

新疆甜高粱种质资源遗传多样性的 SSR 分析

冯国郡^{1,2}, 叶凯², 李桂英³, 聂元冬³, 郭建富²

(¹新疆农业大学农学院, 乌鲁木齐 830052; ²新疆农业科学院, 乌鲁木齐 830091; ³中国农科院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要: 选用 50 对 SSR 引物对新疆现有 72 份甜高粱种质资源进行遗传多样性分析。结果表明: 有 20 对引物在 72 份甜高粱种质资源中表现为多态性。共检测到 91 个等位基因, 每对引物可检测到的等位基因数目为 2~5 个, 平均为 3.45 个。多态性信息量 (PIC) 的变动范围为 0.2859~0.6652, 平均为 0.5057。72 份甜高粱种质间的遗传相似系数变化范围为 0.2001~1.000, 平均值为 0.5599。UPGMA 聚类分析将 72 份材料划分为 A、B 两大类群, A 群包括 69 份材料, 而 A 群又被分成从 I 到 XI 共 11 个亚群, B 群包括 3 份材料, 农艺性状近似的大多被聚到同一类群。

关键词: SSR; 甜高粱; 遗传多样性; 遗传距离; 聚类分析

Simple Sequence Repeats Polymorphism Analysis of Sweet Sorghum Germplasm in Xinjiang

FENG Guo-jun^{1,2}, YE Kai², LI Gui-ying³, NIE Yuan-dong³, GUO Jian-fu²

(¹Agronomy College of Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052; ²Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091;

³Institute of Crops Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: Totally 72 sweet sorghum germplasm in Xinjiang were used to analyze their genetic diversity and genetic relationship using 50 SSR primers. The result indicated that a total of 20 SSR primers performed polymorphism and 91 alleles loci were detected. The average number of alleles per SSR was 3.45 with a range from 2 to 5. The value of allelic polymorphic information content (PIC) ranged from 0.2859 to 0.6652, on an average of 0.5057 per SSR marker. The genetic similarity coefficient ranged from 0.2001 to 1.000 with a average of 0.5599. The cluster analysis grouped the 72 sweet sorghum cultivars and lines into 2 main groups. Group A included 69 accessions and group B included only 3 accessions. Group A was again sub-divided into sub-groups I through XI. The accessions of sweet sorghum with similar agronomic trait was mostly clustered one group.

Key words: SSR; Sweet sorghum; Genetic diversity; Genetic distance; Cluster analysis

甜高粱是普通粒用高粱的一个变种,因其茎秆富含可发酵糖被认为是最有潜力的可替代能源之一^[1-2]。种质资源遗传多样性是育种的基础,任何一个新品种的培育都是在原有的植物资源基础上通过杂交、诱变、选择等方法,通过修饰、加工、改良后培育出来的。随着人类对生物遗传多样性研究层次的提高和试验手段的不断改进,评价遗传多样性的方法也在不断丰富。20 世纪 80 年代以来分子生物学技术快速发展,产生了以直接检测 DNA 分子碱基序列变异为基础的分子标记,突破了以往单纯的形

态标记和生化标记的种种限制,为作物遗传多样性研究提供了有利工具。大量研究表明,分子标记是检测种质资源遗传多样性的有效工具^[3-6]。SSR 标记因具有多态性高、共显性遗传、对 DNA 质量要求不高、稳定性好、实验操作简单方便等特点,成为研究者们首选的 DNA 标记技术之一。新疆已对拥有的甜高粱种质资源从株高、生物产量、锤度等农艺性状进行了形态学的初步鉴定,但从分子水平研究其遗传多样性尚属空白。SSR 标记已被用于小麦^[7-10]、大麦^[11]、玉米^[12-13]、水稻^[14-15]、棉花^[16]、甘

收稿日期: 2012-01-11 修回日期: 2012-03-30

基金项目: 新疆自然科学基金项目 (2010211A60); 现代高粱产业技术体系建设项目 (nycytx-12)

作者简介: 冯国郡, 博士研究生, 研究员。主要从事作物遗传育种研究。E-mail: fengguojxj126.com

薯^[17]、大豆^[18]、花生^[19]、谷子^[20]、黍子^[21]等多种作物的遗传多样性研究。为了有效地利用高粱种质资源,促进育种工作,国内外学者应用 SSR 分子标记方法对拥有的种质资源进行研究,如 Dean 等^[22]利用 SSR 标记分析了 20 份美国棕色高粱及其品系内的遗传多样性并根据分析结果建议可以降低所保存种质的种植群体,而不会显著降低其遗传变异。Ali 等^[1]用 SSR 分子标记技术对 68 份甜高粱材料遗传多样性进行了研究,得到的聚类结果与已知的应用形态学和农艺性状分类的家谱及其遗传背景信息相吻合。赵香娜等^[23]对 206 份国内外甜高粱种质资源的 16 个形态性状和农艺性状进行遗传多样性及相关性研究,并应用 SSR 标记技术从分子水平进行深入分析,比较了两种分类的异同和优缺点。闫锋^[24]首次利用 20 个形态性状和 11 对 SSR 引物对

64 份甜高粱种质进行亲缘关系分析及资源评价。本试验应用 SSR 分子标记技术对新疆现有 72 份甜高粱种质资源的亲缘关系进行系统研究。拟从分子水平明确新疆甜高粱种质资源的遗传多样性特点、亲缘关系和遗传背景等,以避免品种选育中亲本选配的盲目性,为杂交育种的亲本选配提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料共 72 份,其中新疆农业科学院保存 18 份,中国农科院提供 33 份,中科院植物所提供 7 份,辽宁农科院提供 8 份,黑龙江省农科院提供 3 份,山西农科院提供 1 份,山东农科院 1 份,辽宁锦州农科院提供 1 份(表 1)。

表 1 参试 72 份甜高粱种质资源

Table 1 The sweet sorghum accessions used in this study

编号	材料名称	来源	编号	材料名称	来源	编号	材料名称	来源
No.	Name	Origin	No.	Name	Origin	No.	Name	Origin
1	LTG-5	黑龙江	25	SP341	新疆	50	KTG-2	中科院植生所
2	TLF-1	吐鲁番	26	SP36	新疆	51	LT07	辽宁
3	L0206	辽宁	27	JT08-1	山西	52	LT05	辽宁
4	sy090162	中国农科院	28	SP51	新疆	53	LT02	辽宁
5	JIN02	锦州	29	SP52	新疆	54	LT01	辽宁
6	SP41	新疆	30	甜 126	中国农科院	55	LTG-2	黑龙江
7	甜选 77	中国农科院	31	甜选 9	中国农科院	56	合甜	黑龙江
8	新高粱 2 号	新疆	32	sy090627	中国农科院	57	MN-4566	中国农科院
9	新高粱 3 号	新疆	33	MN-3329	中国农科院	58	JT01	山东
10	新高粱 9 号	新疆	34	甜选 13	中国农科院	59	L313	辽宁
11	MN-4540	中国农科院	35	LS01	辽宁	60	SP342	新疆
12	BABUSH	中国农科院	36	sp225	新疆	61	42	中科院植生所
13	UT84	中国农科院	37	sp235	新疆	62	07T-160-1	中科院植生所
14	MN-94	中国农科院	38	sp310	新疆	63	10	中科院植生所
15	MN-3808	中国农科院	39	ALBAUGH	中国农科院	64	堪萨斯所科学	中科院植生所
16	糖高粱	中国农科院	40	BATHURST	中国农科院	65	北甜蔗	中科院植生所
17	甜选 26	中国农科院	41	MN-55	中国农科院	66	AF-197	中科院植生所
18	MN-2647	中国农科院	42	5431/S	中国农科院	67	LEOTI-3	中国农科院
19	JUAR-3	中国农科院	43	BAHANA2	中国农科院	68	MN-4128	中国农科院
20	新高粱 4 号	新疆	44	MN-4322	中国农科院	69	ROMA	中国农科院
21	SP11	新疆	45	MN-2609	中国农科院	70	MN-4539	中国农科院
22	AMES	中国农科院	46	MN-3466	中国农科院	71	辽宁 8142	中国农科院
23	SP234	新疆	47	甜选 86	中国农科院	72	SP65	新疆
24	SP33	新疆	48	甜选 56	中国农科院			
			49	L309	辽宁			

1.2 试验方法

1.2.1 甜高粱总 DNA 的提取 每个株系选取 30 粒种子放入培养皿中在人工气候箱内育苗,待黄化苗长到 10cm 左右(时间约 7d),混合剪取幼苗放入研钵中加液氮研磨,采用 CTAB 法提取甜高粱基因组 DNA,然后用 2% 的琼脂糖胶电泳检测 DNA 浓度和纯度。

1.2.2 SSR 扩增和电泳 50 对 SSR 引物由上海生工(Sangon)北京公司合成。PCR 反应体系为总体积 20 μ l 体系: 10 \times buffer: 2 μ l, Template: 1 μ l, dNTP: (10 μ l) 0.5 μ l, Primer-F: 1 μ l, Primer-R: 1 μ l, Taq 酶: (2.5U/ μ l) 0.4 μ l, ddH₂O: 14.1 μ l。PCR 反应程序为: 94 $^{\circ}$ C 5min; 94 $^{\circ}$ C 变性 30s, 55 $^{\circ}$ C 退火 1min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 55s, 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 5min。扩增产物在 6% 的聚丙烯酰胺变性胶上恒压电泳,银染拍照,记录。

1.2.3 数据统计与分析 从 SSR 扩增产物中筛选多态性好的引物进行统计分析。在相同迁移位置电泳条带有记为 1,无带记为 0,缺失或不清楚记为 9,建立数据库。按 Nei 等^[25]方法计算品种间的相似系数(G)或遗传距离(D): $G_s = 2M_{xy} / (M_x + M_y)$, $D = 1 - 2M_{xy} / (M_x + M_y)$, 其中 M_x 和 M_y 分别为两材料的总 DNA 片段数, M_{xy} 为两材料的公共片段数。根据所得的遗传距离,用 UPGMA 法(Unweighed Pair Group Method with Arithmetic mean, 算术平均非加权配组法)进行遗传相似性聚类,统计分析在 NTSYS-ver. 1.8 构建并绘制树状图。统计各个材料的扩增条带数,数据通过 PopGene ver. 1.31 软件进行处理,计算各品种间的遗传多样性参数: (1) Shannon 遗传多样性指数: $H_i = -\sum p_j \ln p_j$, p_j 是位点 i 第 j 个等位变异出现的频率,可以反映群体中等位变异的丰富程度和均匀程度。(2) 多态信息量(PIC): 根据 Smith 等报道的方法^[26]计算 PIC(Polymorphic Information Content)值, $PIC = 1 - \sum f_i^2$, f_i 表示第 i 个等位基因(Allele)的频率。PIC 值反映了某一对 SSR 引物对品种的区分能力, PIC 用于测定每个位点的多态性分辨能力,它不仅考虑到位点上存在的等位基因数,还考虑到这些等位基因的相对频率。(3) 总等位基因数(N_a); (4) 有效等位基因数(N_e): 纯合度的倒数,表明等位基因间的相互影响,等位基因在群体中分布越均匀,有效等位基因数越接近检测的等位基因绝对数; (5) Nei's (1973) expected heterozygosity, 度量群体遗传变异。

2 结果与分析

2.1 引物的筛选及扩增产物的多态性分析

随机选用 50 对来源于不同染色体 SSR 标记对

供试材料进行扩增,其中多态性较好的引物 20 对,占所用引物的 40%。这些引物对所有供试材料的扩增产物重复性好,特异性高,条带清晰且多态性丰富。对这 20 对引物扩增结果进行统计,在 72 份甜高粱种质中共检测 91 个等位基因,每对 SSR 位点可检测到的等位基因数目为 2~5 个不等,平均为 3.45 个等位基因。PIC 值的变动范围为 0.2859~0.6652,平均为 0.5057(表 2)。图 1 为引物 txp17 扩增片段。

表 2 可见,在这 20 个 SSR 位点中,等位基因的数量变化较大;观察杂合度变幅为 0.2876~0.6516,平均 0.4229;期望杂合度的变动范围为 0.3484~0.7124,平均为 0.5771; Nei's (1973) 期望杂合度的变动范围为 0.3457~0.7070,平均值为 0.5725; Shannon 多样性指数变幅为 0.5297~1.4004,平均为 0.9953; 有效等位基因数(U)的变动范围是 1.5283~3.4125,平均有效等位基因数为 2.4887。以上结果在一定程度上表明扩增等位基因的多少与 PIC 值有定的相关性,这与陈英等^[27]的研究结论一致。

2.2 种质间的遗传相似系数

根据 20 对引物得到的 SSR 标记计算各个种质间的遗传相似系数。遗传相似系数越大,亲缘关系越近;遗传相似系数越小,亲缘关系则越远。72 份甜高粱种质的遗传相似系数变化范围为 0.2001~1.000,平均值为 0.5599。JUAR-3 和 BAHANA2, JIN02 和 MN-55 之间的遗传相似系数最大,为 1,这说明这两对材料具有相同的血缘关系和遗传背景, TLF-1 和 sp235 的遗传相似系数最小,为 0.2001,说明这对种质的亲缘关系最远。

2.3 72 份甜高粱种质的 UPGMA 聚类分析

根据 20 对 SSR 引物所检测出的 91 个等位基因,对 72 份供试甜高粱种质资源进行 UPGMA 聚类分析,在遗传距离为 63.593 处可以将所有材料分为 A、B 两大组, A 组包括 69 份材料 11 个亚群, B 组包括 3 份材料(图 2)。各类群的主要农艺性状特点及优良品系的主要特性分述如下:

A 组:

第 I 亚群: 包括 JT01、SP234、SP65、L313、甜选 13、sp235、sy090627、sp310、SP51、SP33、SP52、SP341 共 12 个品系,都为晚熟种,生育期在 128~134d,株高在 2.50~3.21m 之间,穗度表现中等在 14.38 $^{\circ}$ ~18.05 $^{\circ}$ 之间,其中 sp310 穗度最高为 18.05 $^{\circ}$,株高适中,生育期 130d,榨汁率较高为 43.1%,可作为晚熟优异种质加以利用。

表 2 SSR 标记的遗传多样性分析

Table 2 Characteristics of the 20 SSR loci analyzed

编号	SSR 位点	片段大小 (bp)	观察到的 等位基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	Shannon 指数 I	观察的 杂合度 $ExpHom$	期望的 杂合度 $ExpHet$	$Nei's$	多态 信息量 PIC
No.	SSR locus	Expected length						$Nei's$	
1	sb4-121	138	3	2.5012	1.0053	0.3954	0.6046	0.6002	0.5331
2	sbAGB03	80	4	2.8674	1.1696	0.3405	0.6595	0.6512	0.5896
3	svPEPCAA	130	3	1.8832	0.7684	0.5274	0.4726	0.469	0.3942
4	txp3	132	5	3.4125	1.4004	0.2876	0.7124	0.707	0.6652
5	txp17	140	3	2.729	1.0439	0.3619	0.6381	0.6336	0.5559
6	txp358	116	4	3.0211	1.1336	0.3252	0.6748	0.669	0.5973
7	txp13	136	3	2.0478	0.7569	0.4845	0.5155	0.5117	0.3950
8	txp18	136	4	2.6146	1.1449	0.3779	0.6221	0.6175	0.5671
9	txp19	128	4	2.5624	1.1332	0.3855	0.6145	0.6097	0.5605
10	txp26	124	3	2.6437	1.0225	0.3732	0.6268	0.6217	0.5418
11	txp28	142	3	2.6139	1.0291	0.3782	0.6218	0.6174	0.5480
12	txp29	82	2	1.6768	0.5934	0.5914	0.4086	0.4036	0.3222
13	txp30	122	4	3.2799	1.2597	0.2991	0.7009	0.6951	0.6379
14	txp31	142	3	2.9223	1.0856	0.3375	0.6625	0.6578	0.5841
15	txp32	140	5	3.1746	1.2945	0.3101	0.6899	0.685	0.6300
16	txp34	132	3	2.9959	1.0979	0.3287	0.6713	0.6662	0.5921
17	txp36	138	4	1.9682	0.9313	0.5045	0.4955	0.4919	0.3828
18	txp38	126	2	1.5283	0.5297	0.6516	0.3484	0.3457	0.2859
19	txp61	142	3	1.5978	0.6880	0.6232	0.3768	0.3741	0.3429
20	txp40	138	4	1.7332	0.8176	0.5739	0.4261	0.423	0.3892
平均 Mean		128	3.45	2.4887	0.9953	0.4229	0.5771	0.5725	0.5057

N_a : Observed number of alleles; N_e : Effective number of alleles [Kimura and Crow (1964)]; I : Shannon's information index [Lewontin (1972)]; Expected homozygosity and heterozygosity were computed using Levene (1949); $Nei's$ (1973) : expected heterozygosity

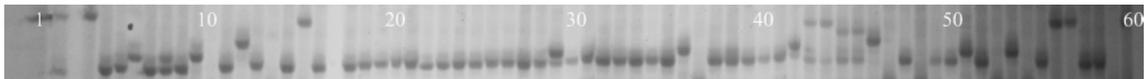


图 1 引物 txp17 对 72 份甜高粱的扩增结果

Fig. 1 Amplified results of primer txp17 for 72 germplasms

第 II 亚群: 包括新高粱 3 号、SP41、LEOTI-3、北甜蔗、新高粱 9 号、BABUSH、ROMA、LT01 共 8 个品系, 其中新高粱 3 号、LEOTI-3、北甜蔗为中熟种, 其余为晚熟种。BABUSH、ROMA 的锤度大于 19.51° , 可作为高糖晚熟种质加以利用。

第 III 亚群: 包括 MN-2609、MN-2647、甜选 86、甜选 26、BATHURST、甜选 77、甜选 56、MN-3329 共 8 个品系, 都为晚熟品系, 株高在 2.60 ~ 3.50m, 其中 MN-2609、BATHURST、甜选 56 3 个品系的锤度较高分别为 21.89° 、 21.99° 、 27.34° , 可作为高糖高秆品系加以利用, 其余锤度小于 16.49° , 可根据不同需要加以利用。

第 IV 亚群: 包括 MN-3808、辽宁 8142、sy090162 3 个品系, 为中早熟、中矮秆品系, 生育期 110d, 株高

1.80 ~ 2.03m, 含糖 19.21° ~ 22.06° , 可作为中早熟高糖品系加以利用。

第 V 亚群: 包括 MN-94、堪萨斯所科学、JT08-1、新高粱 4 号、LT05、LT07 6 个品系, 除 MN-94 为中熟矮秆品系, 其生育期 124d, 株高只有 1.27m, 锤度 20.78° , 其余皆为晚熟品系, 生育期 130d 左右, 其中堪萨斯所科学、JT08-1 的锤度大于 20.8° , 株高 2.40 ~ 2.50m, 可作为高糖中秆晚熟品系加以利用。

第 VI 亚群: 包括 MN-4539、L0206、AMES、KTG-2、LS01 共 5 个品系, 其中 AMES 株高 2.11m, 生育期 112d, 含糖锤度为 20.36° , 可作为早熟高糖品系加以利用, 其余为晚熟高秆品系, 含糖锤度 11.48° ~ 14.09° , 株高大于 2.82m, 可作为能饲兼用品系加以利用。

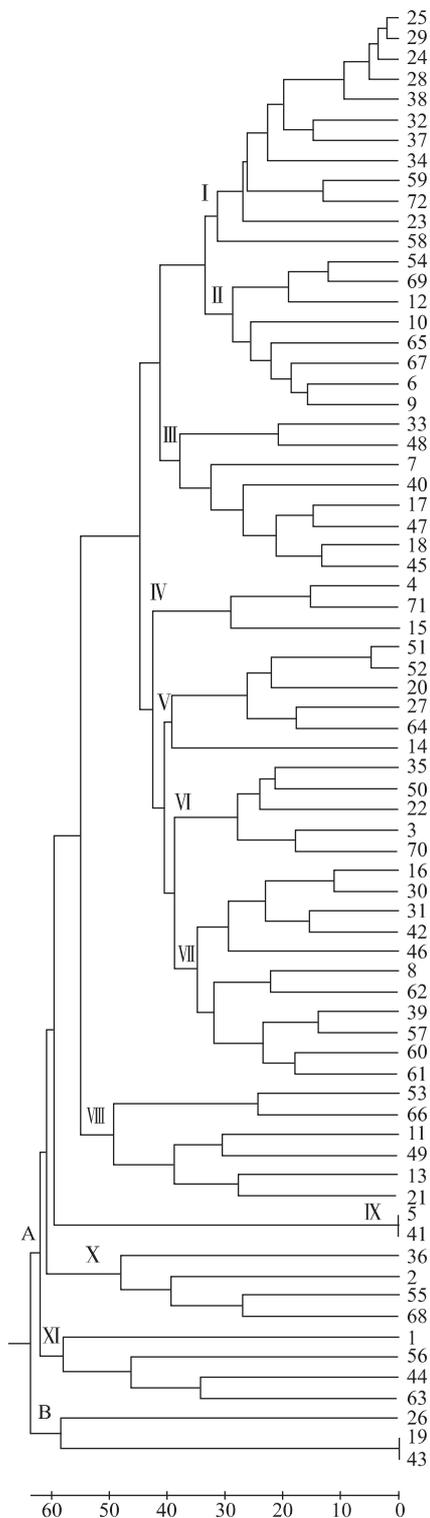


图 2 72 份甜高粱种质资源的 UPGMA 聚类图

Fig. 2 Dendrogram of similarity among the 72 Sweet sorghum germplasms

第 VII 亚群: 包括 42、SP342、MN-4566、ALBAUGH、07T-160-1、新高粱 2 号、MN-3466、5431/S、甜选 9、甜 126、糖高粱, 共计 11 个品系, 其中 42、MN-3466、SP342 3 个品系为晚熟高大型, 株高大于 3.15m, 生育期大于

130d, 品系 42 的锤度、单株重、榨汁率都表现较好, 可作为晚熟高秆高糖种质加以利用; 其余 8 个品系为早中熟中矮秆品系, 其中甜 126、甜选 9、新高粱 2 号, 锤度大于 20.8°, 甜 126 的锤度达到 26.78°, 可作为高糖中矮秆早熟品系加以利用。

第 VIII 亚群: 包括 SP11、UT84、L309、MN-4540、AF-197、LT02 共 6 个品系, UT84 和 MN-4540 为中晚熟种, 生育期在 121~125d, 株高较矮均为 1.38m, UT84 锤度较高为 18.32°, 可作为矮秆高糖种质加以利用。其余 4 个为晚熟种, 生育期大于 130d, 株高在 2.33~3.65m 之间, 除 LT02 锤度较低为 13.7° 外, 其余 3 个锤度在 17.2° 以上, 可作为能源饲料兼用种质加以利用。

第 IX 亚群: 包括 JIN02、MN-55 两个品系, 遗传距离为 0, 遗传背景相同, 但是农艺性状的表现相差较大, JIN02 为晚熟种, 生育期 131d, 植株高为 3.30m, 而 MN-55 为中晚熟种, 生育期 124d, 植株矮小, 株高为 1.57m, 两品系的锤度分别是 13.8° 和 14.2°, 较接近。

第 X 亚群: 包括 MN-4128、LTG-2、TLF-1、sp225 4 个品系, MN-4128 为特早熟品系, 生育期 89d, LTG-2 中熟品系, 生育期 112d, 锤度 21.09°, 株高 2.53m, 农艺性状较好。TLF-1、sp225 为晚熟种, 各种农艺性状都表现一般。

第 XI 亚群: 包括 10、MN-4322、合甜、LTG-5 4 个品系, 其中 10 和 LTG-5 为晚熟品种, 品系 10 的锤度极高为 24.08°, 榨汁率 43.9%, 株高适中, 综合农艺性状表现较好。合甜为中熟品种, 生育期 111d, 株高 1.91m, 锤度 19.67°, 榨汁率 42%; MN-4322 为特早熟品种, 生育期 96d, 其他性状表现一般。

B 组: 共有 3 份材料, 包括 JUAR-3、BAHANA2、SP36, 其中 JUAR-3 和 BAHANA2 遗传距离为 0, 表明这两个材料具有相同的遗传基础和遗传背景, 但是农艺性状上却表现不同, JUAR-3 为晚熟品种, 生育期 131d, 株高 3.13m, BAHANA2 为早熟品种, 生育期 97d, 株高 1.82m, 但它们的锤度表现非常相似, 分别为 16.26°、16.76°。SP36 生育期 132d, 株高 3.10m, 锤度 16.45°, 与 JUAR-3 表现相当一致。

3 讨论

3.1 SSR 分子标记等位基因信息

本研究通过 72 份甜高粱种质检测, 每个 SSR 位点可检测到的等位基因数目为 2~5 个不等, 平均每对 SSR 引物检测到 3.45 个等位基因, 这与 Ali

等^[1]检测 68 份甜高粱种质和 Schloss 等^[28]检测 20 个高粱自交系的结果是非常相近的,其结果是平均每对 SSR 引物检测到 3.22 和 3.4 个等位基因,但是明显低于闫锋^[24]、赵香娜^[23]、Smith 等^[29]的平均每个位点分别扩增为 10.2、8.19、5.9 个等位基因的结果。本研究观察到的平均多态性信息量(*PIC*)值为 0.5057,高于 Ali 等^[1]和 Schloss 等^[28]的 0.40 和 0.46,而低于闫锋^[24]、赵香娜^[23]、Agrama 等^[30]分别为 0.708、0.76、0.62 的结果。本试验中引物 sbAGB03、txp3、txp17、txp358、txp18、txp19、txp30、txp32 位点的 *PIC* 值表现较高分别为 0.5896、0.6652、0.5559、0.5973、0.5671、0.5605、0.6379、0.6300,但是没有表现特别高的。比较引物等位点数及多态信息含量指数其大小不太一致,但是总趋势表现为:引物检测到的等位变异数越多,其 *PIC* 值就越大,这与赵香娜等^[23]的研究结果一致。等位基因的多样化到底与哪些因素有关? Ali 等^[1]认为一是可能与 SSR 标记数量有关,另外可能与研究的种质本身的遗传基础有关。本研究从分布于高粱 10 个染色体组的 50 对 SSR 引物中筛选出多态性丰富、带型较好的 20 对引物对所有供试样品种质进行扩增,出现等位变异数不是很多的原因,也可能是使用的引物数量不够多的缘故。以后的研究中要注意适当增加供筛选的引物对,以增大对总基因组的覆盖面,将使基因水平多样性的评价更有效。

3.2 聚类结果的利用

在用 SSR 标记对 72 份种质资源聚类时得到种质间遗传相似系数平均值为 0.5599,变化范围为 0.2001~1.000,显示现有大部分种质资源间亲缘关系较近而少部分种质资源亲缘关系较远。因此,可以根据聚类结果对现有资源加以充分、合理利用。如 TLF-1 和 sp235 的遗传相似系数最小,为 0.2001,说明这对种质的亲缘关系最远,在育种实践中可以将这两个材料杂交,从而产生新的种质,拓宽种质基础,增强了杂种优势的利用。B 组的 SP36 与 A 组 sp310 虽然都为新疆晚熟材料,但它们的遗传相似系数相差很大,可以将两者杂交组配产生优良亲本材料;LTG-2 与甜 126 都是锤度高、农艺性状优良的中熟材料,育种中也可以将此两个材料杂交进行利用。聚为同一群的 SP11、L309、AF-197、LT02 与另一类群的 MN-4539、L0206、KTG-2、LS01,都表现高大晚熟、含糖量居中,可以将它们之间相互杂交,以产生新的亲本材料,进而筛选出优良的能饲兼用品种。

另外,还有 JUAR-3 和 BAHANA2, JIN02 和 MN-

55 之间的遗传相似系数最大,为 1,说明这两对材料具有相同的血缘关系和遗传背景,出现这种情况也许是由于科研单位在引种时更换名称使然。因此,在今后种质交换中要保持开放的心态,以增强种质利用的效率和效果。

参考文献

- [1] Ali M L, Rajewski J F, Baenziger P S, et al. Assessment of genetic diversity and relationship among a collection of US sweet sorghum germplasm by SSR markers[J]. *Mol Breed* 2008, 21: 497-509
- [2] 李桂英. 发展生物质产业的思考[J]. *中国科技成果*, 2008 (5): 22-23
- [3] 贾继增, 张正斌, Devos K, 等. 小麦 21 条染色体 RFLP 作图位点遗传[J]. *中国科学: C 辑* 2001, 31(1): 13-20
- [4] Joshi C P, Nguyen H T. RAPD(random amplified polymorphism DNA) analysis based intervarietal genetic relationships among hexaploid wheats[J]. *Plant Sci*, 1993, 93: 95-103
- [5] Kim H S, Ward R W. Patterns of RFLP-based genetic diversity in germplasm pools of common wheat with different geographical or breeding program origins [J]. *Euphytica* 2000, 115: 197-208
- [6] Ahmad M. Assessment of genomic diversity among wheat genotypes as determined by simple sequence repeats [J]. *Genome*, 2002, 45: 646-651
- [7] Kuleung C, Baenziger P S, Kachman S D, et al. Evaluating the genetic diversity of triticale with wheat and rye SSR markers [J]. *Crop Sci* 2006, 46: 1692-1700
- [8] Roder M S, Korzun V, Wendehake K, et al. A microsatellite map of wheat [J]. *Genetics*, 1998, 149: 2007-2023
- [9] Mahmood A, Baenziger P S, Budak H, et al. The use of microsatellite markers for the detection of genetic similarity among winter bread wheat lines for chromosome 3A [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 1494-1503
- [10] 杨德光, 翁跃进, 董玉琛, 等. 部分耐盐小麦品种(系) SSR 位点遗传多样性研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2005, 6(1): 9-14
- [11] Backer J, Heun M. Barley microsatellite allele variation and mapping [J]. *Plant Mol Biol*, 1995, 27: 835-845
- [12] 乔治军, 刘龙龙, 南晓洁, 等. 180 份玉米自交系亲缘关系的分子评价[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(2): 211-215, 222
- [13] 杨文鹏, 关琦, 杨留启, 等. 贵州 70 份玉米自交系的 SSR 标记遗传多样性及其杂种优势群分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(2): 241-248
- [14] Ni J J, Peter M, Colowit (initials), et al. Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellites markers [J]. *Crop Sci* 2002, 42: 601-607
- [15] 赵庆勇, 张亚东, 朱镇, 等. 30 个粳稻品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(2): 218-223
- [16] 陈光, 杜雄明, 卢东柏, 等. 利用 SSR 分子标记进行海岛棉遗传多样性研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2005, 6(2): 135-139
- [17] 赵冬兰, 郑立涛, 唐君, 等. 甘薯种质资源遗传稳定性及遗传多样性 SSR 分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(3): 389-395
- [18] 张海燕, 关荣霞, 李英慧, 等. 大豆耐盐性种质资源 SSR 遗传多样性及标记辅助鉴定[J]. *植物遗传资源学报*, 2005, 6(3): 251-255
- [19] 陈静, 胡晓辉, 苗华荣, 等. SSR 标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性[J]. *植物遗传资源学报*, 2009, 10(3): 360-366
- [20] 朱学海, 张艳红, 宋燕春, 等. 基于 SSR 标记的谷子遗传多样性研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(6): 698-702
- [21] Budak H, Pedraza F, Cregan P B, et al. Development and utilization of SSRs to estimate the degree of genetic relationships in a collection of pearl millet germplasm [J]. *Crop Sci* 2003, 43: 2284-2290

(下转第 561 页)

