中華農業研究（Jour. Agric. Res. China）45(2)：147～155（1996）

以核酸逢機增殖多型性（RAPD）遺傳歧異度預測玉米雜種優勢之研究[1]

陳　述[2]　胡凱康[3]　陳　成[3]

摘要：本研究係以20個逢機序列之核酸引子偵測7個玉米自交系間之遺傳歧異度，並將估得的遺傳歧異度與7個自交系進行半互交所得之F1 雜交種表現（特殊組合力效應，產量）進行相關分析，期望能了解以核酸逢機增殖多型性預測雜交種表現之可能性。此外，並針對所估得之遺傳歧異度進行分群分析，希望了解與已知之雜種優勢群區分法是否符合。結果於7個自交系間，共偵得88個環帶位置，所估得之 MRD 值介於0.53～0.75間。以核酸逢機增殖多型性所估得之遺傳歧異度與雜交種表現無顯著相關。亦無法藉由核酸逢機增殖多型性所估得之遺傳歧異度將已知雜種優勢群的群內與群間之自交系明顯區分開。

關鍵詞：玉米、核酸逢機增殖多型性、遺傳歧異度、雜種優勢。

玉米雜種優勢之廣泛利用，始於1921年商業用雜交種玉米開始推廣於美國玉米帶[13]。在雜交育種的過程中，雜交親本產生雜種優勢的潛力須藉助親本間組合力（combining ability）檢定之研究。這是一種須要大量土地、人力與資源的方法。然而許多證據顯示，當自交系間遺傳歧異度愈大時，雜交 F_1 產量之雜種優勢亦愈大[10,16,19,29,27,26]。爲了提高育種的效率，育種學家們致力於尋找有效的標幟（marker）工具，希望可藉著偵測自交系間之遺傳歧異度而預測雜交種之表現。

染色體結（chromosome knob）的數目與位置曾被認爲可能是偵測玉米自交系間遺傳歧異度的有效工具，但多數研究結果顯示其與 F_1 雜種優勢間的相關性甚小[34,25,6]。隨著蛋白質電泳技術的發展，學者們致力於研究以同功異構酵素（isozyme）所測得之自交系間遺傳歧異度來預測雜種優勢之可能性。大部份學者之研究結果亦顯示由同功異構酵素所估得之遺傳歧異度與雜交種表現間並無顯著的相關性存在[18,12,15,30,20]。一般認爲同功異構酵素無法預測雜種優勢的可能原因爲其所能利用的遺傳標幟目太少，僅能代表廣大基因組（genome）的一小部份，尤其在偵測遺傳背景較窄的育種材料時，產生多型性之標幟數目會大幅下降[24]。對玉米而言，限制酵素切割片段長度多型性（Restriction Fragment Length Ploymorphism; RFLP）之分子標幟普遍存在於基因組中，可建立一完整的遺傳連鎖圖譜[17,4,7]，因此，Burr *et al.*,（1983）提出可利用RFLP 測量遺傳歧異度以克服同功異構酵素標幟數目太少之困難。綜合目前以 RFLP 進行之諸多研究結果可知，學者們均肯定 RFLP 可測量自交系間遺傳歧異度，並將其區分至不同雜種優勢群中，但於預測 F_1 表現之結果則較爲分歧[21,11,22,23,9,33,24]。

---

1. 臺灣省農業試驗所　研究報告第 1845 號。
2. 本所作物種原室助理。臺灣省　臺中縣　霧峰鄉。
3. 國立臺灣大學農藝系副教授及教授。臺北市。

雖然目前 RFLP 被認爲是預測雜交種表現較有希望的標幟，但由於分析流程複雜，需耗費大量時間、人力與金錢，因此若欲將 RELP 納入育種計畫而進行大量篩選的工作仍有其限制存在。1985年後發展出的技術一聚合酵素連鎖反應（Polymerase Chain Reaction; PCR）具有分析流程短之優點，Williams *et al.*（1990）更進一步提出可以人工合成的隨意序列作爲核酸引子來偵測遺傳變異，並將此種方式稱爲核酸逢機增殖多型性（Random Amplified Polymorphic DNA; RAPD）。因此本論文主要目的即爲探討利用核酸逢機增殖多型性測量玉米自交系間遺傳歧異度，以預測F_1雜交種表現之可能性。此外，並針對所估得之遺傳歧異度進行分群分析，希望了解與已知之雜種優勢群區分法是否相符合。

材料與方法

㈠田間表現之分析

本試驗材料爲由國立臺灣大學農藝系作物育種研究室自國內外引進之120個玉米自交系中所逢機挑選出之7個自交系，其自交系代號、名稱、譜系背景及所屬之雜種優勢群如表1。而由上述7個自交系進行7×7半互交所得之21個雜交組合的田間試驗於民國72年秋季在臺灣大學附設試驗農場進行，試驗係採逢機完全區集設計（RCBD），3個區集，以單行爲重複。調查性狀爲成熟果穗去苞葉後於80°C烘箱中乾燥48小時所得之每行單株子實平均總重量（產量），單位爲公克[2]。試驗所得數據採 Griffing 氏模式四（半互交組合，不包含親本）之固定型模式進行一般組合力與特殊組合力之變方分析，並估算一般組合力與特殊組合力效應[14,1]。

表 1. 7個參試玉米自交系之背景資料
Table 1. Background of the seven maize inbred lines used.

Code	Inbreds	Pedigree	Heterotic group[y]
P_1	B57	Midland	
P_2	B76	(C131A×B37)F_2×B37	BSSS
P_3	H95	Oh43×CI90A	LSC
P_4	HCBSA[z]		
P_5	Mo17	CI187-2×C103	LSC
P_6	R98-13[z]		
P_7	Ds1343[z]		

[z] The pedigree background is unable to be found.
[y] BSSS=Iowa Stiff Stalk Synthetic
LSC=Lancaster Sure Crop

㈡以核酸逢機增殖多型性進行自交系間遺傳歧異度之分析

將上述7個玉米自交系育苗二週後之完全展開葉片採 Doyle et al.（1990）之方法抽取 DNA，以自 OPERON 公司所購得之人工合成逢機序列（表2）爲核酸引子進行聚合酵素連鎖反應，反應溶液包含植物體 DNA 50ng、核酸引子4μM、Tag 聚合酵素0.4 unit、dNTP 各0.5mM、Tris-HCl（pH=8.3）50mM、Bovin Serum Albumin 250μg/ml、$MgCl_2$3mM，裂解（denature）、融合（annealing）與延伸（extention）之溫度與時間分別爲94°C、0秒；36°C、0秒；74°C、45秒；而0秒之設定係指當熱風變溫循環裝置內部之空氣到達指定後立即進入下一階段之溫度，並不保持指定溫度而言。

表 2. 核酸引子之序列
Table 2. The sequence of random primers.

CODE	5'——→3'	CODE	5'——→3'
A-01	CAGGCCCTTC	A-11	CAATCGCCGT
A-02	TGCCGAGCTG	A-12	TCGGCGATAG
A-03	AGTCAGCCAC	A-13	CAGCACCCAC
A-04	AATCGGGCTG	A-14	TCTGTGCTGG
A-05	AGGGGTCTTG	A-15	TTCCGAACCC
A-06	GGTCCCTGAC	A-16	AGCCAGCCAA
A-07	GAAACGGGTG	A-17	GACCGCTTGT
A-08	GTGACGTAGG	A-18	AGGTGACCGT
A-09	GGGTAACGCC	A-19	CAAACGTCGG
A-10	GTGATCGCAG	A-20	CTTGCGATCC

RCR 反應所得之增殖產物以5.25% T，4.8% C 之聚丙醯烯銨（Polyacrylamide Gel Electrophoresis; PAGE）膠體於 Hoefer SE 250迷你電泳槽70V恆定電壓下進行電泳2個半小時後，採 Brant *et al*.（1991）所提出之 PAGE 快速銀染法進行顯像，顯像所得結果以雷射密度掃瞄儀配合肉眼之觀察，於具多型性之環帶位置，將有出現此環帶之自交系記爲1，未出現之自交系記爲0。記錄資料以 Modified Roger's Distance（MRD）方程式[31]估算任兩個自交系間之遺傳歧異度，所估得之 MRD 介於0至1之間，數值愈大表示不相似的程度愈高。

爲瞭解各核酸引子所估得之遺傳歧異度是否具有一致性，以 Kendall and Babington-Smith 與 Wallis 所提出之 Kendall's coefficient of concordance（W）[8]進行檢測。

㈢預測雜交種表現之分析

將由上述第㈡部分以核酸逢機增殖多型性所估得各自交系間之遺傳距離 MRD 值，與由第㈠部分所得之產量及特殊組合力效應進行 Spearman 等級相關分析。此外，再就上述第㈡部份所估得之自交系間遺傳歧異度進行分群分析（cluster analysis），並與已知之雜種優勢群（表1）相比較。分群分析係利用 NTSYS-PC 軟體進行[32]，分析方式爲 UPGMA（Unweighted Pair-Group Method, Arithmetic Averages）。

結果與討論

田間表現部分以 Griffing 氏模式四之固定型模式進行一般組合力與特殊組合力變方分析，其結果（表3）顯示，子實產量之一般組合力效應與特殊組合力效應等之差異均達顯著水準，因此認爲子實產量是由累加性效應與非累加性效應所共同控制，且由 GCA 與SCA 之均方比值可知累加性效應較顯性效應重要許多。而進一步地估算各親本一般組合力效應與各雜交組合特殊組合力效應之結果列於表4，所得之特殊組合力效應之分析結果將作爲田間表現雜種優勢之估值，以進行後續利用核酸逢機增殖多型性預測雜交種表現可能性之探討。

表 3. 玉米7×7半互交子實產量一般組合力與特殊組合力之變方分析
Table 3. Analysis of variance of general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) in yield for the 7×7 half-diallel of maize.

Source of variation	df	MS
GCA	6	31,632**
SCA	14	795**
Error	40	278
MS(GCA)/MS(SCA)=39.8		

** Significant at p=0.01

表 4. 玉米7×7之半互交組合子實產量之一般組合力與特殊組合力效應
Table 4. The effect of general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) in yield for 7×7 half-dialle hybrids of maize.

	GCA	SCA						
		P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7
B57(P1)	25.58		34.17	5.05	−24.93	12.03	−9.77	−16.57
B76(P2)	110.28			−2.85	12.87	−13.67	−27.77	−2.77
H95(P3)	54.30				−4.45	17.61	−19.89	4.51
HCBSA(P4)	20.28					29.33	−3.67	−9.17
Mo17(P5)	−11.18						−4.11	−41.21
R98-13(P6)	−69.58							65.19
Ds1343(P7)	−129.68							

另一部份以核酸逢機增殖多型性測量遺傳歧異度之分析結果顯示，利用20個隨意序列之核酸引子於7個自交系間共計偵得了88個具多型性之環帶位置。如果核酸引子間具連鎖關係時，必須先將所偵得之多型性資料經加權處理後始可與其它未連鎖之核酸引子的資料合併以避免所估出之遺傳歧異度有偏差。本試驗針對由各核酸引子所估得 MRD 之排序，計算Kendall's coefficient of concordance 之結果爲 W=0.15272；T3=3.05438，由於 T3 小於31.41 ($X^2_{0.05}$) 接受 Ho 擬說，即各核酸引子所估得之遺傳歧異度並無一致性存在，顯示核酸引子間無連鎖關係，可直接將所偵得多型性的資料予以合併。而合併7個自交系於此88個環帶位置之記錄去估算 MRD 之結果顯示，7個自交系間之遺傳歧異度介於0.53～0.75之間。

本論文的主要目的爲探討利用核酸逢機增殖多型性所測得之遺傳歧異度，用來區分雜種優勢群及預測雜交種表現之可行性。就區分雜種優勢群之研究而言，以核酸逢機增殖多型性所估得之遺傳歧異度進行分群分析之結果列於圖1，以 B57 (P_1) 、B76 (P_2) 、H95 (P_3) 、Mo17 (P_5) 這四個可查得譜系背景的自交系而言，H95與 Mo17同屬於 LSC 雜種優勢群，譜系背景較接近，而B76屬於 BSSS 雜種優勢群，B57來自於 Midland 天然異花授粉族群，由表5發現群內2自交系 (H95, Mo17) 之 MRD 爲0.66，而群間自交系 (H95-B57, H95-B76, Mo17-B57, Mo17-B76) 之 MRD 分別爲 0.67、0.60、0.67、0.67，因此認爲無法藉由核酸逢機增殖多型性所估得之遺傳歧異度將已知雜種優勢群之群內與群間之自交系明顯區分開，此結果與前人利用 RFLP 所求得之結果不同[21,11,22,23,24,33,9]，推測可能原因爲所使用的核酸引子太少而無法將各自交系間的歧異度明顯地區分出來。

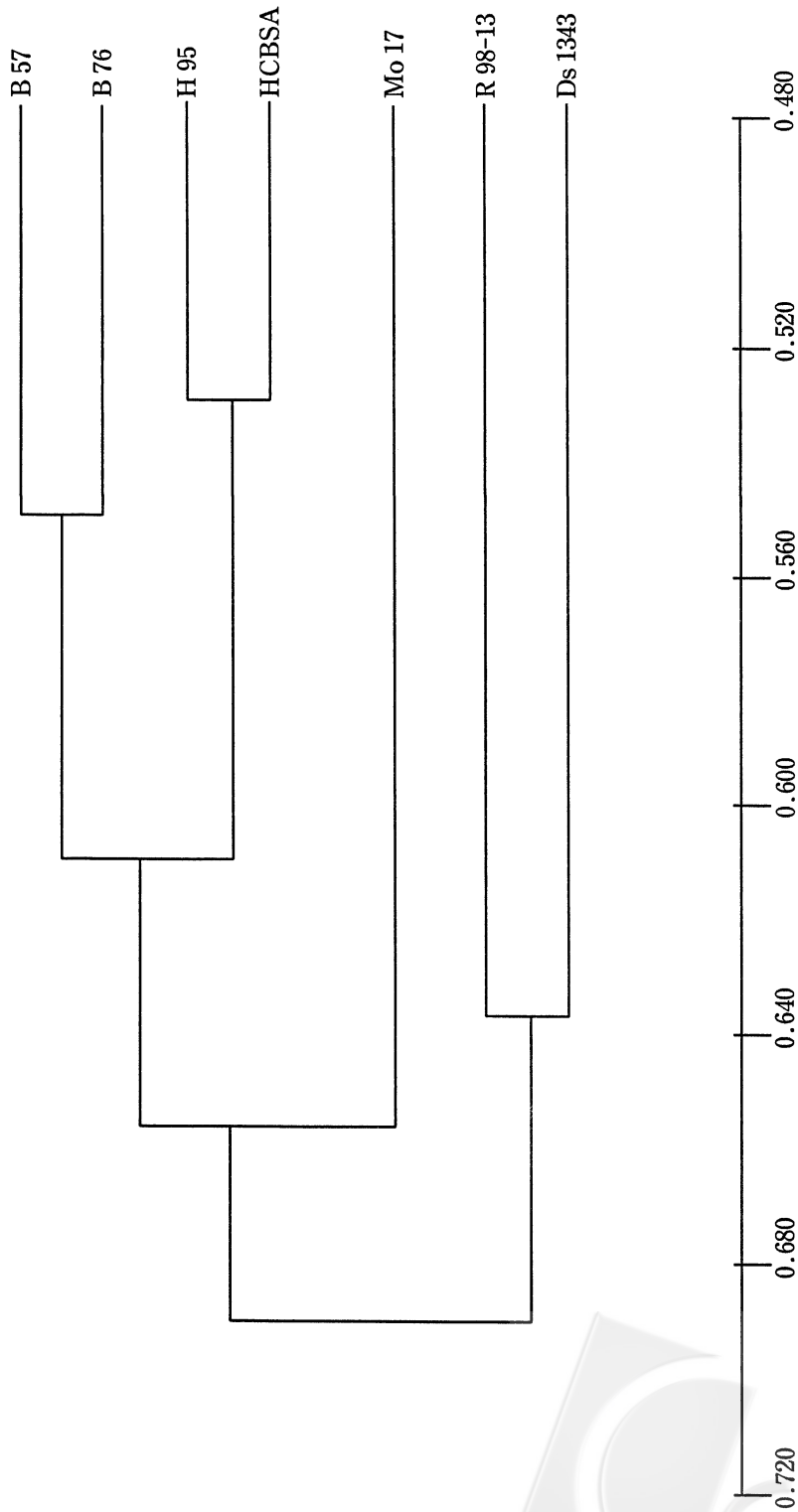

圖 1. 以核酸逢機增殖多型性所估得供試玉米之 Modified Roger's Distance 之分群分析

Fig. 1. The cluster analysis based on Modified Roger's Distance with RAPD for the 7×7 half-diallel of maize.

表 5. 供試玉米自交系間之 Modified Roger's Distance (MRD) 與排序
Table 5. The Modified Roger's Distance (MRD) and Rank for all pair-group lines for the 7×7 half-diallel of maize.

Pair-group	Primer (total)		Pair-group	Primer (total)	
	MRD	Rank		MRD	Rank
P1-P2	0.55	2.0	P3-P4	0.53	1.0
P1-P3	0.67	12.5	P3-P5	0.66	10.5
P1-P4	0.62	5.0	P3-P6	0.65	8.0
P1-P5	0.67	12.5	P3-P7	0.65	8.0
P1-P6	0.71	19.0	P4-P5	0.65	8.0
P1-P7	0.75	21.0	P4-P6	0.69	17.0
P2-P3	0.60	4.0	P4-P7	0.67	14.0
P2-P4	0.57	3.0	P5-P6	0.68	15.5
P2-P5	0.66	10.5	P5-P7	0.68	15.5
P2-P6	0.70	18.0	P6-P7	0.64	6.0
P2-P7	0.75	20.0			

而利用核酸逢機增殖多型性所測得之遺傳歧異度探討預測雜交種表現之可行性之研究結果顯示，以核酸逢機增殖多型性所估得之 MRD 與產量、特殊組合力進行Spearman 等級相關分析之結果分別爲－0.5746 (P＝0.0064) 及－0.4072 (P＝0.0668) ，顯示估得之 MRD 與產量、特殊組合力並未達到顯著相關。就所估得的 MRD 而言，其範圍介於0.53～0.75之間，而以 RELP 資料計算遺傳歧異之前人研究中，Lee *et al.* (1989) 與 Godshalk *et al.* (1990) 求得之 MRD 值範圍分別介於0.479～0.824與0.71～0.86間，Melchinger *et al.* (1990a, b) 以 Roger's Distance (Roger, 1972) 估算材料歧異度之變異範圍分別爲0.31～0.68與0.42～0.75，Smith *et al.* (1990) 以 Nei's Distance[28] 估算之結果爲0.1～0.8，爲了與前人研究結果比較，將本試驗資料以 Roger's Distance 計算之結果介於0.28～0.56，而以 Nei's Distance 計算之結果介於0.43～0.67，比較後發現本試驗所估得之遺傳歧異度變域較窄，推測此乃造成無顯著相關的原因之一，而造成變域太窄的原因是否由於7個自交系間之遺傳背景太窄所致？但就所查得之譜系背景 (表1) 來看，材料本身的遺傳背景並非相當窄，因此推測所使用的核酸引子無法將各自交系間的歧異明顯地區分出來可能是造成所估得之遺傳歧異度變域較窄的原因之一。再就田間表現的部份而言，由變方分析結果可知特殊組合力所估的比例太小〔MS (GCA) ／MS (SCA) ＝39.8〕，本試驗乃以特殊組合力作爲雜種優勢之估值，因此特殊組合力比例太小即表示雜種優勢比例很低，推測此亦爲造成無顯著相關的另一個原因，而種植當季當地的環境可能是使雜種優勢無法完全表現的原因之一，據林順福 (個人通訊，1992) 表示，當時栽培的一般反應均差，可能因此而抑制了雜種優勢的表現。除 MRD 變域太窄與特殊組合力比例太低爲造成無顯著相關的原因之外，由於核酸逢機增殖所得之 DNA 片段可能爲基因可表現的部份 (exon) 或不表現的部份 (intron) ，倘若偵得的歧異多爲基因不表現的部份，其所偵得的歧異便不足以有代表性，推測此亦爲造成無顯著相關的原因之一。此外，由於試驗所採之核酸引子係爲逢機選取之隨意序列，倘若所選取之核酸引子片段與影響產量表現之基因無相關，推測此亦爲造成無顯著相關的另一個可能原因。

綜合以上結果發現本試驗利用20個核酸引子於7個自交系間皆可偵得多型性，而以 RFLP偵測遺傳歧異時則有98～99%探針與限制酵素之組合可偵得多型性[21,22,23,24]，因此認爲RAPD 偵測遺傳變異的能力與 RFLP 相當。而實際上一個核酸引子所能偵得的多型性不止一個，再配合技術層面上 RAPD 之分析方式較 RFLP 省時、省工之優點而言，仍認爲 RAPD 爲偵測遺傳歧異的優良標幟。

但針對本次研究過程所遭遇的問題而言，建議日後在進行類似的研究時，首先應特別注意材料與評估環境的選擇，材料應選取遺傳背景較寬者爲佳，而產量之評估須以多季多地之資料合併爲佳。此外，進行核酸逢機增殖多型性分析所使用的核酸引子數應較多，以減少無法明顯區分出各自交系間歧異度與偵測區域多位於基因不表現區域之機率，至於須使用多少核酸引子所測得之遺傳歧異度才具代表性，尚待日後進一步的研究。

引用文獻

1. 李成章。1984。統計在遺傳育種上之應用四全互交分析在育種上之利用。科學農業。32 (1—2)：1—20。
2. 林順福。1985。玉米組合力與染色體轉座效應之研究。國立臺灣大學農藝學研究所碩士論文。
3. Brant, J. B., C. A. Gustaro, and M. G. Peter. 1991. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. Anal. Biochem. 196: 80—83.
4. Burr, B., F. A. Burr, K. H. Thompson, M. C. Albertson, and C. W. Stuber. 1988. Gene mapping with recombinant inbreds in maize. Genetics 118: 519—526.
5. Burr, B., S. V. Evola, F. A. Burr, and J. S. Beckman. 1983. The application of restriction fragment length polymorphisms to plant breeding. pp. 45—59. *In* J. K. Setlow and A. Hollaender(ed.) Genetic Enginering Principles and Methods. Vol. 5. Plenum Press, London.
6. Chugtai, S. R., and D. M. Steffensen. 1987. Heterochromatic knob composition of commercial inbred lines of maize. Maydica 32: 170—187.
7. Coe, E. H., M. G. Neuffer, and D. A. Hoisington. 1988. The genetics of corn. pp. 81—258. *In* C. F. Sprague and J. W. Dudley (ed.) Corn and Corn Improvement. 3rd ed. Agon. Monogr. 18. ASA, CSSA, and SSSA, Madison, WI.
8. Conover, W. J. 1980. Practical nonparametric statistics (2ed.). John Wiley & Sons Press.
9. Dudley, J. W., M. A. Saghai-Maroof, and G. K. Rufener. 1991. Molecular markers and grouping of parents in maize breeding programs. Crop Sci. 31: 718—723.
10. East, E. M. 1936. Heterosis. Genetics 21:375—397.
11. Godshalk, E. B., M. Lee, and K. R. Lamkey. 1990. Relationship of resrriction fragment length polymorphisms to single-cross hybrid performance of maize. Theor. Appl. Genet. 80: 273—280.
12. Gonella, J. A., and P. A. Peterson. 1978. Isozyme relatedness of inbred lines of maize and performance of their hybrids. Maydica 23:55—61.
13. Gowen, J. W. 1964. Heterosis. Hafner Pub.
14. Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci. 9: 463—493.
15. Hadjinov, M. I., V. S. Scherbak, N. I. Benko, V. P. Gusen, T. P. Sukhorzhevskaya, and L. P. Vorona. 1982. Interrelationships between isozymic diversity and combining ability in maize lines. Maydica 27: 135—149.
16. Hayes, H. K., and I. J. Johnson. 1939. The breeding of improved selfed lines of corn. J. Am. Soc. Agron. 31: 710—724.
17. Helentjaris, T., M. Slocum, S. Wright, A. Schaefer, and J. Nienhuis.1987. Construction of genetic linkage maps in maize and tomato using restriction fragment length polymorphisms. Theor. Appl. Genet. 72: 761—769.
18. Hunter, R. B., and L. W. Kanenberg. 1971. Isozyme characterization of corn (*Zea mays* L.) inbreds and its relationship to single-cross hybrid performance. Can. J. Genet. Cytol. 13: 649—655.
19. Johnson, I. J., and H. K. Hayes. 1940. The value in hybrid combinations of inbred lines of corn selected from single crosses by the pedigree method of breeding. J. Am. Soc. Agron. 32: 479—485.

20. Lamkey, K. R., A. R. Hallauer, and A. L. Kahler. 1987. Allelic differences at enzyme loci and hybrid performance in maize. J. Hered. 78: 231—234.

21. Lee, M., E. B. Godshalk, K. R. Lamkey, and W. W. Woodman. 1989. Association of restriction fragment length polymorphisms among maize inbreds with agronomic performance of their crosses. Crop Sci. 29: 1067—1071.

22. Melchinger, A. E., M. Lee, K. R. Lamkey, A. R. Hallauer, and W. L. Woofman. 1990a. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms and heterosis for two diallel sets of maize inbreds. Theor. Appl. Genet. 80: 488—496.

23. Melchinger, A. E., M. Lee, K. R. Lamkey, and W. L. Woodman. 1990b. Genetic diversity for restriction fragment length polymorphisms: relation to estimated genetic effects in maize inbreds. Crop Sci. 30:1033—1040.

24. Melchinger, A. E., M. M. Messmer, M. Lee, W. L. Woodman, and K. R. Lamkey. 1991. Diversity and relationships among U. S. maize inbreds revealed by restriction fragment length polymorphisms. Crop Sci.31: 669—678.

25. Moll, R. H., W. D. Hanson, and C. S. Levings. 1972. Associations between chromosome knobs of *Zea mays* L. and agronomic performance. Crop Sci. 12: 585—589.

26. Moll, R. H., J. H. Lonnquist, J. V. Fortuno, and E. C. Johnson. 1965. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. Genetics52: 139—144.

27. Moll, R. H., W. S. Salhuana, and H. F. Robinson. 1962. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. Crop Sci. 2: 197—198.

28. Nei, M., and W. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proc. Natl. Acad Sci. USA. 76: 5256—5273.

29. Paternaini, E., and J. H. Lonnquist. 1963. Heterosis in interracial crosses of corn (*Zea mays* L.). Crop Sci. 3: 504—507.

30. Price, S. C., A. L. Kahler, A. R. Hallauer, P. Chermley, and D. A. Giegel.1986. Relationship between performance and multilocus heterozygosity at enzymic loci in single-cross hybrids of maize. J. Hered. 77: 341—344.

31. Rogers, J. S. 1972. Measures of similarity and genetic distance Studies in Genetics. University of Texas Pub.

32. Rohlf, F. J. 1988. NTSYS-PC, numerical taxonmy system. Software of Applied Biostatistic Inc. Exeter Publ. Ltd.

33. Smith, O. S., J. S. C. Smith, S. L. Bowen, R. A. Tenborg, and S. J. Wall.1990. Similarities among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F1 grain yield, heterosis, and RELPS. Theor. Appl. Genet.80: 833—840.

34. Wellausen, E. J., and C. Prywer. 1954. Relationship between chromosome knob number and yield in corn. Agron. J. 46: 507-511.

35. Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski, and S. V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Res. 18 (22) : 6531—6535.

C.E.P.S.

Prediction of Heterosis with Genetic Diversity among Maize (*Zea mays* L.) Inbred Lines Revealed by Random Amplified Polymorphic DNA[1]

Shu Chen[2], Kae-Kang Hwu[3] and Cheng Chen[3]

Summary

To evaluate the potential of RAPD-based genetic diversity in predicting the performance of hybrids, the genetic diversity among maize inbred lines was dectected with random amplified polymorphism. Modified Roger's Distance (MRD) among seven maize inbred lines was between 0.53 and 0.75 based on 88 bands using 20 primers. There was no significant correlation between the RAPD-based genetic diversity and performance of hybrids. Cluster analysis based on MRD was not also consistent with known pedigree and heterotic group.

Key words: *Zea mays* L., Random Amplified Polymorphic DNA, Genetic Diversity, Heterosis.

1. Contribution No. 1845 from Taiwan Agricultural Research Institute.
2. Research Assistant, Crop Genetic Resources Laboratory, TARI. Wufeng, Taichung, Taiwan, ROC.
3. Respectively, Associate Professor and Professor, Department of Agronomy, National Taiwan University. Taipei, Taiwan, ROC.