

# SSR 在玉米种质资源分析及评价中的应用

朱祥芬, 王黎明\* (湖北省恩施州农业科学院, 湖北恩施 445000)

**摘要** 介绍 SSR 分子标记在玉米遗传图谱构建、亲缘关系及杂种优势群划分、孤雌生殖单倍体鉴定等方面的应用, 并对 SSR 标记技术在玉米研究中的应用进行展望。

**关键词** SSR; 分子标记; 玉米

中图分类号 S513 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2015)16-055-02

## Application of SSR Marker in Analysis and Evaluation of Maize Germplasm Resources

ZHU Xiang-fen, WANG Li-ming\* (Enshi Autonomous Prefecture Academy of Agricultural Sciences, Enshi, Hubei 445000)

**Abstract** The application of SSR molecular marker in construction of maize genetic map, the genetic relationship and the heterotic groups division, identification of parthenogenesis haploid were introduced, the application of SSR molecular marker in maize research was forecasted.

**Key words** SSR; Molecular marker; Maize

在玉米新品种选育及生产过程中已得到证明, 玉米品种的更新换代, 首先需要获得突破性自交系, 而突破性自交系来源于突破性种质, 种质资源是玉米新品种选育的重要物质基础, 新品种的获得即是新优良种质资源利用的结果<sup>[1]</sup>。但我国优良种质资源越来越狭窄, 严重影响我国玉米育种研究和生产, 难以获得高产优质多抗的突破性玉米新品种<sup>[2-3]</sup>。研究表明, 广泛外引优良种质、开展玉米种质的创新及对引进和创新的种质进行分析和评价研究是十分必要的, 才能从根本上解决我国育种工作中种质资源不足的问题。因此, 对已有种质及外引种质的筛选、鉴定、分析和评价是利用种质的一个重要环节。研究者们主要利用常规的表型、生理和生化指标鉴定等方法对种质进行分类、评价, 具有很大的局限性, 目前, 随着分子标记技术的日益成熟, 该技术广泛应用于玉米种质资源的创新与评价中, 为创新和评价玉米种质提供了新手段<sup>[4]</sup>。

### 1 构建玉米种质的遗传图谱

玉米种质的遗传图谱既是对玉米遗传研究的重要内容, 又是进行种质资源评价、分析和利用的理论基础和依据。过去遗传图谱的构建几乎都是根据玉米自交系的形态、生理和生化等常规标记进行的, 这些遗传标记的数量在构成作图群体中极为有限, 因此, 遗传图谱的发展极为缓慢, 导致对玉米种质的分析、评价相对滞后。近年来, 随着生物技术的快速发展, DNA 重组技术的问世将分子生物学带进了大部分生物学科, 基于 DNA 重组技术的 SSR 分子标记可以迅速寻找材料 DNA 分子间多态性差异, 进而获得与此差异相连锁的标记, SSR 标记技术快速用于作物遗传图谱构建中, 该技术的应用加快了遗传连锁图谱的构建和应用。在玉米中比较容易建立和维持较大的后代分离群体, 分子图谱的构建进展就更容易。1993 年后, 许多玉米科研工作者利用 SSR 分子标记作玉米基因组连锁图并取得了显著成果<sup>[5]</sup>。向道权等<sup>[6]</sup>

以中国农大培育的农大 3138 的 F<sub>2-3</sub> 家系为材料, 构建了具有 80 对 SSR 标记的玉米遗传连锁图谱。赵茂俊等<sup>[7]</sup>以玉米自交系 R15(抗) × 478(感) F<sub>2</sub> 分离群体为作图群体, 构建包含 146 个 SSR 标记位点的遗传连锁图谱。路明等<sup>[8]</sup>以掖 478 × 丹 340 的 500 个 F<sub>2</sub> 单株为作图群体, 构建了具有 138 个位点的 SSR 标记遗传连锁图谱。这说明 SSR 标记能够建立非常密集及高分辨分子标记遗传连锁图谱。

### 2 确定种质亲缘关系及划分杂种优势群

育种家们充分认识到种质基础狭窄的严重性后, 开始大量创新和外引玉米种质, 近年来种质资源得到了丰富和充实, 却发现种质的鉴定、分析、评价成为合理有效利用种质的难题, 仅采用过去常用的形态标记、系谱分析、杂种表现以及同工酶等常规育种方法选择亲本和选配组合难度很大, 需要进行大量的测交和田间评价, 费工费力, 且易受环境因素的影响, 在很大程度上依赖于育种者的经验, 缺少预见性。近年来, 在玉米中成功开发出大量 SSR 引物, 迅速出现了用 SSR 标记进行杂种优势的研究<sup>[9]</sup>, 利用该技术快速确定亲本之间的遗传差异和亲缘关系, 然后通过相关分析、聚类分析等数量遗传分析手段, 对不同亲缘物种的分类、遗传距离、系统发育、亲缘关系等进行分析, 划分出杂交优势群, 这可以更加有效地选配杂交亲本, 提高杂交种选育的效率。国内外研究者开展了广泛研究, Bantte 等<sup>[10]</sup>利用 SSR 标记技术把 13 个印度自交系和 10 个 CIMMYT 自交系划分为 2 个杂种优势群。Senior 等<sup>[11]</sup>利用 70 对 SSR 引物对 94 份自交系的遗传多态性进行了分析, 将 94 份供试材料划分为 9 个类群。吴渝生等<sup>[12]</sup>利用 SSR 标记对代表云南不同生态地区的 16 份糯玉米和 14 份爆裂玉米地方种质进行遗传多样性分析, 将 16 份糯玉米种质划分为 3 个类群和 5 个亚群, 将 14 份爆裂玉米种质划分为 3 个类群和 4 个亚群。杜金友等<sup>[13]</sup>利用 SSR 方法将 23 份玉米种质划分为 5 组, 所得结果与系谱法分析结果基本一致。王铁固等<sup>[14]</sup>以 6 个玉米群体为材料, 利用 SSR 标记将供试材料分为四大类。聂永心等<sup>[15]</sup>利用 SSR 标记研究了 33 个玉米自交系的遗传变异, 初步进行了杂种优势群划分。肖木辑等<sup>[16]</sup>利用 SSR

**作者简介** 朱祥芬(1985-), 女, 湖北巴东人, 农艺师, 硕士, 从事作物遗传育种与栽培研究。\* 通讯作者, 高级农艺师, 从事作物遗传育种与栽培研究。

**收稿日期** 2015-04-14

标记技术将辽宁省 37 份玉米自交系划分为 6 个类群。李新海等<sup>[17]</sup>、李晓辉等<sup>[18]</sup>先后多次利用 SSR 标记研究玉米自交系的遗传变异,并进行了杂种优势群划分,结果表明,划群结果与田间产量配合力划分及系谱分析基本一致。袁力行等<sup>[19]</sup>利用 SSR 标记将 29 份供试材料划分为四平头、旅大红骨、LSC、BSSS 和 PA 5 个类群,并把系谱来源不明的种质划分到相应的杂种优势群中。刘希慧等<sup>[20]</sup>利用 SSR 分子标记技术对广泛应用的 12 个玉米骨干自交系进行遗传多样性分析,并划分了杂种优势群。王凤格等<sup>[21]</sup>将 38 个系谱来源明确且来源复杂的玉米自交系分为瑞德、兰卡斯特、旅大红骨、塘四平头、P1、P2 和热带素湾 7 个类群。肖木辑等<sup>[22]</sup>应用 SSR 对 66 份东北地区主要玉米自交系的遗传多样性进行了分析,并分成 5 个类群。刘世建等<sup>[23]</sup>利用 SSR 标记将 28 个自交系划分到现有的几大杂种优势群中,仅有少数地方玉米自交系可形成单独的大类群。番兴明等<sup>[24]</sup>利用 SSR 标记将 18 个优质蛋白玉米(QPM)自交系划分为五大群,且发现 SSR 标记划群与田间产量配合力划分结果及系谱分析结果基本一致。这证明 SSR 能较真实地反映自交系间的遗传多样性,在估测遗传多样性、划分杂种优势群等方面的应用效果好,鉴定效率高,为玉米育种程序的制定提供有力的技术支撑。

### 3 鉴定玉米孤雌生殖单倍体

孤雌生殖产生的单倍体是种质资源的前身,通过孤雌生殖单倍体加倍获得 DH 系,是快速获得优质种质资源的途径之一,但通过人工肉眼对孤雌生殖单倍体的鉴定是一个高成本、低效率的工作,随着分子标记技术的产生,该技术被应用于孤雌生殖单倍体鉴定中,汤飞宇等<sup>[25]</sup>利用 SSR 标记技术结合农艺性状调查对孤雌生殖来源的双单倍体进行鉴定,准确性较高,但费工费时,成本较高。该技术在此方面的应用还需要进一步研究。

### 4 构建 DNA 指纹库和分辨作物品种的派生来源

目前,玉米育种界常应用少数骨干种质选育新品种,这导致玉米新品种间的遗传差异越来越小,仅依据形态学进行玉米品种的鉴别难度越来越大,同时也不利于收集、整理、筛选品种资源及选育、保护新品种,也不利于玉米开发中生产、经营、管理种子。谭君等<sup>[26]</sup>对西南地区生产上使用的 73 份玉米种质材料进行 SSR 分析,构建了西南地区常用玉米自交系的 DNA 指纹库。李晓辉等<sup>[27]</sup>采用 79 对 SSR 引物分析了 86 个玉米杂交种的 72 份亲本自交系的遗传多态性,构建 86 个杂交种的 DNA 指纹图谱数据库,进而确定 10 对核心引物和判别标准用于亲子鉴定研究。郭景伦等<sup>[28]</sup>仅用 6 个 SSR 引物的指纹组合即可将 46 个自交系相互区分开。研究表明,在玉米上,分子标记尤其 SSR 是构建 DNA 指纹库和分辨品种派生来源的一个有效手段。

### 5 展望

SSR 标记技术具有明显的优越性,它可以用于构建玉米种质的遗传图谱、确定种质亲缘关系及划分杂种优势群、鉴定玉米孤雌生殖单倍体、构建 DNA 指纹库和分辨作物品种

的派生来源等方面,为分析、鉴定和评价玉米种质资源提供了简便、快捷、高效的分析方法。在玉米遗传育种中,将 SSR 标记技术同常规育种相结合,能快速拓宽和评价玉米种质资源,提高选育突破新品种机率,加快育种进程,减少育种的盲目性,该技术将具有广阔的应用前景。

### 参考文献

- [1] 潘光堂, 杨克诚. 我国西南地区玉米育种面临的挑战及相应对策探讨[J]. 作物学报, 2012, 38(7): 1141-1147.
- [2] 刘新芝, 思杨, 杨太兴, 等. 我国 60~80 年代 50 个常用玉米自交系的遗传分析及利用[M]//李竞雄. 玉米育种研究进展. 北京: 科学出版社, 1992: 71-75.
- [3] 雨盛, 孙甲, 郝楠, 等. 我国玉米种质资源创新的现状[J]. 种子, 2008, 27(10): 76-78.
- [4] 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.
- [5] 于新艳, 王凤格, 赵久然, 等. SSR 标记及其在玉米研究中的应用[J]. 安徽农业科学, 2007, 35(7): 1918-1920.
- [6] 向道权, 曹海河, 曹永国, 等. 玉米 SSR 遗传图谱的构建及产量性状基因定位[J]. 遗传学报, 2001, 28(8): 778-784.
- [7] 赵茂俊, 张志明, 张世煌, 等. 玉米 SSR 连锁图谱构建及抗纹枯病基因定位[J]. 高技术通讯, 2005, 15(5): 71-76.
- [8] 路明, 周芳, 谢传晓, 等. 玉米杂交种掖单 13 号的 SSR 连锁图谱构建与叶夹角和叶向值的 QTL 定位与分析[J]. 遗传学报, 2007, 29(9): 1131-1138.
- [9] 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.); corn-parisons with data from RFLPs and pedigree [J]. TAG Theoretical and Applied Genetics, 1997, 95(1): 163-173.
- [10] BANTTE K, PRASANNA B M. Simple sequence repeat polymorphism in Quality Protein Maize (QPM) [J]. Euphytica, 2003, 129: 337-344.
- [11] SENIOR M L, MURPHY J P, GOODMAN M M, et al. Utility Of SSRs for determining genetic similarities and relationships in maize using an agarose gel system [J]. Crop Sci, 1997, 38: 1088-1098.
- [12] 吴渝生, 郑用璠, 孙荣, 等. 基于 SSR 标记的云南糯玉米、爆裂玉米地方种质遗传多样性研究[J]. 作物学报, 2004, 30(1): 36-42.
- [13] 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.
- [14] 王铁固, 库丽霞, 陈彦惠, 等. 利用 SSR 分析玉米群体的遗传变异[J]. 华北农学报, 2005, 20(5): 13-16.
- [15] 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.
- [16] 肖木辑, 李明顺, 孙有位, 等. 辽宁省主要玉米自交系的 SSR 遗传多样性分析[J]. 玉米科学, 2006, 14(1): 33-36.
- [17] 李新海, 傅骏骅, 张世煌, 等. 利用 SSR 分子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.
- [18] 李晓辉, 李新海. SSR 标记技术在玉米杂交种种子纯度测定中的应用[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 63-68.
- [19] 袁力行, 傅骏骅, 张世煌, 等. 利用 RFLP 和 SSR 标记划分玉米自交系杂种优势群的研究[J]. 作物学报, 2001, 27(2): 149-156.
- [20] 刘希慧, 刘文欣, 张义荣. 利用 SSR 分子标记鉴定若干玉米自交系的亲缘关系[J]. 分子植物育种, 2005, 3(2): 179-187.
- [21] 王凤格, 赵久然, 余花妮. 玉米自交系遗传关系的 SSR 标记分析[J]. 中国农学通报, 2005, 21(2): 10-14.
- [22] 肖木辑, 李明顺, 李新海. 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(S1): 23-27.
- [23] 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.
- [24] 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交优势群[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 105-110.
- [25] 汤飞宇, 丁菲, 王国英, 等. 利用 SSR 标记检测来源于玉米孤雌生殖的双单倍体[J]. 江西农业大学学报, 2004, 26(6): 859-862.
- [26] 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(1): 1-6.
- [27] 李晓辉, 李新海, 高文伟, 等. 玉米杂交种 DNA 指纹图谱及其在亲子鉴定中的应用[J]. 作物学报, 2005, 31(3): 386-391.
- [28] 郭景伦, 赵久然, 孔艳芳, 等. 引物组合法在利用 DNA 指纹鉴定玉米自交系真伪中的应用研究[J]. 华北农学报, 2000, 15(2): 27-31.