

文章编号:1003-8701(2013)02-0042-05

分子标记在高粱研究中的应用

张春宵¹,王晶^{1,2},王凤华^{3*},李晓辉^{1*}

(1.吉林省农业科学院生物技术研究,长春 130033 2.东北农业大学农学院,哈尔滨 150030 3.吉林省农业科学院/农业部植物新品种测试公主岭分中心,吉林 公主岭 136100)

摘要:高粱是最耐旱的粮食作物之一,在干旱、半干旱地区农业生产中占有极其重要的位置。此外,相对较小(730Mbp)基因组和丰富的耐旱遗传多样性使其成为一个优良的模式作物,用来研究抗旱性的遗传机制和生理机制。近年来,分子标记技术的发展,加速了高粱高饱和度遗传连锁图谱的构建,也为高粱的抗性机制的生理研究、基因功能的鉴定和克隆,分子标记辅助选择、有利基因的定向转移及基因聚合奠定了基础。

关键词:高粱;分子标记;遗传机制;生理机制;连锁图谱

中图分类号:S514

文献标识码:A

Application of Molecular Marker in the Research of Sorghum

ZHANG Chun-xiao¹, WANG Jing^{1,2}, WANG Feng-hua³, LI Xiao-hui^{1*}

(1. Institute of Agro-Biotechnology, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun 130033; 2. College of Agronomy, Northeast Agricultural University, Harbin 150030; 3. Gongzhuling Station for Testing of New Varieties of Plant, MOA, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100, China)

Abstract: Sorghum is one of the most drought tolerant grain crops and a leading cereal in arid and semi-arid agriculture. Further, The small genome (730Mbp) and its rich genetic diversity for drought tolerance makes it an excellent crop model and choice for studying the genetic and physiological mechanisms of drought tolerance. In recent years, molecular marker technology has been developed and utilized to construct the high saturation linkage mapping, and lay a foundation for studying physiological mechanisms of resistance mechanism, identification and cloning of gene function, molecular marker-assisted selection, directional transfer of favorable genes and gene pyramiding.

Keywords: Sorghum; Molecular marker; Genetic mechanism; Physiological mechanisms; Linkage mapping

高粱[*Sorghum bicolor* (Linn.) Moench]是世界上仅次于玉米、小麦、水稻和大麦的第5大粮食作物,具有耐旱、耐涝、耐贫瘠、耐盐碱等多重抗性,抗逆性强,广泛分布于干旱半干旱地区和低洼易

涝地区,具有粮饲、造酒、帚用、编织等多种用途,分布于世界5大洲58个国家和地区。

1 高粱的种质资源多样性

迄今为止,全球共收集到高粱种质资源168 500份,其中国际热带半干旱地区作物研究所(ICRISAT)从90多个国家收集到36 774份,占总数的21.8%。这些高粱种质资源代表了目前高粱约80%的变异性,其中近90%来自热带半干旱地区的发展中国家(Eberhart等,1997)。而60%的资源来自6个国家,印度、埃塞俄比亚、苏丹、喀麦隆、斯威士兰(恩格瓦尼)和也门。高粱种质资源总数约63%来自非洲,约30%来自亚洲。栽培种

收稿日期:2012-10-08

基金项目:农业部“DUS测试品种、信息DNA测试技术研究”项目,“DNA指纹图谱鉴定技术方法研究和数据采集”课题,“高粱DNA指纹图谱鉴定技术标准研制及数据库构建”子课题(200903008-07-08)

作者简介:张春宵(1984-),男,研究实习员,从事作物种质资源鉴定研究。

通讯作者:王凤华,女,研究员,E-mail: wfh1234@163.com

李晓辉,男,副研,博士,E-mail: lixiaohui2002lix@163.com

与野生种比为 99:1。在栽培种中, 地方品种资源约占总数的 84%。

在 ICRISAT, 现已构建了高粱核心种质。组成核心种质的基本原则是用尽可能少的种质数目提供尽可能多的遗传多样性。在 ICRISAT 掌握的全部高粱种质资源中, 选择有代表性的和不同地理来源的遗传资源进入核心种质。根据上述原则, 按照高粱分类和不同地理来源上从总资源中选择种质进入亚组, 这样就形成了多个亚组。下一步针对进入亚组的种质资源, 根据资源材料的农艺性状表现资料进行深入分析, 选择那些农艺性状优异的、遗传变异性差异大的种质资源分别进入更加密切相关的群。再在每个群中提取有代表性的种质资源, 按亚群总数的一定比例进行选择。这样一来, 在 ICRISAT 就组成了共 3 475 份材料的一个高粱核心种质, 约占 ICRISAT 保存的高粱种质资源总数的 10%。在美国, 在其掌握的高粱种质资源总数 42 221 份材料中, 选择了 200 余份组成了美国高粱核心种质。高粱核心种质对其种质资源的保存、维护和利用是一种经济、实用、适用和有效的方法。

中国在全国范围内收集到 12 836 份地方高粱种质资源, 其中 10 414 份作为遗传资源登记, 并保存在国家遗传资源库里。这些种质包括 9 652 份地方品种、改良品种和品系, 来自全国 28 个省、市、自治区。如果按用途分, 食用型 9 895 份、饲用 394 份、糖用 125 份 (Qingshan Lu, 2001)。中国作物种质信息网公布了 5 538 份高粱种质的来源、种类、保存单位以及相关农艺性状等信息, 试验单位或个人可以通过邮件的形式索要种质资料, 用于科研或育种研究。

2 分子标记在高粱研究上的应用

2.1 遗传多样性分析

遗传多样性 (diversity) 是指某一物种遗传资源丰富的程度, 故又称基因多样性。相当数量的高粱遗传资源就组成了高粱遗传多样性。高粱遗传多样性的正确记载对育种者、研究者利用其多样性是必须的。

Abu Assa 等(2005)利用 16 个 SSR 标记对采自苏丹、ICRISAT 和美国 Nebraska 的 96 个高粱品系进行了分析。这些 SSR 标记可明确区分原始品系和改良品种的基因型。SSR 标记聚类结果能够很好地反映这些品系的起源地、谱系图、适应区和形态特征。Smith 等(2000)利用 SSR 和 RFLP 标

记对 50 个高粱品系进行了研究, 结果表明这 2 种标记具有相似的分辨能力, 但 SSR 技术节约成本 50%。SSR 和 RFLP 标记的结合使用能很好地区分 50 个广泛用于育种的高粱自交系 (Menz et 2004)。分子标记还被用于检测大到一个国家的高粱品种, 小到一个村落的地方小种 (landrace) 的遗传多样性 (Barnaud 2007 ;Deu 2008)。赵香娜 (2010) 用 24 对扩增带型稳定的 SSR 引物, 研究了 206 份国内外甜高粱种质资源的遗传变异, 利用 SSR 标记遗传相似系数矩阵, 按 UPGMA 方法对 206 份甜高粱品种进行聚类分析, 将其分为 A、B 两大组。张晗 (2011) 利用 32 个高粱核基因组多态性 SSR 位点, 以 69 份国外品种为对照, 对 12 个地区的 184 份中国高粱地方品种进行了遗传多样性分析, 通过对中国高粱和国外高粱的等位基因丰度(Rs)和基因多样性(He)比较发现中国高粱的遗传多样性明显低于国外高粱, 中国高粱与国外高粱之间遗传分化明显, 而中国高粱地方品种地区间和类型间分化极弱。主成分分析(PCA)能够明显区分中外高粱种质但不能将中国高粱按地区或类型分开。

2.2 遗传连锁图谱的构建

遗传连锁图谱是目的基因分离及序列分析、基因结构和功能鉴定、目标性状分子标记的建立及比较基因组学研究的基础。高粱分子遗传图谱的构建始于 20 世纪 90 年代。Hulbert (1990) 最早报道用 ShanguRed × M91051 的 F₂ 群体 55 个单株和来源于玉米基因组克隆的 37 个 RFLP 探针构建了第 1 张含有 36 个 RFLP 标记和 8 个连锁群 (LG) 的遗传连锁图, 连锁图长 283 cM。随后的报道分别用不同的 F₂ 群体构建的高粱遗传连锁图 (Binelli 1992 ;Whitkus 1992; Melake-Berhan 1993 ; Ragab 1994 ;Xu 1994), 虽然连锁图的长度有所增加, 标记的位点数也增多, 但还远不够完善, 连锁群的数目与高粱染色体的数目 (n=10) 远不相符。实际上, 最初的所谓高粱遗传连锁图只是—些含有分子标记的遗传连锁片断, 标记数目稀少, 连锁图长度也十分有限。

在已建立的遗传连锁图中, RFLP 是常用的分子标记。RFLP 稳定性好, 共显性, 但 RFLP 作图比较昂贵且繁琐, 多态性比率也较低。随着高粱 SSR 标记的开发, 以及 AFLP 技术的成熟, 这些多态性丰富、可重复性强、稳定性好的标记逐渐添加到已有或新构建的遗传连锁图中 (Tao 1998 ;Subudhi 2000 ;Tao 2000 ;Bhattnakki 2000 ; Klein 2001 ;

徐吉臣等,2001;Haussmann 2002;Menz 2002)。一些遗传连锁图中也含有少量 RAPD 标记(Subudhi 2000;徐吉臣等,2001;Haussmann 2002),但由于 RAPD 标记稳定性低,可重复性差,在高粱遗传连锁图中的使用较少。

近年来发表的高粱遗传连锁图的标记位点数不断增加,连锁群趋于完整,连锁图对全基因组的覆盖率增加,标记间的平均距离减少。标记位点数的增加,有利于基因的精细定位。目前构建最完整也最具影响力的高密度的近于饱和的遗传图是 Menz (2002) 发表的一张含有分布于 10 条染色体的 2 926 个标记位点。该连锁图长度为 1 713 cM,含有 2 425 个 AFLP 标记、136 个 SSR 标记和 203 个来源于水稻、玉米、大麦和燕麦的 cDNA 和核 DNA 克隆的分子标记。在这些分子标记中,2 590 个标记已经转化为可通过 PCR 扩增被检测的标记。

2005 年以前,各实验室不断地对各自的连锁图进行完善和增加新的位点,但不同实验室所建图谱间缺乏应有的对比与整合,高粱的遗传连锁图谱也缺少一个统一的命名系统。Kim (2005b) 以 BT×623 根尖有丝分裂中期染色体为材料,用分布于 Menz (2002) 构建的高粱遗传连锁图 10 个连锁群上的分子标记进行多探针 FISH 分析,绘制了首张基于分子标记 FISH 的高粱染色体核型图 - 高粱细胞基因组图谱 (cytogenomic map)。每条染色体的着丝粒位置由着丝粒特异性探针 pCEN38 (Zwick 2000) 确定。根据中期染色体的长度把 10 条染色体分别命名为 SBI-01 (最长) ~ SBI-10 (最短),SBI 三个字母分别代表高粱属和高粱种,其相应的连锁群编号为 LG-01 (最长) ~ LG-10 (最短),分别对应于 Menz (2002) 遗传连锁图的 A、B、C、D、J、I、E、H、F 和 G 连锁群,与其它遗传图谱连锁群的对应关系见表 2。根据核型分析习惯,短臂朝上排列,SBI-01、-02、-04、-05、-06、-07 和 -10 与其相应的连锁群 (Menz 2002) 朝向一致,而 SBI-03、-08 和 -09 与其朝向颠倒。1 号染色体 (SBI-01) 最长,为 5.11 μm ,10 号染色体 (SBI-10) 最短,为 2.94 μm 。有 8 对染色体 SBI-02、-03、-04、-05、-07、-08、-09 和 -10 为中着丝粒染色体,SBI-01 和 SBI-06 为近中着丝粒染色体,在 SBI-01 短臂近着丝粒处有一次缢痕 (NOR)。该命名系统被大家一致认可,方便了研究者们对不同的遗传图谱进行比对和分析,便于不同连锁图之间信息的共享,也有利于对一些重

要性状的基因定位研究和分子标记辅助选择育种。

新发展的 DArT 分子标记技术也应用到高粱遗传连锁图谱构建上。Mace (2009) 在整合多个图谱的基础上和应用高通量多态性评估技术的基础上构建了高粱一致性连锁图谱。其中共含有 2 029 个标记,其中 DArT 分子标记 1 190 个。

2.3 基因定位和 QTL

2.3.1 抗旱性 QTL 定位研究

由于高粱较小的基因组结构,较强的抗旱性、适应性,使得高粱作为一个模式作物,日益受到重视。完整的覆盖高粱全基因组的高密度遗传图谱也构建完成,许多重要的性状也通过分子标记定位于相应的遗传连锁群上。

高粱有两种重要的干旱反应特征,即开花前抗旱性和开花后抗旱性 (持绿性),分别由不同的遗传机制控制。Tunistra (1996) 与 Kebede 等 (2001) 分别通过不同的 RIL 群体,各自定位了与花前抗旱相关的位点和抗旱性 QTL。Crasta 等 (1999)、Kebede 等 (2001)、Tao 等 (2000) 和 Haussman 等 (2002) 分别对持绿 QTL 做了大量的研究,累计定位了 24 个持绿 QTL。尽管这些基因研究主要集中在开花前抗旱性和开花后抗旱性 (持绿性),但作为一个完整的现象,高粱抗旱性的遗传基础尚未被解释。Srinivas 等 (2009) 通过对高粱干旱胁迫下的 ESTs 微卫星位点开发了 28 个与干旱相关的 EST-SSR,并将其定位到该课题组构建的微卫星连锁图谱上。干旱条件下开发的 EST-SSR 将被应用到功能多样性分析,协调研究,干旱 QTL 定位,这些 QTL 和标记将有助于育种者对性状进行遗传改良和基因聚合,从而改善高粱的抗旱性。

2.3.2 抗病虫性 QTL 定位研究

病害、虫害也是制约高粱高产的主要因素之一,抗病虫性 QTL 定位有利于高粱抗病虫的生理机制研究和分子标记辅助育种。高粱抗病 QTL 定位主要为:抗叶枯病 QTL 定位 (Boora,1999),抗锈病 QTL 定位 (Tao 1998),抗粒霉病 QTL 定位 (Klein 2001)。高粱抗虫 QTL 定位主要包括:抗蚜虫 QTL 定位 (Agrama 2002;Katsar 2002),抗摇蚊 QTL 定位 (Tao 2003)。

2.3.3 其他性状 QTL 定位研究

高粱育性恢复基因定位也是国内外研究学者关注的焦点 (Klein 2001;2005;Wen 2002),其他方面的基因定位研究还包括:控制花序结构

(Brown 2006)、杂草抗性基因 (Mutengwa 2005; Haussmann 2004; 徐吉臣等, 2001)、耐铝毒害基因 AltSB (Magalhaes 2004) 已经被鉴定出来。随着对能源甜高粱研究的重视, 茎秆中糖分含量相关性状的 QTL 定位也有相关报道 (Natoli 2002; Bian 2006; Ritter 2008)。

2.4 其他方面的应用

高粱现存种质资源的多样性和模式, 有助于分析特定基因的功能和改良具有特殊需要的高粱。高粱连锁不平衡程度较高, 只需不多的分子标记就能进行相应的关联遗传学研究 (Hamblin 2005)。关联遗传学已用于高粱控制淀粉代谢和其它性状的基因位点的关联定位 (Hamblin 2007; Casa 2008)。

现在, 高粱育种研究和种子生产经营开始向商业化转移。建立快速、标准的种子质量检测方法已成为规范种子市场经济秩序迫切需要的技术之一。DNA 分子标记指纹图谱, 因其分辨率高、稳定可靠, 可以准确鉴定生物个体和群体之间的差异, 已成为鉴别品种、品系和选择杂交亲本的有力工具。詹秋文 (2008) 利用 4 个核心 RAPD 引物为 42 份高粱和苏丹草品种资源及 2 份国审品种高粱 - 苏丹草杂交种每份品种构建 1 张特定的数字指纹, 并且使用 3 对核心 SSR 引物就可构建了 42 份高粱和苏丹草的 SSR 数字指纹。

3 结束语

在美国能源部联合基因组研究所等 21 家科研机构的合作下, 高粱基因组测序利用全基因组鸟枪测序法完成 (Paterson 2009)。这将加速高粱重要基因挖掘和定向遗传改良的研究, 亦将促进高粱分子标记研究和比较基因组学研究。

高粱具有抗旱、耐盐碱和耐瘠薄土壤等特性, 鉴定和克隆这些优异的抗逆境胁迫基因, 不仅有利于培育多重抗性的高粱品种, 同时也为其他作物的抗性改良提供基因资源。随着全球煤炭、石油和天然气等不可再生能源储量的日趋减少, 生物质能源的开发和利用已经引起各国科学家的关注。作为栽培高粱的一个变种, 甜高粱生育期短, 转化太阳能的效率, 并且作为能源植物具有种质资源优势, 从种质资源中发掘基因资源, 再从中设计和开发出产业需要的超能产品以及配套的利用技术, 有利于解决目前日益紧张的能源问题, 但这些问题的解决无疑还需要很多学科的深入研究和相互交叉研究共同完成。

参考文献:

- [1] Abu Assar AH, Uptmoor R, Abdelmula A A, et al. Genetic variation in sorghum germplasm from Sudan, ICRISAT, and USA assessed by simple sequence repeats (SSRs) [J]. *Crop Sci.*, 2005(45):1636-1644.
- [2] Agrama H.A., Widle G.E., Reese J.C., et al. Genetic mapping of QTLs associated with greenbug resistance and tolerance in *Sorghum bicolor* [J]. *Theor Appl. Genet.*, 2002, 104 (8): 1373-1378.
- [3] Andrew H. Paterson, John E. Bowers, Remy Bruggmann, et al. The *Sorghum bicolor* genome and the diversification of grasses [J]. *nature*, 2009(29):551-556.
- [4] Barnaud A, Monique D, Eric G, et al. Local genetic diversity of sorghum in a village in northern Cameroon: structure and dynamics of landraces [J]. *Theor Appl Genet*, 2007 (114): 237-248.
- [5] Bhatranakki D, Dong J, Hart G E, et al. An integrated SSR and RFLP linkage map of *Sorghum bicolor* (L.) Moench [J]. *Genome*, 2000(43): 988-1002.
- [6] Bian Y.L., Yazaki S.J., Inoue M., et al. QTLs for sugar content of stalk in sweet sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) [J]. *Agricultural Science in China*. 2006, 5 (10): 736-744.
- [7] Binelli G, Ginafranceschi L, Pe M E, et al. Similarity of maize and sorghum genome as revealed by maize RFLP probes [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1992(84):10-16.
- [8] Boora K, Frederiksen R A, Magill C W. A molecular marker that segregate with sorghum leaf blight resistance in one cross is maternally inherited in another *Mol* [J]. *Gen Genet*, 1999(261):317-322.
- [9] Brown PJ, Klein PE, Bortiri E, et al. Inheritance of inflorescence architecture in sorghum [J]. *Theor Appl Genet*, 2006(113): 931-942.
- [10] Casa AM, Pressoir G, Brown PJ, et al. Community resources and strategies for association mapping in sorghum [J]. *Crop Sci.*, 2008(48): 30-40.
- [11] Celarier R.P.. Cytotaxonomy of the Andropogoneae. III. Subtribe Sorghaeae, Genus *Sorghum* [J]. *Cytologia*, 1959(23): 395-418.
- [12] Clayton W.D.. ProProposal to conserve the generic name *Sorghum* Moench [J]. (*Gramineae*) versus *Sorghum* Adans. (*Gramineae*), 1961(10): 242-243.
- [13] Crasta O.R., Xu W., Rosenow D.T., et al. Mapping of post flowering drought resistance traits in grain sorghum: association between QTLs influencing premature senescence and maturity [J]. *Molecular and General Genetics*. 1999, 262 (3):579-588.
- [14] Deu M, Sagnard F, Chantreau J, et al. Niger-wide assessment of in situ sorghum genetic diversity with microsatellite markers [J]. *Theor Appl Genet*. 2008 (116): 903-913.
- [15] Emma S Mace, Jean-Francois Rami, Sophie Bouchet, et al.

- A consensus genetic map of sorghum that integrates multiple component maps and high-throughput Diversity Array Technology (DArT) markers[J]. *BMC Plant Biology*, 2009(9): 13.
- [16] G. Srinivas, K. Satish, R. Madhusudhana, et al. Exploration and mapping of microsatellite markers from subtracted drought stress ESTs in *Sorghum bicolor* (L.) Moench [J]. *Theor Appl Genet*, 2009(118): 703-717.
- [17] Hamblin M.T, Fernandez S, Tuinstra MG, et al. Sequence variation at candidate loci in the starch metabolism pathway in sorghum: prospects for linkage disequilibrium mapping[J]. *Plant Genome*, 2007(47): S125-S134.
- [18] Hamblin M. T., Salas Fernandez M.G., Casa A.M., et al. Equilibrium processes cannot explain high levels of short-and medium-range linkage disequilibrium in the domesticated grass *Sorghum bicolor* [J]. *Genetics*, 2005, 171(3): 1247-1256.
- [19] Haussmann B I G, Mahalakshmi V, Reddy B V S, et al. QTL mapping of stay-green in two sorghum recombinant inbred populations [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002(106): 133-142.
- [20] Haussmann B.I.G., Hess D.E., Omany G.O., et al. Genomic regions influencing resistance to the parasitic weed *Striga hermonthica* in two recombinant inbred populations of sorghum [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2004, 109(5): 1005-1016.
- [21] Hulbert S H, Richter T E, Axtell J D, et al. Genetic mapping and characterization of sorghum and related crops by means of maize DNA probes [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1990(87): 4251-4255.
- [22] J. R. Harlan, J. M. J. de Wet. A Simplified Classification of Cultivated Sorghum [J]. *Crop Sci*, 1972, 12(2): 172-176.
- [23] Katsar C.S., Paterson R.H., Teetes G.L., et al. Molecular analysis of sorghum resistance to the greenbug (Homoptera: Aphididae) [J]. *Journal of Economic Entomology*, 2002, 95(2): 448-457.
- [24] Kebede H, Subudhi P K, Rosenow DT. Quantitative trait loci influencing drought tolerance in grain sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) [J]. *Theor Appl Genet*, 2001(103): 266-276.
- [25] Kim J S, Klein P E, Klein R R, et al. Chromosome identification and nomenclature of sorghum *bicolor* [J]. *Genetics*, 2005(169): 1169-1173.
- [26] Klein R R, Rodriguez-Herrera R, Schlueter J A, et al. Identification of genomic regions that affect grain-mould incidence and other traits of agronomic importance in sorghum [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001(102): 307-319.
- [27] Klein R.R., Klein P.E., et al. Fertility restorer locus Rf1 of sorghum (*Sorghum bicolor* L.) encodes a pentatricopeptide repeat protein not present in the colinear region of rice chromosome 12 [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2005, 111(6): 994-1012.
- [28] Magalhaes J.V., Garvin D.F., Wang Y., et al. Comparative mapping of a major aluminum tolerance gene in sorghum and other species in the Poaceae [J]. *Genetics*, 2004, 167(4): 1905-1914.
- [29] Menz M A, Klein R R, Mullet J E, et al. A high-density genetic map of *Sorghum bicolor* (L.) Moench based on 2926 AFLP, RFLP, and SSR markers [J]. *Plant Molecular Biology*, 2002(48): 483-499.
- [30] Menz MA, Klein R R, Unruh NC, et al. Genetic diversity of public inbreds of sorghum determined by mapped AFLP and SSR markers [J]. *Crop Sci.*, 2004(44): 1236-1244.
- [31] Mutengwa C.S., Tongoon P.B., Sithole-Niang I.. Genetic studies and a search for molecular markers that are linked to *Striga asiatica* resistance in sorghum [J]. *African Journal of Biotechnology*, 2005, 4(12): 1355-1361.
- [32] Natoli A., Gorni C., Chegdani F., et al. Identification of QTLs associated with sweet sorghum quality [J]. *Maydica*, 2002(47): 311-322.
- [33] Qingshan Lu, Dahlberg JA. Chinese Sorghum Genetic Resources [J]. *Econ. Bot.*, 2001, 55(3): 401-425.
- [34] Ragab R A, Dronavalli S, Saghai Maroof M A, et al. Construction of a sorghum RFLP linkage map using sorghum and maize DNA probes [J]. *Genome*, 1994(37): 590-594.
- [35] Ritter K. B., Jordan D.R., Chapman S.C., et al. Identification of QTL for sugar-related traits in a sweet $\times$ grain sorghum (*Sorghum bicolor* L. Moench) recombinant inbred population [J]. *Molecular Breeding*, 2008, 22(3): 367-384.
- [36] Smith JSC, Kresovich S, Hopkins MS, et al. Genetic diversity among elite sorghum inbred lines assessed with simple sequence repeats [J]. *Crop Sci.*, 2000(40): 226-232.
- [37] Subudhi P K, Nguyen H T. Linkage group alignment of sorghum RFLP maps using a RIL mapping population [J]. *Genome*, 2000(43): 240-249.
- [38] Tao Y Z, Henzell R G, Jordan D R, et al. Identification of genomic regions associated with stay green in sorghum by testing RILs in multiple environments [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000(100): 1225-1232.
- [39] Tao Y Z, Jordan D R, Henzell R G, et al. Construction of a genetic map in a sorghum recombinant inbred line using probes from different sources and its comparison with other sorghum maps [J]. *Australian Journal of Agricultural Research*, 1998(49): 729-736.
- [40] Tao Y.Z., Hardy A., Drenth J., et al. Identifications of two different mechanisms for sorghum midge resistance through QTL mapping [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 107(1): 116-122.
- [41] Tuinstra M R, Grote E M, Goldsbrough P B, et al. Identification of quantitative trait loci associated with pre-flowering drought tolerance in sorghum [J]. *Crop Sci.*, 1996(36): 1337-1344.
- [42] Wen L., Tang H. V., Chen W., et al. Development and mapping of AFLP markers linked to the sorghum fertility restorer gene rf4 [J]. *Theor Appl Genet.*, 2002, 104(4): 577-585.
- [43] Whitkus R, Doebley J, Lee M. Comparative genomes of sorghum and maize [J]. *Genetics*, 1992(132): 1119-1130.

各处理间存在差异,防效为 84%以上,40%毒死蜱 EC、4.5%高效氯氰菊酯处理间差异不显著,防效相当。

表 2 九种杀虫剂对瓜蚜防效分析 %

试验药剂		蚜虫校正死亡率		
		1 d	3 d	7 d
4.5%高效氯氰菊酯 EC	2000 倍	54.80dD	69.63dD	72.03eE
40%毒死蜱 EC	1500 倍	52.19dD	73.38cdCD	79.15dD
0.3%苦参碱 Ws	1000 倍	63.55cdCD	78.13bcBC	84.03cC
3%啶虫脒 Me	1500 倍	69.73bcBC	80.46bB	92.81bB
3.2%甲维·啶虫脒 Me	2500 倍	81.96aAB	91.65aA	96.22abAB
2.5%高渗吡虫啉 WP	2500 倍	78.13abAB	92.13aA	96.25abAB
10%氟啶虫酰胺 Wg	3000 倍	88.55aA	92.29aA	96.52abAB
25%噻虫嗪 Wg	3000 倍	85.96aA	92.90aA	97.06 aAB
11%阿维·烯啶虫胺 EC	4000 倍	79.82aA	93.67aA	98.60aA

由 7 d 校正死亡率作为防效对各药剂进行排序 :P11% 阿维·烯啶虫胺 EC>P25%噻虫嗪 >P 10% 氟啶虫酰胺 Wg、2.5% 高渗吡虫啉 WP>P 3.2%甲维·啶虫脒 Me>P3%啶虫脒 Me>P 0.3%苦参碱 Ws>P 40%毒死蜱 EC>P 4.5%高效氯氰菊酯 EC。

以 3%啶虫脒 Me 为对照药剂,由室内毒力测定毒力指数排序 T i 阿维·烯啶虫胺 > T i 噻虫嗪 > T i 氟啶虫酰胺 > T i 高渗吡虫啉 > T i 甲维·啶虫脒 > T i 啶虫脒为主选的药剂。结合田间药效分析,药后 7 d 11%阿维·烯啶虫胺 EC、25%噻虫嗪、10%氟啶虫酰胺 Wg、2.5% 高渗吡虫啉 WP、3.2%甲维·啶虫脒 Me 各处理间无显著差异,即药效相当,防效在 96%以上;所以防治瓜蚜时,首先选用 11%阿维·烯啶虫胺 EC;其次选用 25%噻虫嗪、

10%氟啶虫酰胺 Wg、2.5%高渗吡虫啉 WP、3.2%甲维·啶虫脒 Me,7 d 校正死亡率在 96%以上。

3 小结与讨论

3.1 采用室内毒力测定和田间药效试验相结合的方法,研究了瓜蚜的有效防治,室内毒力测定试验结果为供试杀虫剂随着浓度的升高死亡率也升高,相关性为正相关,根据室内毒力测定结果与田间药效试验分析,在防治瓜蚜时室内毒力测定表明,首先选用 11%阿维·烯啶虫胺 EC ;其次选用 25%噻虫嗪、10%氟啶虫酰胺 Wg、2.5%高渗吡虫啉 WP、3.2%甲维·啶虫脒 Me,7d 防效在 96%以上。

3.2 由于室内毒力及田间试验各进行了一次,毒力指数及校正死亡率可能略高,但不影响结果与分析。

3.3 各药剂在田间使用时,还需要进一步大面积、大范围地进行推广示范试验,对天敌的杀伤情况还要进一步考查,可以更好地、全面地指导瓜类生产。

参考文献:

[1] 康天芳,刘长仲,马文生. 几种药剂对苜蓿斑蚜的室内毒力及田间药效试验[J]. 植物保护,2005(4):90-92 .
[2] 徐建陶,高聪芬,孙定炜,等. 几种植物源农药对蚜虫的生物活性测定[J]. 上海农业学报,2008,24(1):91-94 .
[3] 李 锋,康建宏,张宗山. 几种农药及其混剂对枸杞蚜虫的毒力测定[J]. 中国蔬菜,2003(3):36-37 .
[4] 朱锦磊,徐 健,殷向东,等. 0.38%苦参碱乳油防治蔬菜蚜虫室内毒力测定[J]. 安徽农业科学,2003,31(2):278 .
[5] 杜玉宁,张宗山,沈瑞清,等. 4 种生物农药对枸杞蚜虫的室内毒力测定[J]. 林业科技,2007,32(6):29-30 .

(上接第 46 页)

[44] Xu G W, Magill C W,Shertz K F , et al. A RFLP linkage map of Sorghum bicolor(L).Moench[J] . Theoretical and Applied Genetics,1994(89):139-145 .
[45] Xu J C, Weerasuriya Y M, Bennetzen J L. Construction of genetic map in sorghum and mapping of the germination stimulant production gene response to Striga asiatica [J] . Acta Genetica Sinica,2001(28):870-876 .
[46] Zhang Han, Wang Jian-Cheng, Wang Dong-Jian, et al. As-

essment of Genetic Diversity in Chinese Sorghum Landraces Using SSR Markers as Compared with Foreign Accessions [J] . ACTA AGRONOMICA SINICA,2011,37 (2): 224-234 .
[47] 詹秋文,李杰勤,汪保华,等. 42 份高粱与苏丹草及其 2 个杂交 DNA 指纹图谱的构建[J]. 草业学报,2008(6):85-92 .
[48] 赵香娜,岳美琪,刘 洋,等. 国内外甜高粱种质遗传多样性的 SSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(4):407-412 .