

宁夏杂草稻的遗传多样性及其亲缘关系分析

李亚卉^{1,2,3}, 马 静², 吴 斌², 孙建昌², 王兴盛^{1,2}, 韩龙植³

(¹宁夏大学农学院, 银川 750021; ²宁夏农林科学院农作物研究所, 永宁 750105; ³中国农业科学院作物科学研究所/
国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程/农业部作物种质资源与生物技术重点开放实验室, 北京 100081)

摘要:以宁夏杂草稻、选育品种、地方品种共 143 份水稻种质为试验材料, 进行主要农艺性状的表型鉴定评价, 并利用 24 对 SSR 引物进行不同类型水稻种质的遗传多样性比较、遗传相似性和聚类分析。表型评价表明, 宁夏杂草稻表现为矮秆和早熟, 表型变异范围较大; 多数杂草稻种皮呈红色, 颖壳呈秆黄色, 均落粒。SSR 标记分析结果, 共检测到 141 个等位基因, 每个位点等位基因数目变异在 3~11 个, 平均为 5.8333 个; Nei's 基因多样性指数变幅为 0.2241~0.8065, 平均为 0.5219。杂草稻种质的等位基因数、有效等位基因数、Shannon 指数均高于选育品种和地方品种。在不同来源杂草稻群体中, 来自吴忠和永宁东河的杂草稻 Nei's 基因多样性指数最高, 分别为 0.4912 和 0.4814, 而来自青铜峡的杂草稻 Nei's 基因多样性指数最低, 为 0.2802。相似性分析表明, 杂草稻与地方品种高度相似, 相似系数高达 0.9585, 而杂草稻与选育品种的相似性较低, 其相似系数为 0.4584; 选育品种与地方品种的相似系数只有 0.3560。聚类分析表明, 参试材料分为 3 个类群, 其中选育品种单独聚类于第 I 类群, 其遗传背景明显区别于杂草稻和地方品种; 第 II 类包括大部分杂草稻和地方品种, 不同来源杂草稻及地方品种间分布比较均匀; 第 III 类是由小部分杂草稻和地方品种组成。宁夏杂草稻的分布没有明显的区域性, 宁夏杂草稻与地方品种高度融合且遗传相似性很高。

关键词: 宁夏; 杂草稻; SSR 标记; 遗传多样性; 亲缘关系

Analysis of Genetic Diversity and Genetic Relationship for the Weedy Rice in Ningxia Province

LI Ya-hui^{1,2,3}, MA Jing², WU Bin², SUN Jian-chang², WANG Xing-sheng^{1,2}, HAN Long-zhi³

(¹Agricultural Academy of Ningxia University, Yinchuan 750021; ²Institute of Crop Sciences, Ningxia Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Yongning 750105; ³Key Laboratory of Crop Germplasm Resources and Biotechnology, Ministry of Agriculture/National Key Facility for Crop Gene Resource and Genetic Improvement/Institute of Crop Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: The main agronomic traits of 143 accession of rice germplasm including the weedy rices, improved cultivars and rice landraces, which were from Ningxia province, were evaluated in Ningxia, and the genetic diversity, genetic similarity and cluster analysis of different rice germplasm were conducted using a total of 24 SSR markers distributed on 12 chromosomes. The results of phenotypic analysis showed that, Ningxia weedy rice was dwarf and early maturity, phenotypic variation range was large; pericarp was mostly red colored, glume color was straw yellow, all plants were prone to seed shattering. The results of SSR analysis showed that totally 141 alleles were detected, and the number of alleles per pair of primers ranged from 3 to 11 with a mean value of 5.8333. Nei's genetic diver-

收稿日期: 2015-03-18 修回日期: 2015-04-19 网络出版日期: 2015-12-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20151209.0922.038.html>

基金项目: 宁夏自然科学基金 (NZ13099); 宁夏农林科学院自主研发项目 (NKYJ-13-17); 宁夏育种专项; 国家科技支撑项目 (2013BAD01B0101-02, 2013BAD01B02-2); 作物种质资源保护项目 (2014NWB030-01); 国家农作物种质资源平台 (2014-001); 中国农业科学院科技创新工程项目

第一作者研究方向为水稻多样性分析。E-mail: 574921798@qq.com

通信作者: 孙建昌, 研究方向为水稻遗传育种。E-mail: nxsjch@163.com

王兴盛, 主要从事水稻育种工作。E-mail: wxs1954@163.com

韩龙植, 研究方向为水稻种质资源。E-mail: hanlongzhi@caas.cn

sity index (He) ranged from 0.2241 to 0.8065 with the average of 0.5219. The number of alleles (N_a), the effective number of alleles (N_e) and the Shannon polymorphism index (I) in weedy rice were higher than that in improved cultivars and landraces. In the different sources of weedy rice, Nei's gene diversity index (He) of weedy rice from Wuzhong and Yongningdonghe were the highest with the value of 0.4912 and 0.4814, while that of weedy rice from Qingtongxia was minimum with the value of 0.2802. Similarity analysis showed that weedy rice is high similar with local varieties, the similarity coefficient was as high as 0.9585, while the similarity of improved varieties and weedy rice was the lower, the similarity coefficient was 0.4584; the similarity coefficient of landrace and improved cultivars was only 0.3560. The cluster analysis showed that the tested materials were cluster into three categories. Improved cultivars were fallen into category I, its genetic background was significantly different from that of weedy rice and landraces; and most weedy rice and landraces were fallen into category II, different sources of weedy rice and landraces were more evenly distributed, category III was composed of a small part of weedy rice and landraces. Distribution of weedy rice in Ningxia was no obviously regional, and weedy rice and landraces are integrated highly and high genetic similarity.

Key words: Ningxia; weedy rice; SSR marker; genetic diversity; genetic relationship

杂草稻是一种在水稻田作为杂草类型伴随栽培稻不断滋生并自然延续危害水稻生产的兼有野生稻和栽培稻特性的水稻类型。近年来,随着直播轻简栽培技术的推广,杂草稻发生越来越重,严重影响水稻产量和质量,威胁着我国水稻生产和粮食安全。据调查,我国黑龙江、吉林、辽宁、江苏、上海、浙江、江西、广东、海南、四川、新疆和宁夏等 25 个省(自治区、直辖市)均有不同程度的杂草稻危害发生,其中以东北、华东、西北和华南为 4 个杂草稻发生危害中心,尤以辽宁、宁夏、江苏中南部以及广东湛江地区发生危害严重^[1]。

宁夏大米自古以来以“珍珠米”闻名于区内外,作为优势特色作物的水稻也是宁夏稻区农民增收的重要途径之一。然而,杂草稻正在对水稻产量、品质造成较大的危害。随着近年来水稻直播面积的增加,杂草稻的发生面积和危害程度逐年呈现增加或加重的趋势。据张生忠等^[2]调查,2010 年吴忠市水稻产区插秧稻杂草稻病田率为 89.2%,直播稻杂草稻病田率为 98.7%。2012 年调查贺兰县一农户收获稻谷中的杂草稻粒率达 21.7%,如果考虑自然落粒和机械收获撞击落粒将会更高。2013 年调查平罗县小店子村一农户直播稻田杂草稻株侵染为 4.2 株/ m^2 ,杂草稻穗为 26.7 穗/ m^2 。2014 年调查平罗县通伏一块常年直播稻田杂草稻侵染率高达 30% 以上。杨庆等^[3]研究指出,当栽培稻田中杂草稻的密度为 9、7、5、3、1 株/ m^2 时,水稻分别减产 44.65%、36.89%、24.67%、17.58% 和 1.37%,其中使水稻显著减产的杂草稻最低密度为 3 株/ m^2 。可见,杂草稻的危害不容忽视。同时,杂草稻也表

现出早熟、耐旱、耐盐碱等优良特性,有待发掘与利用。因此,开展宁夏杂草稻的遗传多样性及亲缘关系研究对杂草稻的有效防治和有效利用有重要意义。

SSR (simple sequence repeat) 标记具有多态性高、呈共显性、操作简便、稳定可靠、重复性好等优点,现已成为水稻遗传多样性研究中最常用的一种分子标记方法^[4,6]。本研究以宁夏杂草稻、地方品种和选育品种为试验材料,利用 SSR 分子标记,进行杂草稻与地方品种和选育品种的遗传多样性比较以及它们之间亲缘关系分析,旨在为水稻生产中的杂草稻防治及在育种中杂草稻的有效利用提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 材料

以 143 份水稻种质为参试材料(表 1),其中杂草稻 104 份,其来源覆盖了宁夏水稻种植区的 9 个市(县),按来源且兼顾地理条件及种植方式,将杂草稻分为 9 个类别;宁夏水稻选育品种 25 份,主要包括 20 世纪 80 年代以来宁夏育种工作者杂交选育的推广品种;宁夏水稻地方品种 14 份,来源于国家农作物种质资源平台国家水稻中期库。

1.2 试验方法

2014 年 4 月在宁夏农林科学院农作物研究所试验基地播种,5 月单本插秧,行距 30 cm,株距 15 cm。调查性状包括株高、穗数、穗长、千粒重、生育天数、种皮色、芒长、颖壳色、落粒性等性状;每份材料调查 10 株,以其平均值作为统计单元。

表 1 本研究所用试验材料

Table 1 Experiment materials used in the study

种质名称 Accession name	种质类别 Biological status of accession	审定年份 Releasing year	育成单位 Breeding institute	种质名称 Accession name	种质类别 Biological status of accession	审定年份 Releasing year	育成单位 Breeding institute
宁粳 3 号	选育品种	1979	宁夏农科院作物所	宁粳 34 号	选育品种	2005	宁夏农科院作物所
宁粳 7 号	选育品种	1986	宁夏农学院	宁粳 36 号	选育品种	2006	宁夏大学农学院
宁粳 9 号	选育品种	1988	宁夏农科院作物所	宁粳 38 号	选育品种	2006	宁夏农科院作物所
宁粳 12 号	选育品种	1990	宁夏农科院作物所	宁粳 39 号	选育品种	2006	宁夏永宁县种子分公司
宁粳 16 号	选育品种	1995	宁夏农科院作物所	宁粳 41 号	选育品种	2007	宁夏农科院作物所
宁粳 19 号	选育品种	1998	宁夏农科院作物所	宁粳 43 号	选育品种	2009	宁夏农科院作物所
宁粳 24 号	选育品种	2002	宁夏农科院作物所	宁粳 44 号	选育品种	2010	宁夏农科院作物所
宁粳 27 号	选育品种	2002	吉林省农科院水稻研究所	宁粳 45 号	选育品种	2012	宁夏农科院作物所
宁粳 28 号	选育品种	2003	宁夏农科院作物所	京引 39 号	选育品种	70 年代	日本
宁粳 29 号	选育品种	2003	宁夏农科院作物所	秋光	选育品种	1984	日本
宁粳 31 号	选育品种	2003	黑龙江五常农科所	宁稻 216 号	选育品种	1998	宁夏农科院作物所
宁粳 33 号	选育品种	2005	宁夏农科院作物所	吉粳 105 号	选育品种	2007	吉林农科院水稻所
小红板稻	地方品种	50-60 年代	宁夏	2007-218	选育品种	2013	宁夏农科院作物所
小骠板稻	地方品种	50-60 年代	宁夏	白皮小稻	地方品种	50-60 年代	宁夏
黑芒稻	地方品种	50-60 年代	宁夏	叶盛白皮大稻	地方品种	50-60 年代	宁夏
有芒小骠板稻	地方品种	50-60 年代	宁夏	大白芒稻	地方品种	50-60 年代	宁夏
小白板稻	地方品种	50-60 年代	宁夏	养和白皮大稻	地方品种	50-60 年代	宁夏
有芒大骠板稻	地方品种	50-60 年代	宁夏	小糯稻	地方品种	50-60 年代	宁夏
大骠板稻	地方品种	50-60 年代	宁夏	土稻子	地方品种	50-60 年代	宁夏
土稻子-1	地方品种	50-60 年代	宁夏				
来源地 Source	种质类别 Biological status of accession	采集年份 The collected year	份数 Amount	来源地 Source	种质类别 Biological status of accession	采集年份 The collected year	份数 Amount
贺兰平罗	杂草稻	2012	13	永宁东河	杂草稻	2012	14
灵武	杂草稻	2012	11	永宁惠丰	杂草稻	2012	12
青铜峡	杂草稻	2012	14	宁夏农科院作物所	杂草稻	2012	15
吴忠	杂草稻	2012	8	中宁中卫	杂草稻	2012	9
银川郊区	杂草稻	2012	8				

1.3 DNA 提取及 SSR 标记分析

在水稻分蘖盛期取参试材料的叶片,按 K. Edwards 等^[7]且稍有改进的 CTAB 法提取 DNA,并进行 DNA 的纯化。参考马静等^[8]和杨玉蓉等^[9]已发表的论文,挑选多态性较高的引物并利用随机抽取的 25 份材料进行多态性试验,从中选择 24 对多态性较高、条带相对清晰、分布于水稻 12 条染色体的 SSR 引物,用于参试材料的 SSR 标记分析。PCR 反应体系为 10 μL:20 ng/μL DNA 1.0 μL,10 × PCR Buffer (含 Mg²⁺) 1.0 μL,2.5 mmol/L dNTP 0.75 μL,5 U/μL Taq 酶 0.25 μL,2 μmol/L SSR 引物 1.0 μL,ddH₂O 6.0 μL。扩增程序为 94℃ 预变性

5 min,94℃ 变性 30 s,55 ~ 60℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s,共 37 个循环,72℃ 延伸 7 min,待温度降至 10℃ 后,取出放入 4℃ 冰箱备用。采用 6% 的聚丙烯酰胺变性凝胶电泳及银染法检测^[10]。

1.4 数据分析

每 1 对 SSR 引物检测 1 个位点,每 1 条多态性带代表 1 个等位基因。SSR 数据应用 POPGENE32 统计软件^[11]计算等位基因数(*Na*)、有效等位基因数(*Ne*)、Nei's 基因多样性指数(*He*)和 Shannon 信息指数(*I*),采用 SAS9.0 对 *Na*、*Ne*、*He*、*I* 进行各群组间显著性检验。利用 PowerMarker Version3.25 软件进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 宁夏杂草稻与水稻选育品种和地方品种的主要农艺性状比较

对宁夏杂草稻与水稻选育品种和地方品种的主要农艺性状进行比较表明,杂草稻的株高小于选育品种和地方品种,但变异系数最大;杂草

稻的穗数和穗长均小于选育品种和地方品种,而变异系数高于地方品种,略小于选育品种;杂草稻的千粒重大于选育品种而小于地方品种,但变异系数最大;杂草稻的生育天数小于选育品种,而大于地方品种,但变异系数最大。总体来看,宁夏杂草稻表现为矮秆和早熟,表型变异范围较大(表2)。

表2 宁夏杂草稻与其他水稻种质的主要农艺性状比较

Table 2 Comparison of some agronomic traits among weedy rice and other japonica rice germplasms of Ningxia

种质类型 Biological status of accession	株高 (cm)		穗数		穗长 (cm)		千粒重 (g)		生育天数 (d)	
	Plant height		No. of panicle		Panicle length		1000-grain weight		Growth duration	
	平均值 ± 标准差	变异系数 (%)	平均值 ± 标准差	变异系数 (%)	平均值 ± 标准差	变异系数 (%)	平均值 ± 标准差	变异系数 (%)	平均值 ± 标准差	变异系数 (%)
	M ± SD	CV	M ± SD	CV	M ± SD	CV	M ± SD	CV	M ± SD	CV
杂草稻	92.75 ± 9.63	10.38	11.38 ± 2.87	25.24	16.81 ± 1.62	9.63	27.75 ± 2.94	10.39	125.50 ± 6.60	5.30
选育品种	102.46 ± 7.19	7.02	13.14 ± 3.52	26.81	18.57 ± 1.83	9.88	26.80 ± 2.30	8.58	149.90 ± 3.84	2.57
地方品种	109.16 ± 11.29	10.34	18.35 ± 3.54	19.27	18.00 ± 0.78	4.33	28.36 ± 2.01	7.08	109.36 ± 3.27	2.99

对质量性状的调查结果表明,杂草稻种皮色多为红色,少量材料种皮呈白色;多数材料无芒,颖壳色以秆黄色为主,有少量呈黄褐色;均落粒。选育品种种皮色均呈白色,无芒,颖壳色为秆黄色,不落粒。地方品种的种皮色呈红色或白色,大多数无芒,颖壳色呈秆黄色或黄褐色,所有材料均落粒。

2.2 SSR 多态性分析

利用 24 对 SSR 引物对 143 份水稻种质进行多

态性分析,结果列于表3。共检测到 141 个等位基因,各材料间不同位点等位基因数目不等,变异在 3~11 个之间,平均为 5.8333 个。多数引物检测到的等位基因数变异在 4~8 之间,其中 RM241、RM336、RM72 和 RM335 的等位基因数较多,分别为 9、9、10 和 11 个。有效等位基因数变异在 1.2888~5.1676 之间,平均为 2.4456 个,其中 RM241 的有效等位基因数最高,其次是 RM336,为 4.3763。

表3 143 份宁夏水稻种质 SSR 标记遗传多样性分析结果

Table 3 Genetic diversity at the SSR loci in 143 japonica rice germplasms of Ningxia

位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基 因数 <i>N_a</i>	有效等位 基因数 <i>N_e</i>	Shannon 指数 <i>I</i>	Nei's 基因 多样性指数 <i>H_e</i>	位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基 因数 <i>N_a</i>	有效等位 基因数 <i>N_e</i>	Shannon 指数 <i>I</i>	Nei's 基因 多样性指数 <i>H_e</i>
RM488	1	6	1.2888	0.5239	0.2241	RM418	7	3	1.5296	0.6324	0.3462
RM1195	1	6	3.1553	1.2804	0.6831	RM72	8	10	3.5796	1.5758	0.7206
RM213	2	4	1.8051	0.8069	0.4460	RM404	8	3	1.7482	0.7327	0.4280
RM530	2	8	2.9402	1.4268	0.6599	RM219	9	7	3.2234	1.4142	0.6898
RM7	3	4	1.8009	0.780	0.4447	RM160	9	4	2.7273	1.1763	0.6333
RM231	3	4	1.3795	0.589	0.2751	RM228	10	7	3.2495	1.2769	0.6923
RM335	4	11	2.8893	1.4081	0.6539	RM239	10	3	1.6405	0.6261	0.3904
RM241	4	9	5.1676	1.8365	0.8065	RM21	11	7	2.2705	1.1669	0.5596
RM249	5	8	3.7949	1.5932	0.7365	RM536	11	3	1.4895	0.5551	0.3286
RM574	5	4	2.0255	0.8912	0.5063	RM270	12	4	1.3416	0.5166	0.2546
RM253	6	6	1.8446	0.9604	0.4579	RM17	12	4	1.9063	0.7656	0.4754
RM589	6	7	1.5199	0.6848	0.3421	平均		5.8333	2.4456	1.0382	0.5219
RM336	7	9	4.3763	1.6974	0.7715	Mean					

Nei's 基因多样性指数变幅为 0.2241 ~ 0.8065, 平均为 0.5219, 其中 RM241 (0.8065)、RM336 (0.7715)、RM249 (0.7365)、RM72 (0.7206) 的 Nei's 基因多样性指数较高,均在 0.7 以上。Shannon 指数变异在 0.5166 ~ 1.8365 之间,平均为 1.0382,各位点大小顺序和 Nei's 基因多样性指数基本相同。

2.3 杂草稻与水稻选育品种和地方品种的 SSR 标记多样性比较

对杂草稻、选育品种和地方品种的 SSR 标记进行多样性分析(表 4)。杂草稻中检测到的等位基因数最多,为 141 个,其次为选育品种,为 78 个,地方品

种检测到的等位基因数最少,为 58 个。平均有效等位基因数也是杂草稻最多,为 2.1942;其次是选育品种,为 2.0845,地方品种的有效等位基因数最少,为 1.5791。杂草稻的 Shannon 指数(*I*)最高,为 0.8969,其次是选育品种,为 0.8186,地方品种的 *I* 值最低,为 0.4981。而 Nei's 基因多样性指数(*He*)来看,选育品种的 *He* 最高为 0.4647,其次是杂草稻为 0.4402,地方品种的 *He* 值最低为 0.2827。对 3 个种质类型的 *I* 和 *He* 值分别进行新复极差法^[12]多重比较显示,杂草稻与选育品种之间的差异均不显著,而杂草稻和选育品种与地方品种之间的差异均有统计学意义。

表 4 不同类型宁夏水稻种质的 SSR 遗传多样性比较

Table 4 Comparison of genetic diversity of SSR loci among the different type of rice germplasm from Ningxia

种质类型	样本数	等位基因数	有效等位基因数	Shannon 指数	Nei's 基因多样性指数
Biological status of accession	No. of sample	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>I</i>	<i>He</i>
杂草稻	104	141	2.1942	0.8969a	0.4402a
选育品种	25	78	2.0845	0.8186a	0.4647a
地方品种	14	58	1.5791	0.4981b	0.2827b

小写字母代表 0.05 水平显著性,下同

Normal letters mean significant difference at 0.05 level. The same as below

2.4 不同来源杂草稻遗传多样性比较

利用 24 对引物对 9 个类群的杂草稻进行遗传多样性分析,如表 5。9 个类群中,宁夏农林科学院农作物研究所的杂草稻检测到的总等位基因数最多,为 81 个,平均 3.3750 个;永宁东河的杂草稻次之,为 79 个,平均 3.2917 个;中宁中卫的杂草稻和银川郊区的杂草稻最少,为 55 个,平均 2.2917 个。各群体间等位基因数差异表现为极显著($P=0.0068$)。新复

极差法^[12]多重比较表明,在 $P<0.05$ 显著水平上,吴忠杂草稻的 Nei's 基因多样性指数最高,平均为 0.4912;永宁东河杂草稻次之,平均为 0.4814;青铜峡杂草稻最低,平均为 0.2802。其中,Nei's 基因多样性指数表现为吴忠杂草稻与银川杂草稻、中宁中卫杂草稻和青铜峡杂草稻表现为显著差异,永宁东河杂草稻与中宁中卫杂草稻、青铜峡杂草稻表现为显著差异,其他类群间差异均不显著。

表 5 不同来源杂草稻品种多样性分析

Table 5 Genetic diversity of weedy rice from different regions of Ningxia

组群	样本数	等位基因数	有效等位基因数	Shannon 指数	Nei's 基因多样性指数
Groups	No. of sample	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>I</i>	<i>He</i>
贺兰平罗	13	70	2.9167	0.6844	0.3781abc
灵武	11	64	2.6667	0.7083	0.4063abc
青铜峡	14	59	2.4583	0.5172	0.2802c
吴忠	8	76	3.1667	0.8792	0.4912a
银川郊区	8	55	2.2917	0.5578	0.3320bc
永宁东河	14	79	3.2917	0.8564	0.4814ab
永宁惠丰	12	67	2.7917	0.6701	0.3809abc
作物所	15	81	3.375	0.8002	0.4263abc
中宁中卫	9	55	2.2917	0.5245	0.2984c

2.5 杂草稻与水稻选育品种、地方品种的遗传相似性及聚类分析

通过 POPGENE 软件计算宁夏杂草稻与选育品

种和地方品种间的相似系数表明,杂草稻与选育品种的相似系数为 0.4584,而与地方品种的相似系数为 0.9585,选育品种与地方品种的相似系数为

0.3560。可见,宁夏杂草稻与地方品种的遗传相似性非常高,而选育品种与杂草稻的相似性高于选育品种与地方品种的相似性。

利用 PowerMarker Version3.25 软件进行聚类分析,得到 104 份杂草稻与 25 份选育品种和 14 份地方品种的树状聚类图(图 1)。从聚类图可见,143 份不同类型水稻种质可分为 3 个类群。第 I 类中共包含 29 个种质,除 4 个种质外,其余种质均为选育品种,选育品种几乎单独聚为一类;第 II 类包含了 9 个类群的 81 个杂草稻和 13 个地方品种,且各类群的杂草稻和地方品种之间相互穿插,呈均匀分布状,多数杂草稻和地方品种聚于此类;第 III 类介于第 I 类与第 II 类之间,包含 1 个地方品种和来源于 7 个地区的杂草稻 19 个。以上可见,宁夏选育品种的遗传背景明显区别于杂草稻和地方品种,遗传距离较远;杂草稻与地方品种的遗传背景较相似。另外,从不同来源杂草稻的聚类分布来看,没有明显的地域性分布。对 3 个类群水稻种质的相似性分析表明,

第 I 类与第 II 类的相似系数较小,为 0.3165,第 I 类与第 III 类的相似系数为 0.5349,第 II 类与第 III 类的相似系数为 0.7957,表明第 III 类为第 I 类和 II 类的中间类型,但与第 II 类的相似性更高。

3 讨论

3.1 不同类型水稻种质遗传多样性比较

杂草稻是具有野生特性的水稻,它的生长环境相对恶劣。为了在不同的环境条件下竞争生存下来,一般在自然演变中形成顽强的生存能力和较丰富的遗传多样性。水稻地方品种是在当地自然或栽培条件下,经长期自然或人为选择形成的古老品种,一般多为混合群体,遗传背景复杂,蕴含丰富的基因和较高的遗传多样性,也是发掘优异基因的重要来源之一^[13]。水稻选育品种是为了某些特定的性状而人为选择繁衍的现代品种,其遗传背景相对趋于单一化,人为的选择会导致遗传信息的丢失和遗传多样性的降低^[14-18]。对上述 3 种类型水稻种质的表型性状鉴定发现,杂草稻的表型变异类型丰富,植株较矮,分蘖能力较强,种皮多呈红色、无芒、落粒,多样性较高,部分表型性状介于选育品种和地方品种之间。Q. J. Cao 等^[19]研究表明,我国东北地区杂草稻遗传多样性指数为 0.572;马殿荣等^[20]对辽宁杂草稻的 SSR 标记分析结果表明,其多样性指数为 0.762。郝伟等^[21]对东北三省水稻遗传多样性研究表明,其 SSR 标记遗传多样性指数为 0.4935,低于 Q. J. Cao 等^[19]和马殿荣等^[20]研究的杂草稻 SSR 标记多样性指数。本研究表明,杂草稻的 Nei's 基因多样性指数为 0.4402,略小于选育品种(0.4647),但两者没有显著差异;地方品种的 Nei's 基因多样性指数为 0.2827,显著低于杂草稻和选育品种,说明宁夏杂草稻与选育品种的遗传多样性相似,这可能与宁夏稻区生态类型单一及杂草稻的演化有关。据笔者观察,在采集的杂草稻中存在杂合的杂草稻株,经人工种植分离出落粒和不落粒单株,表明杂草稻与选育品种间可能存在着自然杂交和基因交流,两者为协同演化的关系。宁夏水稻地方品种资源匮乏,征集入国家种质库的只有 18 份品种遗传背景单一,自 20 世纪 70 年代末开始,积极从东北、日本等地引进地方品种和选育品种进行直接或间接利用,才得以拓宽了宁夏水稻品种的遗传基础,使得栽培稻的遗传多样性得到了较大的提高。

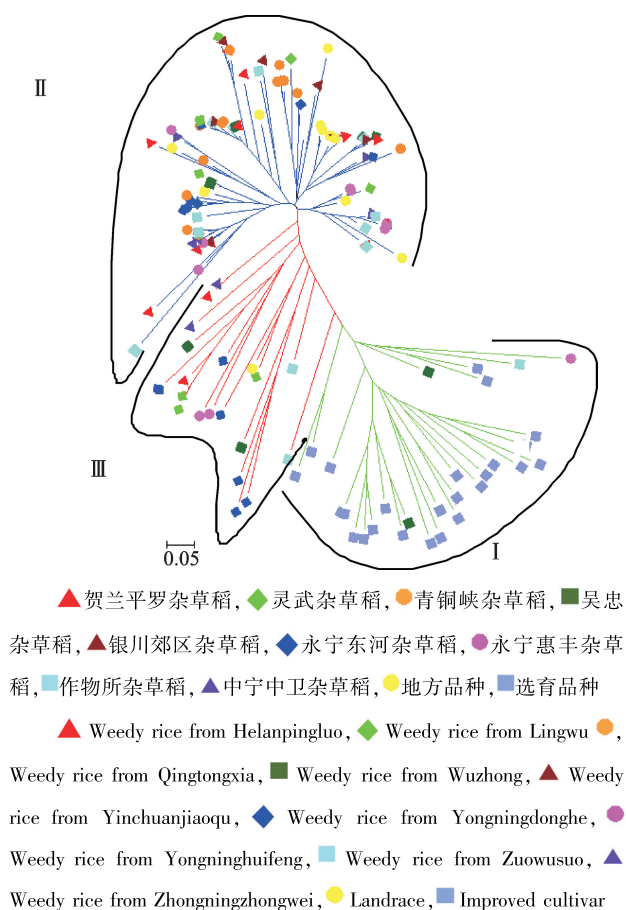


图 1 基于遗传相似系数的宁夏杂草稻、选育品种和地方品种的聚类分析

Fig. 1 Dendrogram of weedy rices and improved cultivars and landraces using SSR genetic coefficient

3.2 不同来源杂草稻遗传多样性比较

本研究对不同来源的 9 个组群宁夏杂草稻的 SSR 标记分析表明,大多数杂草稻组群间的遗传多样性差异呈不显著,表明宁夏各地杂草稻没有明显的区域分化现象。这可能正如一个中早熟水稻品种基本可以在宁夏任何地方种植,宁夏水稻种植区气候类型单一,而以水稻田为生存条件的杂草稻没有区域性分化的生态条件。本研究表明,吴忠杂草稻(0.4912)、永宁东河杂草稻(0.4814)、宁夏农科院作物所杂草稻(0.4263)、灵武杂草稻(0.4063)的 Nei's 基因多样性指数较高,均在 0.4 以上。宁夏吴忠、永宁和灵武是宁夏水稻品种繁种的主要地区,由于水稻品种繁殖调运频繁和对种子的监管措施不到位,水稻种子中经常含有杂草稻种子,这可能是导致该类区域的杂草稻多样性较高的原因之一。同时,杂草稻的多样性可能与种植方式有密切相关,一般插秧稻田杂草稻危害比直播稻田轻,如青铜峡和中宁中卫主要以插秧稻为主,而该地区收集的杂草稻遗传多样性较低。

3.3 宁夏杂草稻与水稻选育品种和地方品种的亲缘关系

本研究对宁夏 3 种类型水稻种质进行相似性分析表明,杂草稻与地方品种高度相似,相似系数高达 0.9585;而杂草稻与选育品种的相似性较低,相似系数只有 0.4584,但杂草稻与选育品种间的相似性高于选育品种与地方品种间的相似性(0.3560)。另外,从表型性状也可见,宁夏杂草稻与地方品种较为相似。由此可认为,杂草稻的遗传基础介于地方品种与选育品种之间,属中间类型。聚类分析表明,选育品种单独聚类于第 I 类群,其遗传背景明显区别于杂草稻和地方品种,而杂草稻和地方品种混合聚类于第 II 类群和第 III 类群,其两个类型种质穿插分布,分布均匀,其遗传背景较相似,这与相似性分析结果相吻合。从聚类图中还可见,在第 II 类群中,宁夏杂草稻不同来源群体之间没有明显的界限,分布均匀,宁夏杂草稻的分布无明显的区域性。可见,宁夏杂草稻与地方品种之间的亲缘关系很近,杂草稻的来源可能与地方品种有密切相关。对 3 个类群的相似性分析表明,第 III 类群的杂草稻是介于第 I 类群的选育品种和第 II 类群的杂草稻和地方品种之间,但与第 II 类群的相似性更高,如一个过渡群体,这些杂草稻的来源可能是地方品种与选育品种发生异交产生的中间类型。

前人研究指出,杂草稻的来源主要有 3 种可能。

(1)栽培稻个体间杂交,发生基因重组或回复突变等而产生野生性状,即返祖遗传;(2)野生稻与栽培稻种间杂交产生的后代;(3)栽培稻祖先靠种子繁衍、异交和伴生遗留下来^[22-25]。回顾宁夏水稻品种的育种历程,20 世纪 60 年代之前主要以地方品种为主,60 年代后引进了公交系列水稻品种代替了地方品种,60—70 年代主要以引进的吉林、日本等矮秆品种为主,70 年代后才开始自主选育,且主要以此期引进或种植的品种为育种材料。经查看系谱,宁夏选育品种基本不含地方品种的血缘,说明宁夏地方品种与选育品种的亲缘关系较远。根据杂草稻与选育品种间的遗传相似性判断,宁夏杂草稻来源于选育品种的返祖遗传可能性较小,同时宁夏没有野生稻,可认为宁夏杂草稻的演化与野生稻没有关系。考虑到杂草稻和选育品种无生殖隔离,可以正常杂交结实,且杂草稻与选育品种的相似性高于地方品种与选育品种的相似性,且在聚类图中杂草稻和地方品种高度穿插均匀分布和融合;况且,直播栽培在宁夏各大国营农场一直沿用至今,而直播栽培更利于杂草稻的繁衍,因此可以初步认为宁夏杂草稻可能是地方品种靠种子繁衍、异交和伴生而来,但这尚有待于更深入的研究。宁夏水稻与我国其他稻区,尤其是与我国东北稻区之间的品种交流较频繁,今后应通过宁夏杂草稻与东北水稻和杂草稻以及与籼稻和野生稻等的亲缘关系研究,更深入探讨宁夏杂草稻的遗传演化机制。

参考文献

- [1] 梁帝允,强胜.我国杂草稻危害现状及其防控对策[J].中国植保导刊,2011,31(3):21-24
- [2] 张生忠,赵学智,马毅.吴忠市灌区杂草稻发生特点及防治技术[J].农业科学研究,2011,4(32):48-50
- [3] 杨庆,马殿荣,宋冬明,等.不同密度杂草稻对栽培稻群体形态特征及产量的影响[J].北方水稻,2008,38(5):28-31
- [4] Me Couch S R, Chen X, Panaud O, et al. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding[J]. Plant Mol Biol, 1997, 35: 89-99
- [5] Tenmykh S, Park W D, Ayres N, et al. Mapping and genome organization of microsatellite sequence in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2000, 100: 697-712
- [6] Li C, Zhang Y, Ying K, et al. Sequence variations of sequence repeats on chromosome-4 in two subspecies of Asian cultivated rice [J]. Theor Appl Genet, 2004, 108: 392-400
- [7] Edwards K, Johnstone C, Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis [J]. Nucl Acid Res, 1991, 19(6): 1349
- [8] 马静,孙建昌,王兴盛,等.宁夏水稻选育品种遗传多样性和亲缘关系分析[J].西北植物学报,2011,31(5):861-867
- [9] 杨玉蓉,孙建昌,王兴盛,等.宁夏不同年代水稻品种的遗传多样性比较[J].植物遗传资源学报,2014,15(3):44-52

(下转 44 页)