

利用产量位点标记分析中国水稻骨干恢复系与 南亚及东南亚恢复系的遗传多样性

曹应江¹, 游书梅¹, 蒋开锋^{1,2}, 张涛^{1,2}, 杨莉^{1,2}, 杨乾华¹, 郭小蛟¹,
秦俭¹, 万先齐¹, 罗婧¹, 李昭祥¹, 高磊¹, 郑家奎^{1,2}

(¹四川省农业科学院水稻高粱研究所/农业部西南水稻生物学与遗传育种重点实验室, 德阳 618000;

²国家水稻改良中心泸州分中心, 四川泸州 646100)

摘要: 利用 47 个根据已报道的 QTL 位点或者已被精细定位或克隆的与水稻产量性状基因紧密连锁的产量位点标记, 对来自中国、印度和越南等国的 58 份水稻恢复系进行遗传多样性分析。结果表明: (1) 在中国恢复系中, 47 个产量位点标记中有 36 个具有多态性, 共检测到 90 个等位基因, 每个标记检测到等位基因 2~4 个, 平均为 2.500 个; 有效等位基因共 62.905 个, 平均每个标记 1.747 个; 36 个有效标记的 Shannon 信息指数平均值为 0.632, 变幅为 0.271~1.266。 (2) 在来自国外的材料中, 47 个产量位点标记均具有多态性, 共检测到 131 个等位基因, 每个标记检测到的等位基因数为 2~6 个, 平均 2.787 个; 有效等位基因共 82.686 个, 平均 1.759 个; 47 个标记的 Shannon 信息指数平均值为 0.649, 变幅为 0.109~1.110。 (3) 聚类分析显示, 在遗传相似系数为 0.73 水平上, 参试资源聚为三大类群, 中国资源多聚在第 I 类群下的第 1、2、3 亚群, 越南资源多聚在第 I-4 亚群, 孟加拉资源多聚在第 III-3 亚群。由此表明, 中国资源遗传基础较为狭窄, 而其他国家的恢复系具有较远的亲缘关系。

关键词: 水稻; 产量位点标记; 恢复系; 南亚及东南亚资源; 遗传多样性

Genetic Diversity Analysis of Core Rice Restorer Lines of China and South Asia and Southeast Asia Based on Yield Loci Related Markers

CAO Ying-jiang¹, YOU Shu-mei¹, JIANG Kai-feng^{1,2}, ZHANG Tao^{1,2}, YANG Li^{1,2}, YANG Qian-hua¹,
GUO Xiao-jiao¹, QIN Jian¹, WAN Xian-qi¹, LUO Jing¹, LI Zhao-xiang¹, GAO Lei¹, ZHENG Jia-kui^{1,2}

(¹Institute of Rice and Sorghum, Sichuan Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Southwest Rice Biology and Genetic Breeding, Ministry of Agriculture, Deyang 618000; ²Luzhou Branch of National Rice Improvement Center, Luzhou Sichuan 646100)

Abstract: The objective of this study is to analyze the genetic diversity of 58 varieties of rice restorer lines based on yield loci related markers. 47 yield loci related markers were used to scan 58 varieties from China and south and southeast Asia. The result showed: (1) In restorer lines from China, 36 yield loci related markers showed polymorphism, and 90 alleles were detected with an average of 2.500 alleles per marker (62.905 effective alleles with an average of 1.747 alleles per marker), and the average of Shannon information index was 0.632, ranged from 0.271-1.266. (2) In restorer lines from another countries, all of the 47 yield loci related markers showed polymorphism, and totally 131 alleles were detected with an average of 2.787 alleles per marker (82.686 effective alleles with an average of 1.759 alleles per marker), and the average of Shannon information index was 0.649, ranged from 0.109-1.110. (3) Cluster analysis showed that the 58 varieties could be clustered into three categories on the level of 0.73 genetic similarity coefficient. The varieties from China were mainly clustered in 1, 2, 3 subsets of group I.

收稿日期: 2016-07-14 修回日期: 2016-09-14 网络出版日期: 2017-04-17

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170417.0900.020.html>

基金项目: 四川省财政创新能力提升工程——青年基金 (2013QNJJ-021); “863”计划 (2011AA10A101); 农业部公益性行业 (超级稻) 专项 (201100); 四川省“十二五”水稻育种攻关计划项目 (YZGG2011-1)

第一作者主要从事水稻遗传育种工作, E-mail: caoyj987@126.com; 游书梅为共同第一作者, E-mail: yousm7322007@126.com

通信作者: 郑家奎, 主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: zheng6102@126.com

Vietnamese varieties were mainly clustered in 4 subsets of group I, Bangladesh varieties were mainly clustered in 4 subsets of group III. All of above results showed a narrow genetic base in the tested Chinese varieties and Chinese varieties had a distant genetic relationship to other countries varieties.

Key words: rice; yield loci related markers; restorer; south and southeast Asia; genetic diversity

作物遗传多样性是农业可持续发展的基础^[1]。水稻是世界上最重要的粮食作物之一^[2],丰富的水稻遗传多样性是解决人口、环境、病虫害及品质等诸多因素对未来水稻生产挑战的关键要素^[3]。但是,随着杂交水稻的快速发展和驯化,许多原本存在于野生稻中的有利基因逐渐地沉默或者丢失^[4],造成现有三系杂交水稻骨干亲本背景来源单一,亲缘关系趋近,生物多样性逐渐丧失,这是水稻单产未能进一步提高的主要原因之一^[5]。因此,分析中国骨干恢复系与南亚及东南亚资源的遗传差异,对引进和利用南亚及东南亚资源,从而丰富我国水稻资源的遗传基础,组配强优势组合,具有重要意义。

对国外资源的研究是引进和利用国外资源的基础。李明海等^[6]通过分析中国 25 个水稻主产省区 21 年主要品种的亲缘关系和遗传组成认为,国际水稻所稻种资源遗传贡献率每增加 1%,中国水稻单产将提高 21%。李丹婷等^[7]从东南亚国家引进 662 份栽培稻种质中,鉴定发掘出抗褐飞虱材料 58 份,抗稻瘟病材料 9 份,抗白叶枯病材料 11 份,耐盐材料 12 份。胡标林等^[8]对来自六大洲的 1579 份水稻种质通过表型分析认为,亚洲、非洲和大洋洲种质间遗传距离较远,且亚洲、非洲和大洋洲的水稻资源具有较丰富的表型遗传多样性。DNA 分子标记技术是近年来发展起来且被普遍应用的遗传多样性研究技术,其中,SSR 分子标记以其更具稳定性、一致性

和特异性等优势,目前被广泛应用于遗传多样性的研究,被认为是准确有效的遗传多样性研究方法之一^[9]。张涛等^[4]、赵庆勇等^[10]、肖小余等^[11]、贺浩华等^[12]、彭锁堂等^[13]利用分子标记分析中国杂交稻亲本的遗传多样性,一致认为中国杂交稻亲本遗传基础相对匮乏,表现为相似系数较大、亲缘关系较近的态势。

综上所述,由于我国稻种资源的遗传基础较为狭窄,因此,引进、评价和利用南亚及东南亚水稻种质资源是水稻研究的迫切任务之一,前人研究大都是从表型、抗性等方面对国外或南亚及东南亚资源进行分类或鉴定,而利用分子标记分析南亚及东南亚资源与我国稻种资源遗传差异的研究较少。本研究选用 14 份中国杂交稻骨干恢复系和 44 份南亚及东南亚稻种资源为材料,选取了 47 个与产量性状紧密连锁的位点标记,进行遗传多样性分析,分析中国恢复系资源与南亚及东南亚稻种资源的遗传差异,为引进和利用南亚及东南亚资源,丰富我国稻种资源的遗传组成,提供理论依据和重要参考。

1 材料与方法

1.1 材料

供试的水稻材料共 58 份(表 1)。其中 14 份来自中国,18 份来自印度,12 份来自越南,3 份来自菲律宾,8 份来自孟加拉,2 份来自泰国,1 份来自韩国,均是三系恢复系。

表 1 供试材料来源及名称

Table 1 Name and origin of varieties used in this study

编号 Number	材料名称 Name of material	材料来源 Source of material	编号 Number	材料名称 Name of material	材料来源 Source of material
1	岳恢 9113	中国	12	VIR53-1	印度
2	绵恢 725	中国	13	VIR-54	印度
3	泸恢 17	中国	14	VIR54-2	印度
4	蜀恢 527	中国	15	PR3138	印度
5	浙恢 7954	中国	16	ARR772	印度
6	IR24	菲律宾	17	ARR778-6	印度
7	KRH2R	印度	18	ARR778-2-7	印度
8	Samba Mashari	印度	19	BR28	孟加拉
9	NPT-1-1-7	菲律宾	20	Bac Thein80	越南
10	Suweon-287	韩国	21	Kdau	越南
11	VIR-51	印度	22	Q5	越南

表 1(续)

编号 Number	材料名称 Name of material	材料来源 Source of material	编号 Number	材料名称 Name of material	材料来源 Source of material
23	Quang Te2	越南	41	S6314	印度
24	Khang Dan	越南	42	BR802-118-4-2	孟加拉
25	SITA	印度	43	BR284-2	孟加拉
26	PANT-12	印度	44	PADDY-KS282	孟加拉
27	Swama Mtu 7035	印度	45	BRR1-4	孟加拉
28	S6035	印度	46	PADDX KS-282	孟加拉
29	中组 14	中国	47	BR28-6-2	孟加拉
30	明恢 63	中国	48	BRS 28	孟加拉
31	宜恢 1577	中国	49	TH1	泰国
32	R818	中国	50	TH2	泰国
33	泸恢 H103	中国	51	NEAMAT	越南
34	成恢 727	中国	52	OM 5338	越南
35	泸恢 8258	中国	53	OM 5628	越南
36	T025	中国	54	OM 6378	越南
37	闽恢 3301	中国	55	OM 7938	越南
38	Jaya	印度	56	OMCS 2009	越南
39	NRH2R	印度	57	AS 996-1K	越南
40	BR827	印度	58	IR 19746-28-2-2	菲律宾

1.2 DNA 提取及分子标记选择

采用 SDS 法提取材料的 DNA。

供试的分子标记共 47 个,均匀分布在水稻的 12 条染色体上,标记名称及位点信息详见表 2,这些

标记来源主要有两种情况,一是与产量性状 QTL 位点紧密连锁,二是与精细定位或克隆的基因紧密连锁。标记引物序列在 <http://www.gramene.org> 查询,并由上海英俊生物技术有限公司合成。

表 2 47 个产量位点标记名称及参考文献

Table 2 The name and literature source of 47 yield loci related markers

引物 Primer	染色体 Chromosome	产量位点及参考文献 Yield loci and literature	引物 Primer	染色体 Chromosome	产量位点及参考文献 Yield loci and literature
RM1	1	qNFGP-1-1 ^[14] 、qGW-1 ^[15] 、qSP1a ^[16] 、qTNSP-1-1 ^[14]	RM411	3	GS3 ^[35]
RM5	1	qGPP-1-2(t) ^[17] 、yld1.1 ^[18] 、yld1.1 ^[19] 、qHR-1-2(t) ^[20]	RM520	3	qPNP3b ^[23] 、gw3.1 ^[25]
RM129	1	qSNP-1a ^[21]	RM571	3	qTGW3c ^[36]
RM212	1	gw1.1 ^[22]	RM252	4	qPN4.4 ^[25]
RM246	1	qSPC1c ^[23]	RM273	4	qPN4.4 ^[25]
RM293	1	qFPFFA-1-1(t) ^[24]	RM206	5	qGW5-1 ^[15]
RM302	1	gw1.1 ^[22]	RM289	5	qGW5 ^[15]
RM315	1	ph1.1 ^[25]	RM3	6	Moc1 ^[37]
RM472	1	gpl1.1 ^[25] 、gpl1.1 ^[26]	RM204	6	qFGP6 ^[23]
RM29	2	qTGW2 ^[27]	RM346	7	qKGW7.1 ^[30]
RM71	2	qTGW2 ^[23]	RM210	8	qPN8.2 ^[38]
RM208	2	gw2.1 ^[28]	RM223	8	qSP8b ^[23]
RM213	2	gpl2.1 ^[25]	RM331	8	qSP8b ^[23]
RM262	2	np2.1 ^[28]	RM447	8	qKGW8 ^[30]
RM263	2	Flg-1 ^[29]	RM205	9	gw9.2 ^[39]
RM341	2	qyp2 ^[23] 、qPNP2 ^[30]	RM219	9	qSBN-9 ^[21] 、GM1 ^[40]
RM424	2	qKGW2 ^[30]	RM566	9	qGYP9 ^[30]
RM85	3	qSNP-3 ^[21]	RM228	10	gw10b ^[39]
RM130	3	gw3.2 ^[17]	RM258	10	qSNP-10 ^[21]
RM148	3	qSNP-3 ^[21]	RM4b	11	gw11 ^[37]
RM227	3	qPN4 ^[31]	RM20a	11	qGW11.1 ^[22]
RM231	3	qDTH-3-2(t) ^[17] 、qHDD-3-2(t) ^[32]	RM254	11	GW11 ^[41] 、qPN11 ^[42]
RM232	3	qGR-3-3 ^[33] 、qGWP3 ^[34] 、qNP-3-1 ^[14] 、qTGW-3-1(t) ^[14]	RM17	12	qSW12 ^[43]
RM251	3	qSSR3 ^[23]			

1.3 PCR 扩增及多态性检测

PCR 扩增体系 25 μ L, 包括 10 mmol/L Tris-HCl、50 mmol/L KCl、1.5 mmol/L MgCl₂、50 ~ 100 ngDNA、200 μ mol/L dNTP、0.1 μ mol/L 引物和 0.04 U/ μ L Taq 聚合酶。PCR 反应程序为: 94 $^{\circ}$ C 热变性 9 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 45 s, 54 $^{\circ}$ C 退火 45 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 45 s, 35 次循环, 最后 72 $^{\circ}$ C 下延伸 7 min, 其中个别引物由于序列不同, T_m 值也不同, 退火温度略有调整。PCR 扩增的产物经 3% 琼脂糖凝胶 120 V 电泳 2 h, EB 染色并紫外成像。

1.4 数据处理与多样性评价

根据琼脂糖凝胶电泳的结果, 人工读带, 每 1 条带视为 1 个等位基因位点, 有带记作 1, 无带记作 0, 缺失记为 9, 并建立 0-1 矩阵, 将矩阵数据转换为基因型数据, 利用 Popgen1.32 软件^[44], 计算等位基因数 (N_a)、有效等位基因数^[45] (N_e) 和 Shannon 信息指数^[46] 等遗传多样性参数。利用 NTSYS-PC 2.10e^[47] 软件, 计算资源间遗传相似系数 (GS), 并根据遗传相似系数, 按非加权组平均法 (UPGMA) 进行聚类分析, 绘制资源间遗传聚类树状图。

2 结果与分析

2.1 功能基因标记检测

47 个产量位点标记扩增结果详见表 3。在中国的 14 份恢复系资源中, 47 个产量位点标记中 36 个

具有多态性, 占供试标记的 76.6%。36 个标记共扩增到等位基因位点 90 个, 平均每个标记扩增 2.500 个, 每个标记的等位基因变化范围 2 ~ 4 个。有效等位基因 62.905 个, 平均每个标记检测到 1.747 个, 每个标记的变幅为 1.166 ~ 3.314 个。11 个标记在 14 份资源间无多态性, 分别是 RM212、RM302、RM472、RM130、RM231、RM232、RM3、RM346、RM210、RM223、RM331。有 2 个标记检测到 4 个等位基因, 分别是 RM71、RM252。36 个有效标记 Shannon 信息指数平均值为 0.632, 变幅为 0.271 ~ 1.266。共有 4 个标记 Shannon 信息指数 ≥ 1 , 分别是 RM71 (1.266)、RM252 (1.119)、RM447 (1.010)、RM219 (1.012)。47 个产量位点标记在来自国外的 44 份资源中, 均具有多态性, 共扩增到等位基因 131 个, 平均每个标记扩增到 2.787 个, 每个标记等位基因数为 2 ~ 6 个。有效等位基因为 82.686 个, 平均每个标记 1.759 个, 变幅为 1.047 ~ 2.979 个。RM204 标记检测到 6 个等位基因, 是检测到等位基因最多的标记。47 个标记 Shannon 信息指数平均值为 0.649, 变幅为 0.109 ~ 1.110, 共有 7 个标记 Shannon 信息指数 ≥ 1 , 分别是 RM71 (1.063)、RM424 (1.110)、RM206 (1.074)、RM204 (1.024)、RM219 (1.095)、RM566 (1.040)、RM258 (1.041)。图 1 是代表性引物 RM204 和 RM206 的扩增结果图。

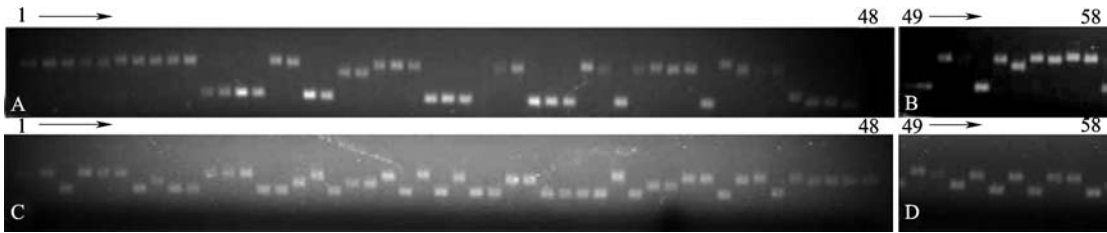
表 3 47 个产量位点标记扩增结果

Table 3 The amplification results of 47 yield loci related markers

引物 Primer	中国资源 China source			南亚及东南亚资源 South and Southeast Asia source		
	等位基因数 N_a	有效等位基因数 N_e	Shannon 信息指数 I	等位基因 N_a	有效等位基因数 N_e	Shannon 信息指数 I
RM1	2	1.166	0.271	4	1.537	0.698
RM5	2	1.352	0.429	3	1.968	0.793
RM129	2	1.551	0.540	2	1.424	0.474
RM212	1	1.000	0.000	2	1.984	0.689
RM246	2	1.899	0.666	2	1.766	0.626
RM293	2	1.166	0.271	2	1.862	0.656
RM302	1	1.000	0.000	3	2.333	0.953
RM315	2	1.166	0.271	2	1.047	0.109
RM472	1	1.000	0.000	3	1.385	0.533
RM29	2	1.988	0.690	4	1.584	0.681
RM71	4	3.314	1.266	4	2.514	1.063
RM208	2	1.352	0.429	2	1.365	0.438
RM213	2	1.551	0.540	2	1.095	0.185
RM262	2	1.352	0.429	3	2.013	0.831
RM263	3	2.195	0.925	3	1.830	0.789
RM341	3	2.449	0.984	3	1.754	0.760

表 3(续)

引物 Primer	中国资源 China source			南亚及东南亚资源 South and Southeast Asia source		
	等位基因数 <i>Na</i>	有效等位基因数 <i>Ne</i>	Shannon 信息指数 <i>I</i>	等位基因 <i>Na</i>	有效等位基因数 <i>Ne</i>	Shannon 信息指数 <i>I</i>
RM424	3	1.374	0.536	4	2.581	1.110
RM85	2	1.166	0.271	2	1.308	0.398
RM130	1	1.000	0.000	2	1.047	0.109
RM148	2	1.742	0.617	2	1.658	0.586
RM227	2	1.899	0.666	4	2.185	0.916
RM231	1	1.000	0.000	3	1.909	0.776
RM232	1	1.000	0.000	2	1.948	0.680
RM251	3	1.374	0.536	3	2.185	0.847
RM411	3	1.374	0.536	2	1.252	0.354
RM520	3	1.899	0.831	3	2.246	0.888
RM571	2	1.166	0.271	2	1.308	0.398
RM252	4	2.683	1.119	4	1.698	0.796
RM273	2	1.742	0.617	2	1.365	0.438
RM206	2	1.988	0.690	3	2.856	1.074
RM289	3	2.253	0.898	2	1.146	0.249
RM3	1	1.000	0.000	2	1.424	0.474
RM204	3	2.449	0.984	6	2.075	1.024
RM346	1	1.000	0.000	2	1.365	0.438
RM210	1	1.000	0.000	2	1.198	0.305
RM223	1	1.000	0.000	4	1.464	0.651
RM331	1	1.000	0.000	2	1.146	0.249
RM447	3	2.522	1.010	3	2.175	0.872
RM205	2	1.166	0.271	3	1.204	0.368
RM219	3	2.600	1.012	3	2.979	1.095
RM566	3	1.374	0.536	3	2.667	1.040
RM228	3	1.374	0.536	4	1.956	0.856
RM258	2	1.551	0.540	3	2.719	1.041
RM4b	3	2.195	0.925	3	1.716	0.709
RM20a	3	1.610	0.687	3	1.377	0.503
RM254	2	1.551	0.540	2	1.252	0.354
RM17	2	1.352	0.429	2	1.816	0.642



A、B:标记 RM204;C、D:标记 RM206;1~58:材料编号

A and B is primer RM204,C and D is primer RM206,1-58 is the material number

图 1 部分引物扩增结果

Fig. 1 Amplification results of partial primer

2.2 聚类分析

根据 47 个产量位点标记扩增检测的结果,利用 NTSYSp2c-2.10e 软件,按 Nei's 的方法计算 58 份资

源遗传相似系数(GS)并进行聚类分析。在遗传相似系数 0.73 处,可将 58 份资源分为三大类群(图 2),且遗传相似系数(GS)变幅为 0.71~0.99。

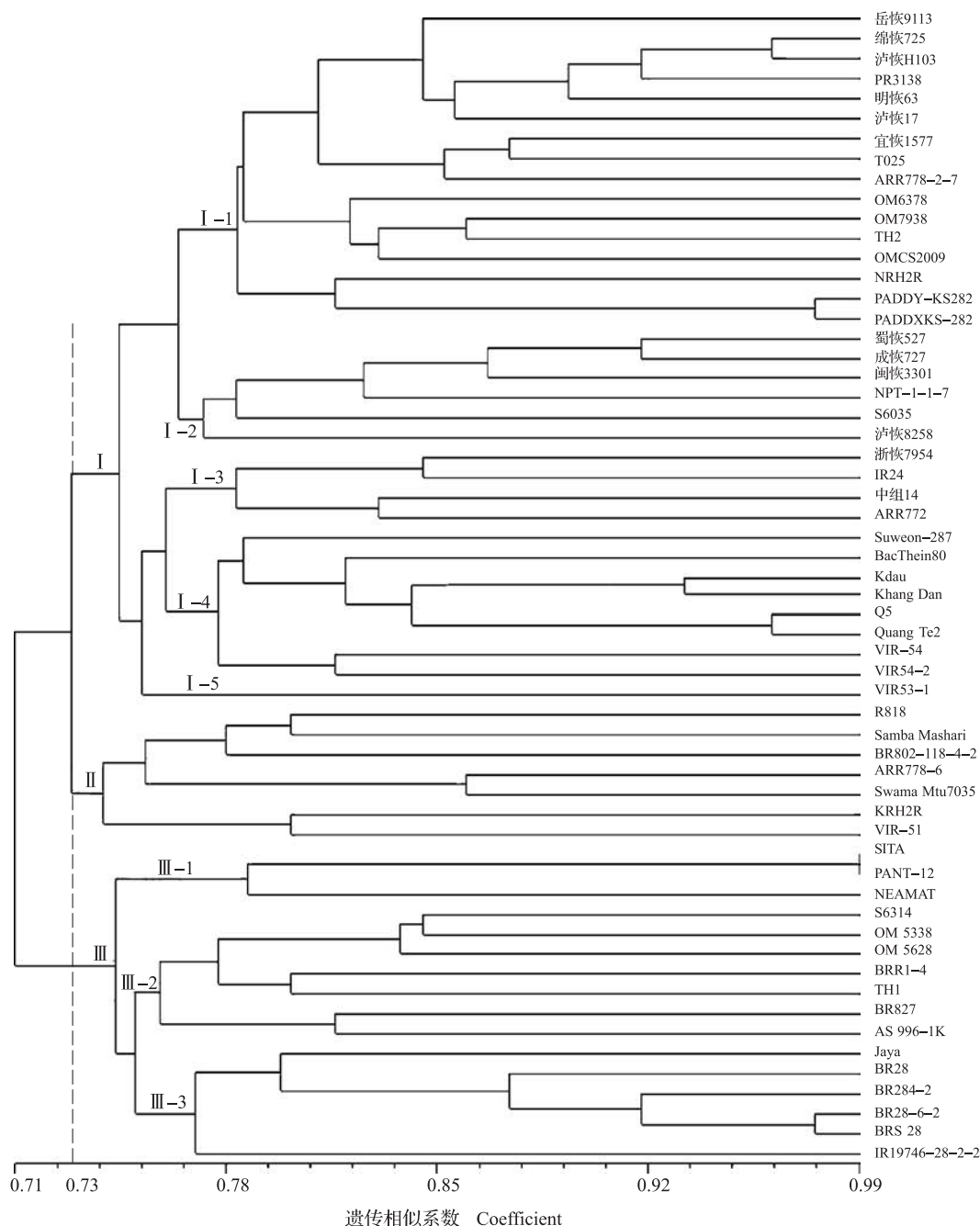


图2 基于产量位点标记遗传相似系数的58份水稻资源树状聚类图

Fig. 2 Dendrogram of 58 rice varieties cultivars based on genetic similarity coefficients of yield loci related markers

第Ⅰ类群共35份资源,占供试材料的60.34%。在遗传相似系数0.743处分为5个亚群。第Ⅰ-1亚群共有16份资源,中国7份,印度3份,越南3份,孟加拉2份,泰国1份。第Ⅰ-2亚群共有6份资源,中国4份,菲律宾和印度各1份。第Ⅰ-3亚群共有4份资源,中国2份,菲律宾和印度资源各1份。第Ⅰ-1亚群、第Ⅰ-2亚群、Ⅰ-3亚群共包含13份中国资源,占供试中国资源的92.86%,这3个类群称为中国资源类群。第

Ⅰ-4亚群共有8份资源,越南5份,印度2份,韩国1份。第Ⅰ-5亚群只有1份资源,来自印度。

第Ⅱ类群共7份资源,中国1份,印度5份,孟加拉1份。第Ⅲ类群共16份资源,在遗传相似系数0.75处划分为3个亚群,第Ⅲ-1亚群有2份印度资源和1份越南资源。第Ⅲ-2亚群共7份资源,越南3份,印度2份,孟加拉和泰国各1份。第Ⅲ-3亚群共6份资源,孟加拉4份,菲律宾和印度各1份。

3 讨论

水稻种质资源的遗传多样性研究是了解种质资源遗传基础差异的重要方法。就目前而言,种质资源多样性的研究主要集中在两个方面:一是基于农艺性状的多样性研究,二是基于分子标记的多样性研究。由于多数农艺性状容易受到环境的影响,但分子标记因其稳定、简单,不受环境的影响等优点,目前已经是遗传多样性研究的较好工具。江云珠等^[5]、王胜军等^[9]、赵庆勇等^[10]、肖小余等^[11]、贺浩华等^[12]、彭锁堂等^[13]均采用分子标记的方法,利用不同材料从不同角度对中国资源的遗传多样性做了较为详细分析。张涛等^[4]认为,功能基因标记与全基因组的分子标记相比,前者由于与目标性状(产量性状)紧密连锁,分析的遗传基础差异更有效,对育种研究更具有参考意义。

丰富的水稻遗传多样性,一方面可以降低大面积爆发单一病虫害的风险,另一方面也是发掘未知有利基因的必要基础。前人利用不同的材料,采用不同的方法,研究认为我国水稻资源遗传多样性较为狭窄^[4,9,12],因此适当拓宽我国水稻资源的遗传基础是目前水稻遗传育种研究的主要方向之一。南亚地区(印度、孟加拉、越南)纬度较低,气温较高,与我国生态环境差异较大,并且稻种资源丰富。引进、研究与应用南亚水稻资源是丰富我国稻种资源遗传基础的重要途径。本研究以中国、印度、孟加拉和越南为主的恢复系资源,利用已经克隆、精细定位或多个群体中共同检测到的 47 个产量位点标记,分析中国恢复系资源与国外种质资源的遗传差异,从多样性标记数(中国 36 个,国外 47 个),等位基因数(中国 90 个,国外 131 个),每个标记检测到的等位基因变化范围(中国 2~4 个,国外 2~6 个),平均每个标记检测到的等位基因数(中国 2.500 个,国外 2.787 个),有效等位基因总数(中国 62.905 个,国外 82.686 个)等参数分析认为,国外水稻资源遗传基础较为丰富,而中国资源遗传基础较为狭窄。造成这一结果的主要原因是本研究选用的中国材料均为三系恢复系,这些恢复系的恢复基因均来源于 IR24、圭 630 等少数单一材料,恢复基因来源单一。为此,寻找与发现新的恢复基因是水稻遗传育种研究的主要方向之一。

Shannon 信息指数是标记有效性的重要指标,在本研究中标记 RM71 和 RM219 的 Shannon 信息指数在中国资源和南亚及东南亚资源中均 ≥ 1 ,一方面表明这 2 个标记能有效检测供试资源,另一方面

表明供试资源在这 2 个位点有丰富的多样性。有 11 个标记在中国资源间无多态性,而在南亚及东南亚资源中具有多态性的标记,分别是 RM212、RM302、RM472、RM130、RM231、RM232、RM3、RM346、RM210、RM223、RM331。这说明中国资源在上述基因位点上遗传基础较为狭窄单一,南亚及东南亚资源中携带有与中国资源不同的基因,利用这些标记可区分供试资源的地理来源。

47 个产量位点标记,将 58 份资源划分为三大类群,从分类的结果可以看出,没有将所有资源的地理来源划分清楚,但总体来看同一个国家来源的材料大多聚在比较近类群,如第 I 类群中的第 I-1、I-2 和 I-3 亚群,中国资源占大多数;第 I-4 亚群,越南资源占大多数;第 III-3 亚群,孟加拉资源占大多数。这些结果表明各国来源的材料之间既有分化,同时又有联系。从树状聚类图可以看出,亲本来源相近或地理来源相近的材料,大多具有较高的相似性,如成恢 727(蜀恢 527 的杂交后代)与蜀恢 527,绵恢 725 与泸恢 H103(绵恢 725 的杂交后代),PADDY-KS282 与 PADDX KS-282(均来源于孟加拉)等,这也说明了利用产量位点标记划分材料来源具有较高可靠性。

参考文献

- [1] 卢宝荣,朱有勇,王云月.农作物遗传多样性农家保护的现状及前景[J].生物多样性,2002,10(4):409-415
- [2] Garris A J, Tai T H, Coburn J. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. [J]. Genetics, 2005, 169(3):1631-1638
- [3] Stephen R M, Marlon C, Marilyn G B. Natural hazards and genetic diversity in rice [J]. Agr Hum Values, 2002, 19(2):133-149
- [4] 张涛,杨蛟,蒋开锋,等.利用产量功能基因标记分析三系杂交水稻亲本的遗传多样性[J].中国农业科学,2014,47(1):11-23
- [5] 江云珠,汤圣祥,余汉勇,等.利用 SSR 标记对中国水稻品种进行遗传多样性评价和品种分类的研究[J].中国稻米,2010,16(4):19-24
- [6] 李明海,胡瑞法.国外稻种资源对我国水稻生产的贡献率[J].浙江大学学报:农业与生命科学版,2008,34(1):65-72
- [7] 李丹婷,农保选,夏秀忠,等.东南亚稻种资源收集与鉴定评价[J].植物遗传资源学报,2012,13(4):622-625
- [8] 胡标林,万勇,李霞,等.水稻核心种质表型性状遗传多样性分析及综合评价[J].作物学报,2012,38(5):829-839
- [9] 王胜军,陆作楣,万建民.采用表型和分子标记聚类研究杂交籼稻亲本的遗传多样性[J].中国水稻科学,2006,20(5):475-480
- [10] 赵庆勇,张亚东,朱镇,等.采用 SSR 标记和表型性状聚类对杂交粳稻亲本的遗传多样性研究[J].杂交水稻,2010,25(4):68-74
- [11] 肖小余,王玉平,张建勇,等.四川省主要杂交稻亲本的 SSR 多态性分析和指纹图谱的构建与应用[J].中国水稻科学,2006,20(1):1-7
- [12] 贺浩华,罗小金,朱昌兰,等.杂交稻部分不育系与恢复系的 SSR 分类[J].作物学报,2006,32(2):169-175
- [13] 彭锁堂,庄杰云,颜启传,等.我国主要杂交水稻组合及其亲

- 本 SSR 标记和纯度鉴定[J]. 中国水稻科学, 2003, 17(1): 1-5
- [14] Zhuang J Y, Fan Y Y, Rao Z M, et al. Analysis on additive effects and additive-by-additive epistatic effects of QTLs for yield traits in a recombinant inbred line population of rice[J]. Theor Appl Genet, 2002, 105(8): 1137-1145
- [15] Cho Y C, Suh J P, Choi I S. QTLs analysis of yield and its related traits in wild rice relative *Oryza rufipogon* [J]. Treat Crop Res, 2003, 4: 19-29
- [16] 韩龙植, 乔永利, 张三元, 等. 不同生长环境下水稻主要农艺性状的 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2005, 38(6): 1080-1087
- [17] Thomson M J, Tai T H, McClung A M, et al. Mapping quantitative trait loci for yield, yield components and morphological traits in an advanced backcross population between *Oryza rufipogon* and the *Oryza sativa* cultivar Jefferson [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107(3): 479-493
- [18] Xiao J H, Li J M, Yuan L P, et al. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance and heterosis in rice as revealed by PCR-based markers [J]. Theor Appl Genet, 1996, 92(6): 637-643
- [19] Xiao J H, Li J M, Silvana G, et al. Identification of trait-improving quantitative trait loci alleles from a wild rice relative, *Oryza rufipogon* [J]. Genetics, 1998, 150(2): 899-909
- [20] Aluko G C, Martinez J, Tohme C, et al. QTL mapping of grain quality traits from the inter specific cross *Oryza sativa* x *O. glaberrima* [J]. Theor Appl Genet, 2004, 109(3): 630-639
- [21] Mei H W, Xu J L, Li Z K, et al. QTLs influencing panicle size detected in two reciprocal introgressive line (IL) populations in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2006, 112(4): 648-656
- [22] Mocada P, Martinez C P, Borrero J, et al. Quantitative trait loci for yield and yield components in an *Oryza sativa* x *Oryza rufipogon* BC2F2 population evaluated in an upland environment [J]. Theor Appl Genet, 2001, 102(1): 41-52
- [23] 许凌, 张亚东, 朱镇, 等. 不同年份水稻产量性状的 QTL 分析[J]. 中国水稻科学, 2008, 22(4): 370-376
- [24] Yamagishi J N, Miyamoto S, Hirotsu R C, et al. QTLs for branching, floret formation, and pre-flowering floret abortion of rice panicle in a temperate japonica tropical japonica cross [J]. Theor Appl Genet, 2004, 109(8): 1555-1561
- [25] Septiningsih E M, Prasetyono J, Lubis E, et al. Identification of quantitative trait loci for yield and yield components in an advanced backcross population derived from the *Oryza sativa* variety IR64 and the wild relative *O. rufipogon* [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107(8): 1419-1432
- [26] Xiao J H, Grandillo S, Ahn S N, et al. Genes from wild rice improve yield [J]. Nature, 1996, 384(6606): 223-224
- [27] 马大鵬, 罗利军, 汪朝阳, 等. 利用重组自交系群体对水稻产量相关性状的 QTL 分析[J]. 分子植物育种, 2004, 2(4): 507-512
- [28] Marri P R, Sarla N, Reddy L V, et al. Identification and mapping of yield and yield related QTLs from an Indian accession of *Oryza rufipogon* [J]. BMC Genetics, 2005, 33: 1-14
- [29] 邓其明. 水稻寡分蘖候选基因的定位克隆及水稻白叶枯病抗性分子标记辅助育种[D]. 成都: 四川农业大学, 2005
- [30] 赵建国, 蒋开锋, 杨莉, 等. 水稻产量相关性状 QTL 定位[J]. 中国水稻科学, 2013, 27(4): 344-352
- [31] Xu J L, Xue Q Z, Luo L J, et al. QTL dissection of panicle number per plant and spikelet number per panicle in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. J Genet Genomics, 2001, 8: 752-759
- [32] Hittalmani S N, Huang B, Courtois R, et al. Identification of QTL for growth and grain yield-related traits in rice across nine locations of Asia [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107(4): 679-690
- [33] Cui K, Peng S, Xing Y, et al. Molecular dissection of seedling-vigor and associated physiological traits in rice [J]. Theor Appl Genet, 2002, 105(5): 745-753
- [34] Tan L, Liu F, Xue W, et al. Development of *Oryza rufipogon* and *O. sativa* introgression lines and assessment for yield-related quantitative trait loci [J]. J Integr Plant Biol, 2007, 49(6): 871-884
- [35] Fan C C, Xing Y Z, Mao H L, et al. GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein [J]. Theor Appl Genet, 2006, 112(6): 1164-1171
- [36] 康乐, 李宏, 孙勇, 等. 应用导入系群体进行水稻产量相关性状的遗传剖析[J]. 作物学报, 2008, 34(9): 1500-1509
- [37] Li X Y, Qian Q, Fu Z M, et al. Control of tillering in rice [J]. Nature, 2003, 422(69320): 618-621
- [38] Lanceras J C, Pantuwan G, Jongdee B. Quantitative trait loci associated with drought tolerance at reproductive stage in rice [J]. Plant Physiol, 2004, 135(1): 384-399
- [39] Hua J, Xing Y, Wu W, et al. Single-locus heterotic effects and dominance by dominance interactions can adequately explain the genetic basis of heterosis in an elite rice hybrid [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2003, 100(5): 2574-2579
- [40] Biradar S K, Sundaram R M, Thirumurugan T, et al. Identification of flanking SSR markers for a major rice gall midge resistance gene *Gml* and their validation [J]. Theor Appl Genet, 2004, 109(7): 1468-1473
- [41] Temnykh S, DeClerck G, Lukashova A. Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential [J]. Genome Res, 2001, 11(8): 1441-1452
- [42] Li Z K, Luo L J, Mei H W. Overdominant epistatic loci are the primary genetic basis of inbreeding depression and heterosis in rice. I. Biomass and grain yield [J]. Genetics, 2001, 158(4): 1737-1753
- [43] Ayahiko S, Takeshi I, Kaworu E, et al. Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication [J]. Nat Genet, 2008, 40(8): 1023-1028
- [44] Yeh F C, Yang R C, Boyle T. Popgene Version 1.31 Quick User Guide [M]. Edmonton: Centre for International Forestry Research, University of Alberta, 1999
- [45] Kimura M, Crow J F. The number of alleles that can be maintained in a finite population [J]. Genetics, 1964, 49: 725-738
- [46] Lewontin R C. The apportionment of human diversity [M]. New York: Columbia-Century-Croft, 1972: 381-398
- [47] Rohlf F J. NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1 [M]. New York: Exeter Publications, 2000