

分子标记技术在植物遗传育种中的应用

谢 军

(吉林省农科院玉米研究所, 公主岭 136100)

提 要 以 DNA 核苷酸多态性为基础的分子标记技术, 在 DNA 分子水平, 实验室条件下, 揭示性状的遗传差异, 为遗传研究提供了有力手段。本文对 RFLP 和 RAPD 等分子标记技术原理及其在植物遗传育种中的应用作一综述。

关键词 分子标记; 植物; 遗传育种

多年来, 植物遗传学原理广泛应用于作物品种改良, 并取得显著进展, 尤其是玉米、小麦、水稻等人类主要食物来源的作物种类更成为遗传改良的重点。至今, 在育种和一些遗传规律研究上的进步, 实际上都是依靠对基因型的表现型进行选择和分析, 而选择效果往往依赖性状的遗传力强度, 诸如环境、复合基因控制的数量遗传特性、部分及完全显性经常混淆一个性状的遗传表达(Tanksley et al., 1989), 影响选择效果; 在种质资源评价和对育种材料遗传关系分析上, 有时也需庞大的试验设计, 结论易受环境等试验因素的干扰, 并需费时 1a 或更长时间。近年, 以揭示 DNA 多态结构为特点的分子标记技术, 在 DNA 分子水平显示性状的遗传差异, 使得许多以表现型为基础的遗传分析, 都能通过利用一个 DNA 特征分析的方法直接测定基因型, 在实验室里得到分析结果, 结论可靠, 效率高。因此, DNA 标记技术正被广泛应用到遗传研究中。本文试图介绍分子标记技术原理及在遗传育种研究中的应用。

1 分子标记技术及其原理

1.1 限制性片断长度多态性(RFLP)标记技术

这是较早发展起来的分子标记技术。该技术中, 限制性内切酶在一个特定的核苷酸顺序上识别并把 DNA 分成几个小段, 这使得在分子水平上探查变异成为可能。假如一个突变种仅改变这个顺序中的一个单核苷酸, 它能导致一个限定点的丧失, 并且改变由内切酶分解而产生的 DNA 片断的长度, 这就是限制片断长度的多态现象。限制性片段可以被电泳分开, 并由于与一个被放射性同位素示踪了的探针的“杂交”而被形象化。探针可以是一个特性化的 cDNA、基因组 DNA 或一个合成的寡核苷酸片断, 以便于根据某一具体模板染色体组的遗传信息测定遗传关系。RFLP 标记可靠, 遗传稳定, 符合简单孟德尔遗传方式, RFLP 标记通常是共显性的。

RFLP 是测定遗传关系所使用的 DNA 主要标记方法之一, 由于这些标记是建立在基因型间内切酶位点的变异上, 因此, 来自不同基因型的同样大小的限制性片断作为遗传类似物

被表达,反之,不同大小的限制片断作为遗传差异被表达。

但是由于 RFLP 技术较为复杂,操作中需要瞬间使用放射性同位素,因此,难于作大规模遗传多样性分析,并且随着其他技术的出现,该技术略显陈旧(Waugh et al., 1992; Haley et al., 1994)。

1.2 聚合酶连锁反应(PCR)

聚合酶连锁反应最先由 Saiki 和他的合作者所报道(Saiki et al., 1985)。PCR 技术通过扩增并分开特定 DNA 片断,为显示 DNA 多态现象提供了新方法。这个方法中发生着聚合酶所产生的特定 DNA 片断的复制品的数百万次的联合,它是一个包含 3 个基本阶段的周期过程:模板 DNA 的变性、寡核苷酸引物与模板 DNA 结合、引物被一个 DNA 聚合酶延长(Yu and Pauls, 1992)。如此反复 DNA 片断被指数地扩增多个周期,然后利用凝胶电泳分开并被一种溴化物(EthBr)或银化物染色,而使其形象化(Mullis and Faloona, 1987)。PCR 技术的发展为探查 DNA 多态性提供了新的方法。它研究已知基因的基本顺序,基因被扩增和排序,揭示结构。

PCR 技术在群体研究、分类学和系统发育研究方面非常适用,而在鉴定同物种的遗传变异方面更显优势(He et al., 1992)。

在 PCR 技术的基础上,发展起来一批以选择性 DNA 扩增为基础的新的遗传分析方法。这些方法的一个显著特点是操作上可自动化,简单易行,在利用较少的基因位点测定大量的个体基因型的试验中更显优势。然而由于需在操作前了解有关 DNA 核苷酸顺序这一先决条件,限制了这些方法的应用(Tingey et al., 1992)。但 RAPD 技术克服了这一缺点。

1.3 随机扩增多态性 DNA(RAPD)标记技术

这是一个 90 年代初在两个不同实验室独立发展起来的遗传分析方法(Williams et al., 1990; Weish et al., 1991)。为随机扩增多态性 DNA(RAPD),在一个以 DNA 放大为原理(PCR)的分析中,仅使用一个任意的短单核苷酸顺序引物来测定 DNA 中核苷酸顺序。在这个反应中,引物结合到染色体 DNA 模板的双螺旋的不同位点上,假如这些结合点是在一个可扩增的片断上,通过热周期扩增就产生了一个 DNA 产物,这些产物可以看作是染色体 DNA 和寡核苷酸引物间的完全或部分核苷酸顺序的同源物。每个引物将引起染色体上许多基因位点的扩增,使得该分析在筛选核苷酸顺序多态性方面成为一个有效方法。RAPD 标记是共显性的,符合孟德尔简单遗传方式。

RAPD 技术主要有下述优点:①无需知道有关模板 DNA 结构的信息;②与其他方法相比分析过程相对快速,简单易行;③使用荧光代替放射性元素,无放射性污染(Williams et al., 1992);④由于该技术是一个以 DNA 扩增为原理的方法,所以仅需要非常微量(十亿分之一克)的 DNA 样本;⑤可实现自动化操作(Tingey et al., 1992);⑥一套共用引物可用于多种生物测定;⑦结果明确(谱带或者有或者无)。

由于上述优点及分析过程中不需要复杂的设备或全面的技术培训, RAPD 技术已经广泛应用于植物遗传育种的各研究领域。

除上述方法外,还有等位基因系聚合酶连锁反应(ASPCR)、扩增片断长度多态性(AFLP)、变性/温度梯度电泳现象(DGGE/TGGE)、串联重复易变量(VNTR)、同工酶标记等。ASPCR 和 AFLP 也是补充的 PCR 方法,ASPCR 是在 PCR 方法中用一对等位基因特异性的寡核苷酸引物进行该等位基因差异的个体 DNA 的扩增。它具有快速、准确、敏感的特点,但受限於等位基因试剂的发展程度。这项技术主要用于鉴定基因型。DGGE/TGGE 方法是把观察点放在单一碱基的取代上,因此,它在研究突变种上较为有效,主要应用在群体研究中。

2 分子标记技术的应用

下面仅以 RFLP 和 RAPD 技术为例介绍分子标记技术在植物遗传育种中的应用。

2.1 基因连锁图

连锁图是将基因或标记绘制到具体的连锁组,并提供有关这些基因或标记的位点说明。遗传连锁图在作物育种基础遗传研究中有重要的应用价值,首先,它提供了有关性状遗传控制的信息,尤其是对那些复合变异类型;其次,连锁图说明了性状变异间的连锁关系;第三,对于控制农艺性状的基因,连锁图可以作为路标指示对有关基因的转化(Bassett, 1988; Gepts et al., 1993)。

一些作物如玉米、水稻、马铃薯等的 RFLP 基因连锁图已经产生(Helentjaris, 1987; Bonierbale et al., 1988; McCough et al., 1988)。

RAPD 技术出现以后,一些学者也绘制了 RAPD 标记的连锁图,并由于 RAPD 分析的高效率,取得的研究进展也非常显著。如 Reiter et al. (1992)仅用了 4 个人/月的工作量就定位了 *A. thaliana* 的重组自交系群体的 250 多个新遗传标记,快速获得了涵盖当地和世界其他地区的 *A. thaliana* 基因连锁图;而针叶松类由于染色体的巨大,加之其 F_2 群体分离较为混乱而使其遗传关系分析进展缓慢(Carlsson et al., 1991),由于依靠了 RAPD 分析前所未有的分析速度,Chaparro et al. (1992)仅用了 6 个人/月的工作量创建了一个有 191 个标记的 RAPD 火炬松连锁图,由于 RAPD 的优势使得他们各自的研究中取得了独一无二的学科优势。

2.2 基因示踪与标记选择

标记选择就是以分子分析中某些特定标记的有无作为个体(基因)选择的依据。标记选择首先需确定与目标基因有联系的分子标记,也就是示踪基因,基因示踪也是以 DNA 分子标记的多态性为基础。

Delourme et al. (1994)在确定油菜 O 型胞质雄性不育恢复基因(Rfo)的 RAPD 标记分析中,使用 138 个随意寡核苷酸作引物,发现其中 4 个引物产生的多态现象与恢复基因是完全连锁的,找到了 Rfo 基因的分子标记。Haley et al. (1994)在确定菜豆(Common bean)锈病抗病位点的 RAPD 标记研究中,利用抗病和感病的近缘系标记特点,继而找到了一个与抗锈病基因(Ur-3)紧密连锁的 RAPD 标记。

一些研究也发现某些分子标记不是在所有状况下都适用,例如 Miklas et al. (1993)发现与菜豆锈病抗性基因(Ur-3)紧密连锁的显性 RAPD 标记 OA¹⁴₁₁₀₀,仅在中美洲基因库材料中起作用。

2.3 遗传关系分析

常规方法研究遗传关系是通过对比试材的形态性状观察分析或追溯种质的起源来进行,利用形态学性状测定遗传变异,由于性状易受环境影响而使结论有一定误差,而在分子水平上的基因型差异的比较,则可提供一个相对准确的结果。

利用分子标记研究遗传变异的报道较多。在种质评价方面,CIMMYT 的科学家利用 RFLPs 已经发现了热带玉米不同遗传组群的分子特征(Melchinger, 1993)。Novy et al. (1994)利用 RAPD 技术鉴定 22 个大酸果蔓品种,22 个引物扩增了 162 个 DNA 片断,其中有 66 个是多态的。在这 66 个多态型中,有 17 个是独特的,而不是期望的 22 个,并且只有 14 个独特的多态型分别代表一个品种,另外 8 个品种被另 3 个 RAPD 多态型所表述,作者认为 RAPD 多态性在大酸果蔓品种鉴定和遗传变异评价方面是有效果的。

在遗传变异数量测定方面, Kresovich et al. (1992) 在一个由花椰菜 (*Brassica oleracea* L.) 和芜菁 (*B. rapa* L.) 的个体组成的测试群样本中, 利用 RAPD 方法, 仅使用 25 个不同的内核苷酸引物, 收集到了 140 个多态性状。

也有关于利用 RAPD 标记在系统发育研究方面的报道, Hu and Quiros (1991) 报道了他们的研究结果, 他们仅使用了 4 个随机引物, 所产生的扩增多态性谱带区分出了 14 个不同的花茎甘蓝和 12 个不同的花椰菜品种。

有关利用分子标记研究遗传变异的报道较多, 涉及到多种作物, 这些研究都表明, 分子标记方法在植物遗传分析、植物分类和品种鉴定等方面的应用价值。

以往利用分子标记测定遗传关系的研究, 多利用 RFLP 标记, RAPD 方法出现以后, 有学者对比了 RFLP 和 RAPD 标记在遗传关系研究中的效果。Thormann et al. (1993) 在研究油菜属中包括芥菜 (*B. juncea* L.)、花椰菜 (*B. oleracea* L.)、芜菁 (*B. rapa* L.) 和甘蓝型油菜 (*B. napus* L.) 等品种内和品种间共 19 个品种的遗传关系时, 对比使用了 RAPD 和 RFLP 标记分析中收集到 3 种类型的分子标记数据: RAPD—以 PCR 反应中以 10 个基本核苷酸顺序为引物而得到的数据; cRFLP—以 cDNA 为探针克隆而得到的数据; gRFLP—以基因组 DNA 为探针克隆而得到的数据。结果 RFLP 方法中仅有部分探针探查出试材的多态性, 并且是容易探查的 <6kb 的 RFLP 标记, 而 RAPD 方法中所有引物都探查了品种间和/或品种内的多态性。RAPD 中平均每个引物标识出 10.5 个谱带, 每个 gDNA 探点仅平均标识出 6.4 个谱带, 每个 cDNA 探点平均标识出 7.4 个谱带。分析结果表明, 对于本试材的遗传关系, RAPD 方法得到了非常相似于 RFLP 方法的信息。

Thormann et al. 在 1994 年发表的文章中, 对 RAPD 和 RFLP 标记比较后, 提出了补充观点: 对于种内材料二者所显示的遗传相关非常相似, 对于种间材料二者所显示的结果却不同, 认为 RAPD 数据的可信度低于 RFLP 数据, 作者认为这是由于 RFLP 谱带是建立在全部探针顺序与模板染色体 DNA 顺序的同源, 而 RAPD 标记仅是单股短引物与模板 DNA 间某种程度的同源。

值得注意的是, 由于 RAPD 标记共显性特点, 理论上杂种 F₁ 与亲本之一的带型可能完全一致, 故在有关分析中, 仅用一个引物有时可能无法区分某一位点是纯合的还是杂合的, 这时需针对一对亲本再筛选几个引物以区别亲本间的差异。

2.4 测定遗传距离

利用分子遗传标记也可以估测遗传距离, 确定某些变异的遗传关系, 并帮助育种者确定自交系是否适合作某一特定杂交组合的亲本。

目前, 所有分子标记方法都是为个体确定特殊化的谱带类型, 而每一个谱带都能够代表一个标记基因型。由于基因型的遗传模式是已知的, 所以, 利用标记位点上等位基因频率的差别可以计算群体或个体间的遗传距离, 已发表的有关种质评价方面的文章多利用 Roger 距离测定法 (RD) 和改进的 Roger 距离测定法 (MRD) (Melchinger, 1993)。

Lee et al. (1989) 在利用分子数据建立玉米自交系杂交模式的适用性研究中, 对 BSSS 和 C103 衍生系等共 8 个自交系的 28 个杂交种进行了产量测定, 并估算了组合的特殊配合力, 同时对 28 个杂交种的双亲自交系测定了 RFLP 数据的遗传距离 (MRD)。结果表明, 子粒产量、特殊配合力、MRD 值都表现了一致的趋向, BSSS 和 C103 模式的组合具有最高的子粒产量和最大的 MRD 值, 而同种质的自交系间的杂交组合, 则具有最小的 MRD 值和子粒产量。自交系 B79 与 BSSS 衍生系的杂交组合的子粒产量和 MRD 值低于或小于 B79 与 C103 衍生系杂交

组合的子粒产量和 MRD 值,这与已知的 B79 在育种中的表现相吻合;分子数据和产量数据也同时表明,B77 与 BSSS 和 C103 均具有相对远的血缘关系。因此作者认为,利用 RFLP 数据对遗传距离的估测与自交系的杂优组合模式有非常一致的相关性,RFLP 位点可以用于划分玉米自交系优势种群和区别自交系血缘关系。

Melchinger(1993)列举了一些有关玉米杂交种双亲自交系间遗传距离与其 F₁ 产量、中亲优势和特殊配合力相关研究结果,分析后认为,只要自交系不是来自两个遗传配合混乱(由数量遗传引起)的群体,利用 RFLP 数据估测的遗传距离预测杂种 F₁ 产量表现、中亲优势和特殊配合力是可行的。利用分子遗传距离测定 F₁ 表现的作物还有油菜(*Brassica napus* L.)、甜菜(*Beta vulgaris* L.)、向日葵(*Helianthus annuus* L.)等。

当分子标记谱带复杂,不能确定基因型时,测定遗传距离的通用方法是通过测定两个体的谱带共同部分而外的零散部分(Nei & Li, 1979),这个方法也称为 NLD 法。由这种方法也可以获知个体间的遗传相似性,遗传相似性 $GS = 1 - GD$ (遗传距离)。Melchinger(1993)等的研究表明,来自同一种质的玉米自交系的分子遗传相似系数明显高于不同种质自交系间的分子遗传相似系数,尤其对欧洲硬粒型和马齿型玉米的研究结论更为明显。表明了分子数据在遗传距离测定中的准确性和适用性。

有学者(Smith et al., 1990; Brunklaus-Jung et al., 1993; Messmer et al., 1993 等)以玉米为试材,对比了分子遗传距离和 f 值(常规方法中的共世系值)在遗传相似性估测上的相关性,结论是美国玉米带自交系及杂交种和热带玉米自交系的 f 值与遗传相似系数 GS 显著相关($r = 0.84^{**}$, -0.90^{**}),欧洲玉米自交系的 f 值与 GS 系数虽较低,但也都达到极显著水平($r = 0.61^{**}$, -0.91^{**})。证实了分子遗传学标记在遗传距离和遗传相似性测定上的应用价值。

国内最新研究也得到了类似结果,刘新芝、彭泽斌等(1997)利用 RAPD 分子标记对我国目前推广的玉米杂交种的 15 个主要亲本自交系进行了遗传距离测定,由此所划分的遗传类群与已知的系谱追溯完全一致。研究结果也表明,RAPD 标记在玉米自交系组群划分上是可行的。该文针对 RAPD 可重复性差的问题,认为只要严格控制反应程序的各个环节及各个循环参数的稳定性,重复的结果不难得到,并已筛选出玉米 PCR 反应的最佳条件。

分子标记作为研究遗传变异的有力手段,被广泛运用到各研究领域,除上述方面外,分子标记特征作为“指纹”也被应用于品种鉴定和保护(Jondle, 1992);在种质研究中,也试图利用分子标记划分新的玉米种质群(Phillips, 1993)。

3 小 结

分子标记技术使得有关遗传差异的研究,从传统的形态学性状分析跨入到以 DNA 的核苷酸多态性为基础的分子分析,可以说实现了遗传研究质的飞跃。也不可否认,目前由于分子技术自身的特点,在应用上也有某种局限性,如 RFLP 技术分析过程冗长,花费高,有放射性环境,在群体研究中,由于 RFLPs 标记通常是共显性的,所以如不配合常规遗传方法,也将难于区分杂合基因型和纯合基因型;RAPD 技术虽然在技术上比 RFLP 简单易行、可自动化、效率高,但由于引物在扩增时可能同时扩增多个不同染色体基因位点,这些位点往往遮蔽 RAPD 标记位点,使得 RAPD 在一些遗传分析,尤其是遗传距离测定上影响效果(Melchinger, 1993)。另外,在一些作物和某些情况下,RAPD 标记的可重复性低,尽管如此,RFLP 和 RAPD 等分子标记技术在植物遗传育种上的应用不断扩大和深入,取得的成果也十分显著。

随着分子生物技术的进一步完善和发展,将允许育种者在实验室中合成所需的基因型,创

造新的遗传变异,控制性状的遗传表达,尤其是数量性状的遗传表达,分子标记技术在植物遗传育种中将会扮演一个越来越重要的角色。

参 考 文 献

- 1 Bonierbale et al. · RFLP maps based on common set of clones reveal modes of chromosomal evolution in potato and tomato · Genetics · 1988, 120, 1095~1103
- 2 Brunklaus et al. · RFLP analysis of early maturing European maize germplasm; 2. Correlation between RFLP and pedigree data · Madi-
ca · 1993, 38
- 3 Carlson et al. · Segregation of random amplified DNA markers in F₁ progeny of conifers · Theor. Applied Genet. · 1991, 83, 194~200
- 4 Chaparro et al. · Targetted mapping with RAPD in peach; tagging of an anthocyanin regulatory locus (Gr) and Mdh¹ by bulk segregant
analysis · Miami Bio/tech · Winter symp. Abstr W29. 1992
- 5 Delourme et al. · Identification of RAPD markers linked to a fertility restorer gene for the Ogura radish cytoplasmic male sterility of
rapeseed · Theor. Appl. Genet. · 1994, 88, 741~748
- 6 Gepts et al. · Use of hypervariable markers genetic diversity studies · Applications of RAPD Technology to plant breeding · Crop Science
Society of America · America Society for Horticultural Science · American Genetic Association · 1992
- 7 Gept et al. · Linkage mapping in common bean · Annu Rept. Bean Improv. Coop. 1993, 36, 24~38
- 8 Hallen et al. · Evaluation of RFLP and RAPD markers in comparison of *Brassica napus* breeding lines · Theor. App. Genet. · 1994, 88,
123~128
- 9 Haley S D, Miklas P N, Afanador Land Kelly J D · Random amplified polymorphic DNA (RAPD) marker variability between and within
gene pools in common bean · J. Am. Soc. Hort. Sci. 1994b, 119, 122~125
- 10 He et al. · Detecting of DNA sequence polymorphisms among the wheat varieties · Theor. Appl. Genet. · 1992, 84, 573~578
- 11 Helentjaris A · Genetic linkage map for maize based on RFLPs Trends in Genetics · 1987, 3, 217~221
- 12 Hu and Quirous · Identification of broccoli and cauliflower cultivars with RAPD markers · Plant Cell Rpts. · 1991, 10, 505~511
- 13 Jondle · Legal aspects of varietal protection using molecular markers · In: Applications of RAPD technology to plant breeding · Crop Sci-
ence Society of America · 1992, 50~52
- 14 Kresovich et al. · Characterization of genetic identities and relationships of *Brassica oleracea* L. via random amplified polymorphic
DNA assay · Theor. Applied Genet. (In press) · 1992
- 15 Lee et al. · Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their cross-
es · Crop Sci. · 1989, 29, 1067~1071
- 16 McCough et al. · Molecular mapping of rice chromosomes · Theor. Appl. Genet. · 1988, 79, 235~240
- 17 Melchinger · Use of RFLP markers for analysis and prediction of hybrids performance · International crop science I · Crop Science Soci-
ety of America · 1993
- 18 Miklas P N, Stavelly J R, and Kelly J D · Identification and potential use of a molecular marker for rust resistance in common bean ·
Theor. Appl. Genet. · 1993, 85, 745~749
- 19 Mullis et al. · Specific synthesis of DNA in vitro via a polymerase-catalyzed chain reaction · Methods Enzymol. · 1987, 155, 335~350
- 20 Nei & Li · Methodical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases · Proc. Natl. Acad. Sci. USA · 1979,
76, 5256~5273
- 21 Novy et al. · RAPDs identify varietal misclassification and regional divergence in cranberry · Theor. Appl. Genet. · 1994, 88, 1004~
1010
- 22 Reiter et al. · Global and local genome mapping in Arabidopsis thaliana by using recombinant inbred lines random amplified polymor-
phic DNAs · Proc. Natl. Acad. Sci. USA · 1992, 89, 1477~1481
- 23 Saiki et al. · Enzymatic amplification of β -globin genomic sequences and restriction site analysis for diagnosis of sickle cell anemia ·
Science · 1985, 230, 1350
- 24 Smith & Smith · et al. · Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F₁ grain yield, grain yield het-
erosis and RFLPs · Theor. Applied Genet. · 1990, 80, 833~840
- 25 Tanksley et al. · RFLP mapping in plant breeding; new tools for an old science · Bio/Technol. · 1989, 7, 257~264
- 26 Tingey et al. · Genetic analysis with RAPD markers · In: Application of RAPDs to plant breeding · Joint plant breeding symposia se-

- ries, Crop Science Society of America, 1992, 3~8
- 27 Thoymann et al., Use of RAPD and RFLP markers for germplasm evaluation. In: Application of RAPDs to plant breeding. Joint plant breeding symposia series. Crop Science Society of America, 1992, 9~11
- 28 Thoymann C E, Ferreira M E, Camargo L E A, Tivang J G, Osborne T C. Comparision of RFLP and RAPD markers to estimating genetic relationships within and among cruciferous species. Theor. Appl. Genet. 1994, 88, 973~980
- 29 Waugh and Powell. Useing RAPD markers for crop improvement. Trends Biotech. 1992, 10, 186~191
- 30 Welsh et al., Polymorphisms generated by arbitrarily primed PCR in the mouse; Application to strain identification and genetic mapping. Nucleic Acids Res. 1991, 19, 303~306
- 31 Williams et al., DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Res. 1990, 18, 6531~6535
- 32 Williams et al., Genetic analysis using RAPD markers. Methods Enzymol. 1992
- 33 Yu Kangfu and Pauls, Optimization of the PCR program for RAPD analysis. Nucl. Acids Res. 1992, 20, 2606
- 34 Yu and Pauls, Rapid estimation of genetic relatedness among heterogeneous populations of alfalfa by random amplification of bulked genomic DNA samples. Theor. Appl. Genet. 1993, 86, 788~794
- 35 刘新芝, 彭泽斌等. RAPD 在玉米类群划分研究中的应用. 中国农业科学, 1997, 3

Applications of Molecular Marker Techniques in Plant Genetic Studies and Breeding

XIE Jun

(Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100)

Abstract The molecular markers of DNA-based polymorphism reveal the genetic variation at DNA level in laboratory, which have provided a powerful tool to genetic study. The purpose of this paper is to introduce the fundamentals of RFLP, RAPD techniques and their applications in plant breeding and genetic studies.

Key words Molecular markers, Plant, Genetic study, Breeding (责任编辑:任 禾)

(上接第 19 页)③根据甜玉米自交系的遗传距离所进行的聚类分析,虽然可以把亲缘关系较近的系统归为一类,但对于杂种优势预测和亲本选配的实际指导意义不大。

④研究遗传距离与产量杂种优势关系时,应用对照优势更有实际意义。

⑤甜玉米亲本自交系的遗传距离与产量特殊配合力间呈五次曲线关系,其通式为: $S \cdot C \cdot A = a + bD + cD^2 + dD^3 + eD^4 + fD^5$ 。

⑥在一定条件下,数量性状遗传距离具有稳定性。

⑦遗传距离具有特殊的生物学意义。

参 考 文 献

- 1 王玉兰等. 爆裂玉米距离分析与杂种优势. 作物学报, 1994, 20(2), 223~227
- 2 何中虎. 距离分析方法在小麦亲本选配中的应用研究. 作物学报, 1992, 18(5), 359~365
- 3 刘来福. 作物数量性状的遗传距离及其测定. 遗传学报, 1979, 6(3), 349~355
- 4 何中虎等. 距离分析的稳定性研究. 北京农业大学学报, 1988, 14(4), 380~386
- 5 吴建宇, 任和平. 玉米自交系遗传距离的稳定性分析. 河南农业大学学报, 1990, 24(3), 301~309
- 6 黄清阳等. 玉米自交系间遗传距离与产量杂种优势、杂种产量的关系. 遗传学报, 1991, 18(3), 271~276

(责任编辑:张 瑛)