	保 o103
B8	795	B31	52106	YC7	CSC-23-1	BS5	M 151
B12	T16-3	B32	137	YC8	GXN-4/E341	GX1	S3 特 -74
B13	L213	D1	B77	SM1	122	GX2	云 147
B14	掖 515	D2	荻白	SM2	8371	GX3	ZOL-1
B15	掖 502	D5	64	LC1	LGB-1-1	GX4	S5 特 -1
B16	武 314	D7	335	QJ1	1-6	CX1	728
B17	Z 091-02	D8	丹 341	QJ2	HS-2	CX2	98-1
B18	S5003	D11	92-67S	QJ3	SW92E341-18W-2-1	CX3	C102
B19	E28	D12	5493	QJ4	HS-1	CX4	楚 024
B20	掖 478	D14	21	QJ5	S17	CX5	48-1
B21	K22	D15	4	QJ6	靖 137	CX6	楚 102

1.2 试验方法

1.2.1 田间试验方法

将上述品种种植于云南省农业科学院试验基地(海拔 1 900 m)。按标准进行田间种植和性状调查,3~5 叶期,每个品种随机选取 20 株,每株取新鲜叶片 3~5 g 放入 -80℃超低温冰箱保存备用。

1.2.2 SSR 标记

按照张建华等采用的方法进行 DNA 提取、引物筛选、PCR 扩增及 SSR 标记分析。

1.3 数据分析

按照张建华等采用的方法进行结果处理和数据分析。标记位点的多态性信息量(PIC)= $1-\sum f_i^2$ 计算, f_i^2 表示 i 位点的基因频率。用 POPGEN1.32 软件计算遗传相似系数(Genetic similarity, GS)= $m/(m+n)$;遗传距离(Genetic distance, GD)=- $\ln[2m/(m+n)]$,其中 m 表示基因型间共有带数,n 表示基因型间差异带数;Nei 基因多样性(h)和 Shannon 指数(I)。标记索引系数(Marker index, MI)=Allele $\times$ PIC,Allele 为该引物

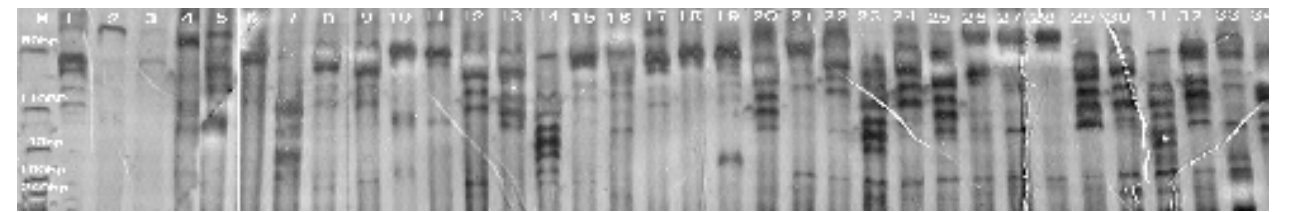
的等位基因数。

2 结果与分析

2.1 云南玉米骨干自交系的遗传变异分析

图 1 和表 2 的结果均显示, 云南玉米骨干自交系的遗传变异较大,遗传背景复杂,类群多,遗传多

样性丰富。用筛选的 20 对核心引物一共检测到 228 个等位基因, 每对引物检测到 8~16 个, 平均为 11.40 个。其 PIC 值在 0.104 5~0.882 0 之间,平均为 0.709 9; MI 值在 1.36~14.07 之间, 平均为 8.09;h 在 0.027 8~0.500 0 之间,平均为 0.374 5;I 在 0.074 0~0.693 1 之间,平均为 0.553 5。



注: 1~6 代表 D2、D5、D8、D11、D14、D19;7~12 代表 YC1、YC2、YC5、YC6、YC7、YC8;13 为 SM1,14 为 SM2;15~23 代表 QJ1~QJ9;24~28 代表 BS1~BS5;29~32 代表 GX1~GX4;33 代表 LC1;34~39 为 CX1~CX6。
Note: 1-6 are D2, D5, D8, D11, D14, D19; 7-12 are YC1, YC2, YC5, YC6, YC7, YC8; 13 is SM1, 14 is SM2; 15-23 are QJ1-QJ9; 24-28 are BS1-BS5; 29-32 are GX1-GX4; 33 is LC1, and 34-39 are CX1-CX6, respectively.

图 1 引物 Bnlgl2162 对 45 个云南玉米骨干自交系扩增的 DNA 指纹图谱
Fig.1 DNA fingerprints of 45 main inbred lines of Yunnan by SSR primer Bnlgl2162

表 2 20 对玉米 SSR 核心引物检测到 72 个云南玉米骨干自交系的遗传变异
Table 2 Genetic variation detected by 20 SSR core primes in 72 main inbred lines in Yunnan

SSR 引物 SSR primers	染色体位置 Locus	等位基因数 Number of allele	多态性信息量 PIC	标记索引系数 MI	Nei 氏基因多样性 h*	Shannon 指数 I*
Bnlgl617	6.05	13	0.798 2	10.38	0.426 3	0.613 0
Bnlgl2162	4.08	15	0.873 2	13.10	0.406 0	0.591 0
Phi116	7.06	10	0.396 6	3.97	0.351 5	0.534 8
Phi101049	2.09	8	0.854 2	6.83	0.205 1	0.353 1
Bnlgl834	8.00	12	0.849 5	10.19	0.387 3	0.571 0
Umc1196	10.07	12	0.857 9	10.29	0.278 1	0.425 9
Phi109275	1.00	13	0.805 1	10.47	0.405 3	0.590 1
Bnlgl238	6.00	16	0.879 6	14.07	0.394 9	0.577 3
Phi053	3.05	11	0.449 2	4.94	0.328 2	0.506 9
Bnlgl2181	8.05	9	0.514 6	4.63	0.336 6	0.517 0
Bnlgl162	8.05	10	0.569 6	5.70	0.285 1	0.449 8
Bnlgl655	10.03	13	0.104 5	1.36	0.377 4	0.563 4
Bnlgl125	2.02	11	0.849 2	9.34	0.422 1	0.609 7
Bnlgl619	9.07	10	0.744 4	7.44	0.420 7	0.604 3
Bnlgl1112	1.01	12	0.831 6	9.98	0.412 9	0.597 3
Bnlgl1225	2.02	12	0.882 0	10.58	0.369 0	0.543 9
Bnlgl1305	7.00	14	0.870 1	12.18	0.394 5	0.579 0
Bnlgl1346	5.07	9	0.417 3	3.76	0.340 7	0.516 2
Bnlgl197	3.06	10	0.868 4	8.68	0.387 9	0.560 3
Phi078	6.05	8	0.783 0	6.26	0.490 8	0.683 9
平 均		11.40	0.709 9	8.09	0.374 5	0.553 5

注: h*=Nei's(1973)gene diversity, I*=Shannon 指数(Shannon's Information index[Lewontin(1972)])

2.2 遗传距离的分析

表 3 显示了参试的 67 个云南利用的玉米骨干自交系与 AMBIONET 中国实验室划分和确定的 5 大遗传类群的 5 个标准测验种黄早四 (B4)、丹 340

(B6)、Mo17(B2)、B73(D19)和掖 478(B20)的遗传距离 (Nei's),在 0.269 1~1.331 2 之间,平均值为 0.543 1。
5 大类群标准测验种与 67 个云南玉米骨干自交系的平均遗传距离:四平头群(黄早四(B4))>PN 种

质 (掖 478 (B20))>Reid 群 (B73 (D19))>Lancaster 群 (Mo17(B2))>旅大红骨群(丹 340(B6))。这些自交系与四平头群的代表品种黄早四 (B4) 的遗传距离在 0.394 0 ~ 1.124 2 之间, 大于平均值 0.543 1 的自交系有 41 个, 占 61.19%; 与 PN 种质的代表品种掖 478 (B20)的遗传距离在 0.385 9 ~ 1.331 2 之间, 大于平均值 0.543 1 的自交系有 40 个, 占 59.70%; 与改良 Reid 优势群代表品种 B73 (D19) 的遗传距离在 0.418 8 ~ 1.152 9 之间, 大于平均值 0.543 1 的自交

系有 33 个, 占 49.25%; 与 Lancast 优势群的代表品种 Mo17(B2)的遗传距离在 0.273 9 ~ 1.077 7 之间, 大于平均值 0.5431 的自交系有 18 个, 占 26.87%; 与旅大红骨群的代表品种丹 340(B6)的遗传距离在 0.269 1 ~ 0.833 3 之间, 大于平均值 0.543 1 的自交系 16 个, 占 23.88%。23.88% ~ 61.19%的云南玉米骨干自交系分别与 5 大优势群标准测验种间的遗传距离大于平均值, 关系相对较远。

表 3 云南玉米骨干自交系与 5 大优势类群标准测验种的遗传距离

Table 3 The genetic distance between main inbred lines in Yunnan and the representative varieties of 5 main heterotic groups in China

编号 Codes	B2	B4	B6	B20	D19	编号 Codes	B2	B4	B6	B20	D19
B1	0.285 5	0.504 7	0.386 2	0.502 1	0.432 5	YC3	0.499 9	0.625 5	0.555 1	0.524 1	0.496 6
B3	0.273 9	0.707 2	0.372 8	0.531 5	0.503 9	YC4	0.499 9	0.600 6	0.571 3	0.524 1	0.580 9
B5	0.529 3	0.529 4	0.720 0	0.531 5	0.605 2	YC5	0.507 2	0.529 4	0.539 3	0.561 8	0.664 3
B7	0.458 8	0.597 9	0.295 6	0.631 4	0.534 6	YC6	0.631 4	0.552 6	0.683 0	0.609 1	0.549 4
B8	0.521 9	0.576 3	0.547 2	0.425 4	0.597 0	YC7	0.567 3	0.625 5	0.673 9	0.502 1	0.699 7
B12	0.409 9	0.484 6	0.406 7	0.502 1	0.503 9	YC8	0.544 3	0.592 4	0.555 1	0.554 1	0.572 9
B13	0.667 3	0.693 0	0.550 8	0.727 7	0.621 4	SM1	0.409 9	0.625 5	0.441 8	0.601 0	0.460 4
B14	0.443 5	0.492 0	0.493 1	0.601 0	0.565 0	SM2	0.383 7	0.455 9	0.500 6	0.554 1	0.418 8
B15	0.534 9	0.421 0	0.328 3	0.659 7	0.494 1	QJ1	0.443 5	0.506 8	0.449 0	0.593 1	0.482 0
B16	0.564 8	0.434 8	0.345 5	0.667 9	0.440 7	QJ2	0.460 8	0.489 5	0.460 9	0.499 3	0.564 2
B17	0.529 3	0.477 4	0.673 9	0.756 5	0.474 7	QJ3	0.565 8	0.657 0	0.435 1	0.535 5	0.652 3
B18	0.409 9	0.576 3	0.515 9	0.641 9	0.511 4	QJ4	0.457 3	0.506 8	0.386 2	0.502 1	0.489 2
B19	0.403 3	0.441 8	0.283 6	0.546 5	0.467 6	QJ5	0.492 7	0.470 1	0.563 2	0.569 5	0.489 2
B21	0.499 9	0.633 9	0.441 8	0.577 3	0.597 0	QJ6	0.416 5	0.470 1	0.413 6	0.473 5	0.511 4
B22	0.507 2	0.552 6	0.456 2	0.480 6	0.655 6	QJ7	0.492 7	0.544 8	0.500 6	0.539 0	0.580 9
B23	0.416 5	0.521 8	0.571 3	0.539 0	0.613 4	QJ8	0.552 0	0.568 3	0.571 3	0.452 6	0.489 2
B24	0.443 5	0.584 3	0.500 6	0.561 8	0.460 4	QJ9	0.575 1	0.568 3	0.420 6	0.593 1	0.605 2
B25	0.485 5	0.484 6	0.420 6	0.561 8	0.597 0	BS1	0.458 3	0.572 3	0.339 4	0.526 4	0.506 3
B27	0.478 4	0.484 6	0.470 8	0.385 9	0.630 1	BS2	0.416 5	0.455 9	0.420 6	0.445 7	0.446 4
B28	0.552 0	0.544 8	0.478 2	0.554 1	0.621 7	BS3	0.529 3	0.514 3	0.485 6	0.473 5	0.482 0
B29	0.735 8	0.592 4	0.710 6	0.509 4	0.605 2	BS4	0.426 8	0.736 4	0.368 7	0.602 7	0.540 3
B31	0.423 2	0.506 8	0.478 2	0.509 4	0.503 9	BS5	0.403 1	0.613 8	0.400 5	0.526 4	0.506 3
B32	0.485 5	0.499 3	0.531 4	0.418 7	0.541 7	GX1	0.464 3	0.592 4	0.539 3	0.577 3	0.534 0
D1	0.436 7	0.576 3	0.406 7	0.693 1	0.580 9	GX2	0.514 5	0.600 6	0.523 6	0.601 0	0.489 2
D2	0.489 8	0.520 1	0.361 5	0.592 4	0.548 2	GX3	0.358 2	0.617 1	0.406 7	0.531 5	0.453 4
D5	0.552 0	0.514 3	0.427 6	0.617 2	0.580 9	GX4	0.399 3	0.601 6	0.269 1	0.583 8	0.468 3
D7	0.536 8	0.529 4	0.539 3	0.593 1	0.549 4	LC1	0.487 0	0.630 9	0.372 9	0.572 9	0.461 8
D8	0.429 9	0.592 4	0.456 2	0.585 2	0.474 7	CX1	0.416 6	0.675 0	0.339 4	0.630 1	0.498 7
D11	0.615 0	0.568 3	0.508 2	0.480 6	0.549 4	CX2	0.713 1	0.744 0	0.711 9	0.736 3	0.852 8
D12	0.552 0	0.625 5	0.406 7	0.509 4	0.605 2	CX3	0.605 0	0.791 6	0.506 3	0.748 9	0.739 7
D14	0.536 8	0.394 0	0.441 8	0.554 1	0.511 4	CX4	0.761 2	0.933 7	0.680 2	0.870 1	0.923 0
D15	0.416 5	0.625 5	0.515 9	0.585 2	0.446 4	CX5	0.716 8	0.928 5	0.492 6	0.764 0	0.778 9
YC1	0.485 5	0.592 4	0.441 8	0.601 0	0.613 4	CX6	1.077 7	1.124 2	0.833 3	1.331 2	1.152 9
YC2	0.478 4	0.659 7	0.500 6	0.546 5	0.588 9						

表 3 还显示, 云南玉米骨干自交系与 5 大遗传类群标准测验种的关系表现极为复杂, 有的自交系同时与几个类群的关系均较近, 有的品种则与 5 大

类群的关系均较远。B1、B12、B31、B32、QJ4、QJ6、BS2、BS3 等 8 个自交系与 5 大标准测验种的遗传距离平均值 0.543 1; B13、YC6、YC8、CX2、CX4、CX6 等

6 个自交系与上述 5 大标准测验种的遗传距离均大于平均值，特别是 CX2 和 CX6 与 5 个标准测验种的遗传距离均大于 0.7，它们与现有的 5 大优势群的亲缘关系较远，可能属于新的未划分的遗传类群。这为玉米新组合模式的开发利用以及突破性玉

米杂交组合的获得积累了丰富的育种材料。其余自交系则分别与 1~4 个标准测验种的遗传距离小于平均值。

2.3 基于 SSR 标记的聚类分析

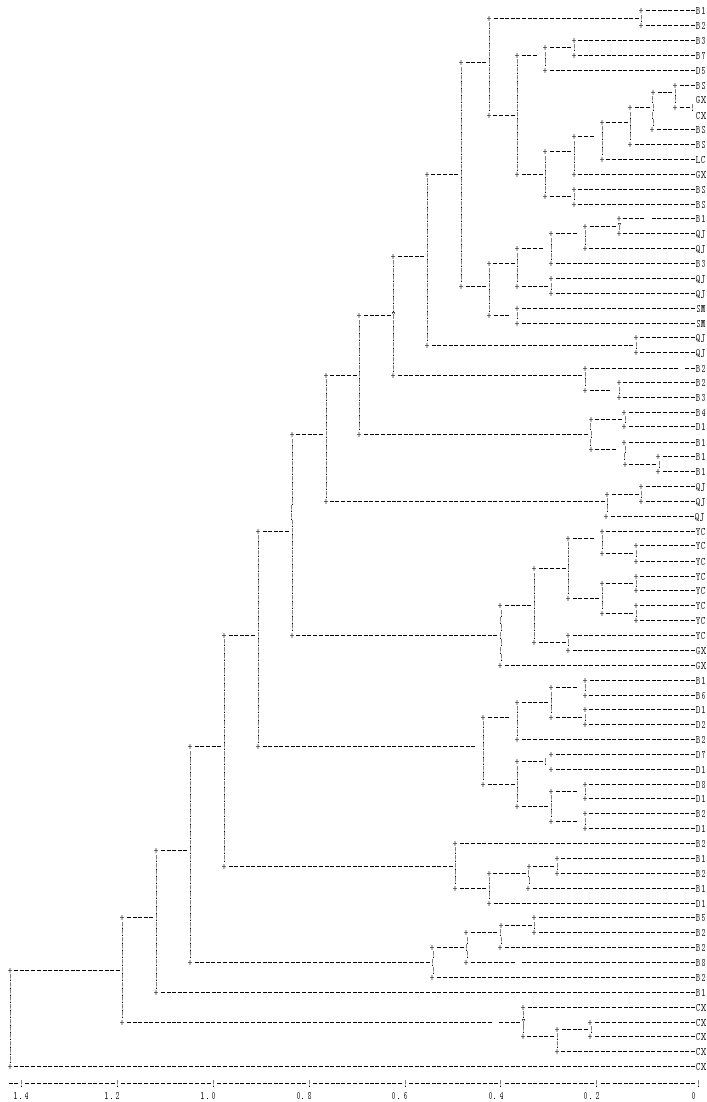


图 2 基于 SSR 标记的 72 个云南玉米骨干自交系的聚类图

Fig.2 Diagram of cluster analysis in 72 main inbred lines of Yunnan based on SSR markers

图 2 是用 Popgene32 软件分析的 72 个参试材料的遗传聚类。当以遗传距离 0.543 1 为标准时，72 个云南玉米骨干自交系被划分为 11 个遗传类群。第 I 类群的品种编号为：B1、B2、B3、B7、D5、BS1、GX4、CX1、BS4、BS5、LC1、GX3、BS2、BS3、B12、QJ6、QJ1、B32、QJ4、QJ5、SM1、SM2、QJ8、QJ9，共 24 个自交系，它们与 Lancast 群的标准测验种 Mo17(B2)聚在一类；第 II 类群为 B23、B25、和 B31 共 3 个自交系；第 III 类群为 B4、D14、B14、B15、B16 共 5 个自交系，它们与四平头群的标准测验种黄早四(B4)聚在一类；

第 IV 类群为 QJ2、QJ7、QJ3 共 3 个自交系；第 V 类群为 YC1、YC2、YC3、YC4、YC5、YC6、YC7、YC8、GX2 和 GX1 共 10 个自交系；第 VI 类群为 B19、B6、D1、D2、B21、D7、D11、D8、D12、B28、D15 共 11 个自交系，与旅大红骨群的标准测验种丹 340(B6)聚在一起；第 VII 类群为 B22、B17、B24、B18、D19 共 5 个自交系，与 Reid 群的标准测验种 B73(D19)聚在一类；第 VIII 类群为 B5、B27、B29、B8、B20 共 5 个自交系，与 PN 种质群的标准测验种掖 478(B20)聚在一起；第 IX 类群为 B13；第 X 类群为 CX2、CX3、CX5、CX4 共 4 个自交

系;第XI类群为 CX6。

第II、IV、V、IX、X、XI这6个类群共22个自交系没有与已知的优势群标准测验种聚在一起,它们可能是新的优势类群,这对于开发新的杂优利用模式具有重要作用。

3 结论和讨论

(1)本研究基于 SSR 标记分析得出了 72 个云南玉米骨干自交系的亲缘关系,大部分结果与其系谱来源一致,因此,在未来的玉米育种研究中,选择不同类群、遗传距离大的亲本配制杂交组合,有可能获得较强的优势。也可用同一类群不同品系进行杂交,实施性状聚合和性状改良,可以提高育种亲本的遗传基础,以获得具有突破性的玉米新品种。

本研究的部分材料聚类与系谱不一致。这一结果与钟昌松等(2006)、李新海等(2000)的研究结果相符。分析其原因可能是云南玉米亲本的部分选系基础材料丰富(B23、D8、B20)等,部分品系来自于同一个育种家(如 B1、B2、B3 聚在一类,YC1、YC2、YC3、YC4、YC5、YC6、YC7、YC8 聚在一类等),在长期育种利用中产生基因漂流或突变等因素造成。这可以推定,同一自交系经不同育种家选择、繁殖和利用后,随着时间推移也会产生遗传差异。这与谭君等(2003)研究结果相符。因此,育种选择应该注重其材料供给者之间的搭配。

(2)本文研究了代表云南玉米育种亲本概貌的 72 个骨干自交系、发现 6 个类群 22 个自交系与我国玉米五大优势群标准测验种之间的遗传距离较大,特别是 CX2、CX6 两自交系与 5 个标准测验种之间的遗传距离大于 0.7。这一结果充分说明,云南玉米骨干亲本的遗传基础复杂且较宽,其在未来的玉米杂种优势利用和突破性新组合的配制和选拔方面具有较大的应用潜力。

(3)在 SSR 标记试验中,20 对 SSR 引物对 72 个云南玉米骨干亲本的遗传多样性检测的 4 个指标之间的直线相关性分析显示,多态性信息量(PIC 值)与标记索引指数之间($r=0.8733$, $n=20$)、Nei 基因多样性(h)与 Shannon 指数(I)($r=0.9971$, $n=20$)之间达到极显著直线相关。在用 SSR 标记进行植物遗传多样性检测时,可能用 PIC 值和 I 值两个指标即可。

(4)SSR 标记检测到的是一个单一的多等位基因位点,符合孟德尔遗传规律。因此,某个 SSR 引物可能是某个等位基因位点的特异标记。根据引物信息,

本研究筛选的 20 对引物均匀的检测到了玉米 10 对染色体的不同位点。所用的大多数引物的 PIC 值大于 0.7。多个研究中也证实这些引物的 PIC 值大于平均值。由此可以推定,这 20 对引物可能分别是位于玉米第 1、2、3、4、6、7、8、9 和第 10 对染色体上的多等位基因位点的特异标记,它们已经被用于玉米遗传多样性评价、品种鉴定、DUS 测试研究等方面。需要特别提出的是,筛选的这些引物检测的是哪个基因位点、它们分别与哪些性状连锁等还有待于进一步的研究。

参考文献:

- [1] 袁力行,傅骏骅,Warburton M,等.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.
- [2] Smith J S C, Chin E C L, Shu H, et al. An Evaluation of the Utility of SSR Loci as Molecular Markers in Maize(*Zea mays* L.): Comparison with Data from RFLPs and Pedigree[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1997(95): 163-173.
- [3] 聂永心,张丽,潘光堂,等.SSR 分子标记在玉米杂种优势群划分中的应用[J].玉米科学,2004,12(3):26-29.
- [4] 刘杰,刘公社,朱至清,等.SSR 标记用于玉米自交系遗传变异与优势类群划分的研究[J].西北植物学报,2002,22(4):741-750.
- [5] 李凌雨,榎宏征,浓沼圭一,等.SSR 标记用于玉米自交系类群划分的研究[J].山西农业科学,2002,30(4):19-22.
- [6] 番兴明,张世煌,谭静,等.根据 SSR 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.
- [7] 钟昌松,徐利远,余桂蓉,等.20 份特用玉米自交系亲缘关系的 SSR 标记研究[J].玉米科学,2006,14(4):43-46.
- [8] 张建华,张金渝,杨晓洪,等.用 SSR 标记建立玉米黄早四 DNA 标准指纹图谱的方法研究[J].西南农业学报,2006,19(3):345-350.
- [9] Senior M L, Murphy J P, Goodman M M, Stuber C W. Utility of SSRs for determining genitic similarities and relationships in maize using an agarose gel system[J]. Crop Science, 1998, 38(4), 1088-1098.
- [10] 李新海,傅骏骅,张世煌,等.利用 SSR 标记研究玉米自交系的遗传变异[J].中国农业科学,2000,33(2):1-9.
- [11] 谭君,丁仲芳,孙仕贤,等.西南常用玉米自交系 SSR 指纹图谱构建[J].西南农业学报,2003,16(2):1-6.
- [12] 周延清. DNA 分子标记技术在植物研究中的应用[M].化学工业出版社,2005.
- [13] 赵久然,王风格,郭景伦,等.中国玉米新品种 DNA 指纹库建立系列研究 II.适于玉米自交系和杂交种指纹图谱绘制的 SSR 核心引物的确定[J].玉米科学,2003,11(2):3-5,8.
- [14] 张金渝,张建华,杨晓洪,等.建立玉米 DUS 测试标准品种的 SSR 分子指纹图谱的研究[J].玉米科学,2006,14(4):47-52.
- [15] 张金渝,张建华,杨晓洪,等.用 SSR 标记划分云南糯玉米地方品种资源遗传类群的研究[J].玉米科学,2007,15(1):53-58.

(责任编辑:朴红梅)