

1980s-2010s 华北夏谷区主栽谷子品种 SSR 遗传多样性分析

秦 岭¹, 于淑婷¹, 杨延兵¹, 陈二影¹, 孔清华², 管延安^{1,2}

(¹ 山东省农业科学院作物研究所, 济南 250100; ² 山东师范大学生命科学学院, 济南 250014)

摘要: 通过对 20 世纪 80 年代以来具有代表性的华北夏谷区审(鉴)定的 20 个主栽谷子品种进行 SSR 标记多态性分析, 研究了华北地区育成谷子品种的遗传多样性。49 对引物在 20 个谷子品种中扩增出具有多态性的条带, 共检测出 142 个等位变异, 平均每个位点检测出的等位变异数为 2.96 个。标记位点多态性信息含量(PIC)变幅为 0.0904~0.6896, 平均为 0.4168。20 份材料间的遗传距离变幅为 0.0173~0.9000, 聚类分析将其分成 3 个类群, 其中谷丰 1 号自成一类, 表明谷丰 1 号的遗传距离较其他品种大。不同年代谷子品种间遗传距离分析结果显示, 各年代品种之间的平均遗传距离由大到小依次是 1980s>1990s>2000s>2010s, 表明随着年代的递进育成品种的遗传差异减小, 亲缘关系趋近。

关键词: 华北夏谷区; 谷子; SSR; 遗传多样性

Genetic Diversity Analysis of Foxtail Millet Varieties (*Setaria italica* (L.) P.Beauv.) Released from 1980s to 2010s in Summer Sowing Region of North China Using SSR Markers

QIN Ling¹, YU Shu-ting¹, YANG Yan-bing¹, CHEN Er-ying¹, KONG Qing-hua², GUAN Yan-an^{1,2}

(¹ Crop research institute, Shandong academy of agricultural sciences, Jinan 250100;

² College of life sciences, Shandong Normal University, Jinan 250014)

Abstract: The genetic diversity of 20 representative foxtail millet varieties, which were released in summer sowing region of North China since 1980s, were analyzed using 49 pairs of SSR markers. These SSR markers unlocked 142 alleles with a mean of 2.96 alleles per locus. The polymorphism information content (PIC) ranged from 0.0904 to 0.6896, with an average of 0.4168. The mean genetic distance was 0.4045 with a range from 0.0173 to 0.9000. These foxtail millet varieties were classified into 3 groups based on SSR assay. The variety Gufeng No.1 formed an independent group, suggesting a higher genetic distance of this variety to others. By investigating the genetic distances of foxtail millet cultivars that were released in different decades, the higher genetic diversity was observed in older varieties (1980s>1990s>2000s>2010s), which indicated a constitutive drop of the genetic variation in foxtail millet cultivars in breeding over last few decades.

Key words: North China summer-sowing region; foxtail millet; SSR; genetic diversity

收稿日期: 2018-05-25 修回日期: 2018-06-25 网络出版日期: 2018-09-19

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20180918.1721.002.html>

第一作者研究方向为谷子遗传育种, E-mail: qinling1021@163.com

通信作者: 管延安, 研究方向为谷子遗传育种, E-mail: Yguan65@163.com

基金项目: 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-06-13.5-A19); 山东省农业科学院农业科技创新工程(GXG2018D02); 山东省农业科学院青年科研基金(2014QNM29)

Foundation project: The Earmarked Fund for China Agriculture Research System (CARS-06-13.5-A19), Agricultural Scientific and Technological Innovation Project of Shandong Academy of Agricultural Sciences (GXG2018D02), Youth Foundation of Shandong Academy of Agricultural Sciences (2014QNM29)

谷子(*Setaria italica* (L.)P.Beauv.)是世界上最古老的禾本科作物,曾经是中国的主粮^[1]。由于谷子在生理和形态上表现出极大的可变性使其具有很强的环境适应能力。目前已经从谷子育种、作物进化和遗传演变等方面进行遗传研究^[1-2]。谷子基因组小(500 Mb)、2 倍体(2n=2x=18)、自花授粉和生长期短等特点使其成为 C₄ 光合作用研究的模式植物^[2-3]。谷子的基因组测序已经完成^[4-5],为研究遗传标记、基因图谱^[6]和关联分析^[7]提供了条件。SSR(simple sequence repeats)标记被用来研究作物种质资源的遗传多样性以及育种工作,它具有位点多、多态性丰富、操作简单、稳定性好等优点,在许多作物中得到了应用^[8-9]。很多研究者利用 SSR 标记研究谷子的遗传多样性^[10-13]、遗传图谱的构建^[14-15]、目的基因的定位^[16]等。

20 世纪 80 年代夏谷发展到了较高水平,种植面积约占谷子总面积的 1/3~1/2,其中河北、河南、山

东的种植面积最大。这个时期我国谷子科研进入了以杂交育种为主,诱变育种等其他育种手段为辅的多途径方式。夏谷区育成了具有划时代意义的谷子新品种豫谷 1 号,相继又育成了豫谷 2 号、冀谷 14、鲁谷 10 等为代表的高产多抗品种^[17]。21 世纪以来,谷子育种更加注重兼顾优质与高产的统一,培育出以济谷 12、豫谷 18 等为代表的优质高产新品种。本研究以华北夏谷区 20 世纪 80 年代以来审(鉴)定的 20 个主栽谷子品种为材料进行了 SSR 多态性分析,研究了华北地区近年来育成谷子品种的遗传多样性及变化趋势,为谷子遗传改良提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选用 20 世纪 80 年代至今华北夏谷区审(鉴)定大面积推广的 20 个主栽品种,其审(鉴)定年份及选育单位见表 1。

表 1 谷子品种审定年份与选育单位

Table 1 The released year and breeding institutions of 20 foxtail millet varieties

| 编号 No | 审(鉴)定年份 Year released | 品种 Varieties | 选育单位 Breeding institution | 组合 Cross |
|----------|----------------------------|-----------------|------------------------------|-----------------------------|
| 1 | 1984 | 鲁谷 5 号 | 山东省农业科学院作物研究所 | 鲁谷 2 号 × 不 5019 |
| 2 | 1987 | 鲁谷 6 号 | 山东省农业科学院作物研究所 | 7112 × 鲁谷 2 号 |
| 3 | 1988 | 豫谷 1 号 | 河南省安阳市农业科学研究所 | 日本 ‘60 日’ × 土龙 |
| 4 | 1988 | 冀谷 11 | 河北省农林科学院谷子研究所 | 安 316 × 辐小黄谷 |
| 5 | 1989 | 豫谷 2 号 | 河南省安阳市农业科学研究所 | (安 30 × 小柳根) × 北京 2122 |
| 6 | 1992 | 豫谷 5 号 | 河南省安阳市农业科学研究所 | 豫谷 1 号 × 安 096 |
| 7 | 1993 | 青丰谷 | 河北省沧州市农业科学研究所 | (高粱谷 × 青到老) × 安 316 |
| 8 | 1994 | 冀谷 14 | 河北省农林科学院谷子研究所 | ‘绿穗谷’ ⁶⁰ Co 辐射选育 |
| 9 | 1995 | 鲁谷 10 号 | 山东省农业科学院作物研究所 | 豫谷 1 号 × 不 5019 单 5 |
| 10 | 1998 | 谷丰 1 号 | 河北省农林科学院谷子研究所 | (474 × 大白谷) × 日本早熟 1 号 |
| 11 | 2002 | 济谷 12 | 山东省农业科学院作物研究所 | 郑 737 青 × 86-509 |
| 12 | 2004 | 冀谷 19 | 河北省农林科学院谷子研究所 | 矮 88 × 青丰谷 |
| 13 | 2006 | 冀谷 25 | 河北省农林科学院谷子研究所 | WR1 × 冀谷 14 |
| 14 | 2008 | 保谷 18 | 河北省保定市农业科学研究所 | 郑 881407-1 × 保 849 |
| 15 | 2009 | 沧谷 4 号 | 河北省沧州市农业科学研究所 | 528 × 冀谷 14 |
| 16 | 2009 | 豫谷 15 | 河南省安阳市农业科学研究所 | 豫谷 9 号 × 安 99-2231 |
| 17 | 2011 | 衡谷 10 号 | 河北省衡水旱作农业研究所 | 冀谷 15 × 郑 9188 |
| 18 | 2012 | 豫谷 18 | 河南省安阳市农业科学研究所 | 豫谷 1 号 × 安 096 |
| 19 | 2013 | 济谷 16 | 山东省农业科学院作物研究所 | 济 8787 × 冀谷 25 |
| 20 | 2015 | 济谷 18 | 山东省农业科学院作物研究所 | 济 8304 × 冀谷 30 |

1.2 SSR 标记分析

取幼苗叶片采用天根生化科技公司的 DNA 提取试剂盒提取, SSR 标记选用张晗等^[18]筛选的 82 对引物, 引物由上海生工生物技术有限公司合成。

PCR 反应体系: 1 μ L 模板 DNA, 正反向引物各 2 μ L (10 mmol/L), 1 μ L 去离子水, 3 μ L PCR 扩增混合液。PCR 反应程序为: 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 58 $^{\circ}$ C 复性 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 共 34 个循环; 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min。

PCR 扩增产物用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳法进行分离。电泳缓冲液用 1 \times TBE, 上样量为 2 μ L, 电泳仪 (DYU-6C 型) 采用 200 V 恒定电压法, 电泳 1 h。电泳结束后采用银染法显色, 拍照, 记录结果。

1.3 数据统计与分析

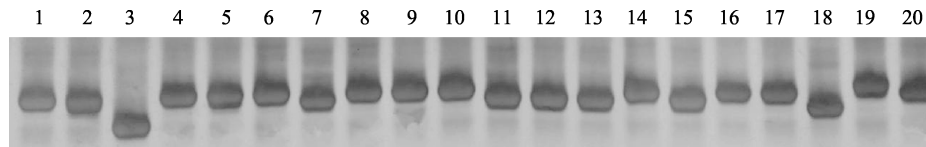
应用 Powermarker 3.25^[19] 软件计算多态性信息含量 (PIC, polymorphism information content), $PIC=1-\sum_{j=1}^i p_{ij}^2$, 式中 p_{ij} 表示位点 i 的第 j 个等位变异出现的频率。利用 Microsoft Excel 2007 和 SAS

统计分析软件进行数据统计分析。对具有多态性条带的读取按 1、0 系统记录, 有条带的记录为 1, 无条带的记录为 0。用读取的数据构建^[1,0]二元矩阵, 并将此二元矩阵作为基础分析谷子的遗传多样性。利用 NTSYS-pc2.1 软件对二元矩阵进行 UPGMA 聚类分析, 并计算品种间的遗传距离。

2 结果与分析

2.1 不同年代谷子品种 SSR 标记的遗传多态性

利用选取的 82 对 SSR 引物对试验材料进行扩增, 结果显示: 选用的 82 对引物均能在 20 个谷子品种中扩增出清晰的条带, 其中具有多态性的 49 对, 引物多态性的检出率为 59.8%。49 对有多态性的引物在 20 个谷子品种中共检测出等位变异基因 142 个, 多态性位点变化范围为 2~7 个, 平均每个等位基因检测到多态位点 2.96 个 (图 1, 表 2)。供试材料标记位点的 PIC 变化范围为 0.0904~0.6896, 平均为 0.4168。



1~20 为品种编号同表 1

1-20 mean the code of varieties, they are the same as Table 1

图 1 引物 S81 电泳图谱

Fig. 1 Electrophoresis pattern with primer S81

表 2 49 对 SSR 引物在 20 份供试材料中的扩增

Table 2 PCR amplification using 48 pairs of SSR primers in 20 tested varieties

| 引物名称 Name | 重复基元 SSR motif | 正向引物 Forward primer | 反向引物 Reverse primer | 多态性 条带 Specific band | 多态性 信息量 PIC |
|--------------|-------------------|-----------------------------|------------------------------|----------------------------|-------------------|
| S016 | (TC)39(AC)16 | CAATGTTGGTCGGTCTGTCTCG | TCCACATCACCTTCCTTTCTTTCC | 3 | 0.5862 |
| S059 | (AC)23 | CTTCTCGGTGGTTTGCTCTTTACAT | GCCTTGAAGAGCATCGTGTGGT | 3 | 0.5129 |
| S060 | (AC)22 | TTCAAAGGCTCCAATAGACATCCAT | CCACTCATAAAAAATATCATCCCCAACT | 4 | 0.4401 |
| S062 | (AT)20 | TGTTTTAGTGCTGGGTGCCTTAC | GGGGATTGGCGGATGATGAC | 2 | 0.3318 |
| S066 | (TTA)21 | TAGGCTATCAGGGCAATGTTTC | CTACGATGATTGAGTCTACCGATT | 3 | 0.4604 |
| S067 | (AT)21 | GATTACTAACACTGTAGCACATTCC | CTACCAAGTCACAACCGATTTCAT | 4 | 0.4916 |
| S068 | (ACAT)25 | CGCTGGCACACACTTTACTCCTTAT | ATGTTTGGTTGAGTGTGGGGTAGAT | 2 | 0.3515 |
| S069 | (TA)25 | CGGCTTCTAAAGTTTGTAGTGC | GGCTAGCTGACTTCGTGTAGTTTCT | 2 | 0.3515 |
| S081 | (GATA)14 | GTAGGTCCGTCCAAGGAAGTTTCAGCC | GAGTGCTCACCCGCAGCCGTATTAT | 2 | 0.3515 |
| S088 | (CT)30 | ATTACACACGATAGACCTGGGAAAG | ATGAACTAATGAGGGTGAAGGAAGAC | 2 | 0.2688 |
| S099 | (AT)36 | CAACACAGCCAACCGCCAACCTACC | TGGATGGGCTCGGGTACGGAAT | 3 | 0.4102 |
| S100 | (TA)29 | GGAATAGTTGTGTTGTGCGCTGGT | GCATGAAGGACAAGACAACAATAAGGG | 7 | 0.6788 |

表 2 (续)

| 引物 名称 Name | 重复基元 SSR motif | 正向引物 Forward primer | 反向引物 Reverse primer | 多态性 条带 Specific band | 多态性 信息量 PIC |
|------------------|-------------------------------|---------------------------|----------------------------|-------------------------------|-------------------|
| S121 | (TCA) 20 | CGTTTGCCCATCCACCCCTAT | TGGACGGTGAGATGACTGGTAAGAC | 2 | 0.2688 |
| S125 | (AC) 49 | TAGGGTATGGCTACTTACAGAGGT | GCCAGTGTCAGTATTTGTGC | 5 | 0.6722 |
| S127 | (AC) 34 | GGAGTCCACATGGATAGTGTTCACG | GTCCAACGGTCAGCAGAAAAGCAT | 4 | 0.6398 |
| S128 | (TC) 20 (AC) 15 (CA) 14 | ATGGCAGCAGGAGATTGGAGAG | CTTGACCTTCTTCTACAACCTGTCCC | 2 | 0.3318 |
| S129 | (CA) 23 | CAGCTCCATCAGCGAAGAACTAACT | GACAGAGCCATGTGTGCCGTAC | 2 | 0.3725 |
| S172 | (TC) 43 | GCAAAGGTAAACGGACAGGCAC | GATGTTTCTTTGTGCGCCATTGTT | 3 | 0.4102 |
| S174 | (AG) 48 | CACCAACTTGCTTTTCCCTCCAT | TGAACCTGCTGCTCGACCCCT | 3 | 0.4824 |
| S175 | (ATGAT) 11 | CGTCTTCACGAAAAGTAACCAG | GGATGAGTAACATGAGCACCAAAT | 2 | 0.1638 |
| S178 | (TA) 29 | CTTCAATGGTCGGTTTTTCTGT | ATTCGTGTATGTCGCTTCTCCT | 4 | 0.6116 |
| S181 | (CT) 47 | TGACACCCATCGGTCTCACTTG | GCCTAACCTGGTCTTCGTTTTG | 3 | 0.4359 |
| S183 | (AT) 23 | GACCACATTGTCTTTTCTTCTG | AATCCCTGATCGGTAATGCTTT | 2 | 0.2688 |
| S184 | (CT) 11 (CA) 9 | TAAGTGAAGTAGAAAAGTGGGCGGC | GATAGGAGATGGTAGGCAGTGGCT | 2 | 0.3047 |
| S188 | (GTAT) 33 | CTGCGAGTATTCCTGTGTCTT | GTATCTCATCACCATCCATGTAGC | 3 | 0.5594 |
| S190 | (GA) 31 | GTAAACACACACCTTGGTCCCTTC | GACAGGCTCTCAGCTACCCCTACAT | 4 | 0.6424 |
| S191 | (TC) 26 | TCGTTCTTGGCTGGAGGTTAG | CTGGACCATCGACCCTGTTTC | 2 | 0.0904 |
| S192 | (GA) 36 | CAGTGGCTGCCAGTTCATTC | TTCCTGCTGTCCCTCTATGACTGTA | 2 | 0.3515 |
| S195 | (AAT) 20 | GTATGCCCCCTCTAAGGTTCTGG | TAAGGCTCTTCTTGGGTGTTTC | 3 | 0.3490 |
| S201 | (TA) 34 | GGAGGAAGCCAAACACTCTACT | TACAGCCTTACATGAACAGCG | 3 | 0.4910 |
| S209 | (TAA) 18 | TGTTTTGGTTCTCCGTAGTTGG | GTAGGTGTTGCCTCCTTTGCTC | 2 | 0.3047 |
| S218 | (ATATAC) 13 (ATATAC) 7 | GATGCTGGTTGAAGACTTGAG | TGAGAGGAATTAAGAATGGCGAC | 3 | 0.4910 |
| S220 | (CT) 41 | GGCTAAATTCCTCACATGCTTCTCT | GCCGCCATGTTGCTTGTGACT | 2 | 0.3047 |
| S222 | (TA) 20 | CTTCCTTTGTTTTACCGTTAG | GGAGCAAAAAGTGGGTCTATTATT | 4 | 0.5538 |
| S229 | (CT) 44 | CTGGGAAAACGCATTGAATTGAACC | CGAACAAGAAGGACAGCGAGGC | 2 | 0.3648 |
| S231 | (CA) 21 | GCACAATCTATAAAATGGGAAAC | TCGGTTGGTAGATGAGATGTTAG | 2 | 0.3318 |
| S233 | (AC) 44 | GCATTGCGGGTATTCGGTAGTT | TAAAGGAGGGGCAGATAGTGAAGAG | 2 | 0.2225 |
| S255 | (TGTA) 11 | TTTGATTCTGGCTTGTAATGTGAG | GAACATGGCATGGCAATTAGACAG | 4 | 0.4401 |
| S262 | (TG) 41 | TTGAGAAGAAACCCTGTGAGAAT | CCAAGTAAGCATAGAGTAAACCGT | 4 | 0.5621 |
| S264 | (AT) 20 | TCCCTCCGTCCCAAAATACTGTT | CGAGGTGGAACCCAGTGCTTG | 3 | 0.4824 |
| S278 | (TC) 27 | GCTGTCTACCAAATTGAAGGCAT | TCCACCCAAGGAAGGTGAACT | 3 | 0.4992 |
| S282 | (CT) 23 | CGATGATCCACAGATCCACCAGT | GTATTATTGCTCCGTGCCTCCG | 3 | 0.5270 |
| S285 | (TA) 25 | GAGTTTTCAGCAGTGACCAGCCT | GGGTCCTTACAGCCATCCTTG | 2 | 0.3648 |
| S292 | (CT) 16 (GA) 29 | CATCACCTCAAGTTGTGCCACG | AGCCACTAGCTGCACCAGGAAAG | 2 | 0.3047 |
| S294 | (GA) 35 | CATACTGCCCCGTGTCGTTTCC | CGATGTAGATTAAGGCCCATTTGAG | 2 | 0.1638 |
| S296 | (CT) 36 | GAGCATTACTGGCACATAAACGG | GAACCTGATCTTGAGAGGAGGGGC | 4 | 0.4523 |
| S297 | (TA) 6 (CA) 15 | ACAAGCACATACCTCGCAAAAG | GAACACCAGCTACGCTACCAGT | 5 | 0.6896 |
| S298 | (AG) 22 | CATAGGAGTATTTCCCGAACCAGT | TTATGCCTGCTGATCTTGAGTTGT | 2 | 0.3318 |
| S302 | (CT) 22 | GTGATGCTGGCTGTGGGCTTC | GTTCTCTCTGCTGTTTGCTCC | 3 | 0.3515 |

2.2 不同年代谷子品种遗传距离的分析

20 份谷子品种间遗传距离的变幅为 0.0173~0.9000(表 3), 平均遗传距离为 0.4045。衡谷 10 号与青丰谷的遗传距离最远为 0.9000; 此外, 鲁谷 5 号与豫谷 5 号、济谷 18 的遗传距离均为 0.8903, 保谷 18 与鲁谷 6 号的遗传距离为 0.8326, 表明这些材料间的遗传差异较大, 亲缘关系较远。

冀谷 11 与冀谷 14 间遗传距离最近为 0.0173; 此外, 济谷 18 与豫谷 1 号的遗传距离为 0.1380, 衡谷 10 号与豫谷 15 的遗传距离为 0.1749, 说明这些品种之间的遗传差异较小, 亲缘关系较近。1980s、1990s、2000s、2010s 育成品种之间的遗传距离分别为 0.3653、0.3292、0.2812、0.2100, 表明随着年代的递进育成品种之间的遗传距离减小(图 2)。

表 3 20 个谷子品种之间的遗传距离

Table 3 The genetic distance among 20 foxtail millet varieties

| 品种 Varieties | 冀谷 11 | 冀谷 14 | 谷丰 1 号 | 冀谷 19 | 冀谷 25 | 青丰谷 | 沧谷 4 号 | 保谷 18 | 衡谷 10 号 | 鲁谷 5 号 |
|-----------------|--------|---------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|--------|
| 冀谷 11 | 0.0000 | | | | | | | | | |
| 冀谷 14 | 0.0173 | 0.0000 | | | | | | | | |
| 谷丰 1 号 | 0.4200 | 0.4258 | 0.0000 | | | | | | | |
| 冀谷 19 | 0.6336 | 0.6112 | 0.5390 | 0.0000 | | | | | | |
| 冀谷 25 | 0.3570 | 0.3627 | 0.4195 | 0.4498 | 0.0000 | | | | | |
| 青丰谷 | 0.7816 | 0.7873 | 0.7247 | 0.4682 | 0.3649 | 0.0000 | | | | |
| 沧谷 4 号 | 0.2394 | 0.2452 | 0.4119 | 0.7202 | 0.3077 | 0.5758 | 0.0000 | | | |
| 保谷 18 | 0.1878 | 0.1793 | 0.4499 | 0.5218 | 0.3644 | 0.6466 | 0.1943 | 0.0000 | | |
| 衡谷 10 号 | 0.2193 | 0.2250 | 0.3781 | 0.6505 | 0.4103 | 0.9000 | 0.2959 | 0.2200 | 0.0000 | |
| 鲁谷 5 号 | 0.6478 | 0.6228 | 0.6177 | 0.7456 | 0.4856 | 0.5470 | 0.6787 | 0.7518 | 0.5453 | 0.0000 |
| 鲁谷 6 号 | 0.6317 | 0.5802 | 0.6622 | 0.6622 | 0.5011 | 0.7738 | 0.7582 | 0.8326 | 0.6504 | 0.5868 |
| 鲁谷 10 号 | 0.3245 | 0.3476 | 0.3585 | 0.3704 | 0.2229 | 0.5000 | 0.2920 | 0.3123 | 0.3541 | 0.5669 |
| 济谷 12 | 0.3105 | 0.3162 | 0.3784 | 0.3667 | 0.3330 | 0.5506 | 0.3860 | 0.3148 | 0.3376 | 0.7203 |
| 济谷 16 | 0.2460 | 0.2517 | 0.6214 | 0.6016 | 0.3912 | 0.6841 | 0.3670 | 0.3148 | 0.3376 | 0.6185 |
| 济谷 18 | 0.2673 | 0.2730 | 0.4769 | 0.4124 | 0.3645 | 0.6224 | 0.2852 | 0.2881 | 0.2932 | 0.8903 |
| 豫谷 1 号 | 0.1843 | 0.1766 | 0.4048 | 0.4502 | 0.2279 | 0.6341 | 0.2161 | 0.1961 | 0.2568 | 0.7348 |
| 豫谷 2 号 | 0.4898 | 0.4720 | 0.5775 | 0.6183 | 0.2972 | 0.5067 | 0.4710 | 0.5869 | 0.4719 | 0.4739 |
| 豫谷 5 号 | 0.3709 | 0.3949 | 0.3917 | 0.6355 | 0.4479 | 0.6224 | 0.3216 | 0.3596 | 0.4444 | 0.8903 |
| 豫谷 15 | 0.2619 | 0.2676 | 0.3163 | 0.5759 | 0.3644 | 0.7897 | 0.3434 | 0.3124 | 0.1749 | 0.6182 |
| 豫谷 18 | 0.4509 | 0.4772 | 0.4869 | 0.4548 | 0.4799 | 0.6220 | 0.4909 | 0.4630 | 0.3305 | 0.7715 |
| 品种 Varieties | 鲁谷 6 号 | 鲁谷 10 号 | 济谷 12 | 济谷 16 | 济谷 18 | 豫谷 1 号 | 豫谷 2 号 | 豫谷 5 号 | 豫谷 15 | 豫谷 18 |
| 鲁谷 6 号 | 0.0000 | | | | | | | | | |
| 鲁谷 10 号 | 0.4662 | 0.0000 | | | | | | | | |
| 济谷 12 | 0.5416 | 0.2986 | 0.0000 | | | | | | | |
| 济谷 16 | 0.6005 | 0.3921 | 0.2329 | 0.0000 | | | | | | |
| 济谷 18 | 0.6046 | 0.2029 | 0.2741 | 0.3853 | 0.0000 | | | | | |
| 豫谷 1 号 | 0.6252 | 0.2178 | 0.2377 | 0.3165 | 0.1380 | 0.0000 | | | | |
| 豫谷 2 号 | 0.6615 | 0.4089 | 0.4775 | 0.5829 | 0.5021 | 0.4433 | 0.0000 | | | |
| 豫谷 5 号 | 0.7745 | 0.3852 | 0.4459 | 0.6283 | 0.3015 | 0.2735 | 0.5844 | 0.0000 | | |
| 豫谷 15 | 0.5449 | 0.3123 | 0.3499 | 0.4240 | 0.2542 | 0.2247 | 0.4137 | 0.2711 | 0.0000 | |
| 豫谷 18 | 0.4513 | 0.4331 | 0.2212 | 0.3898 | 0.3632 | 0.3949 | 0.4407 | 0.4483 | 0.3619 | 0.0000 |

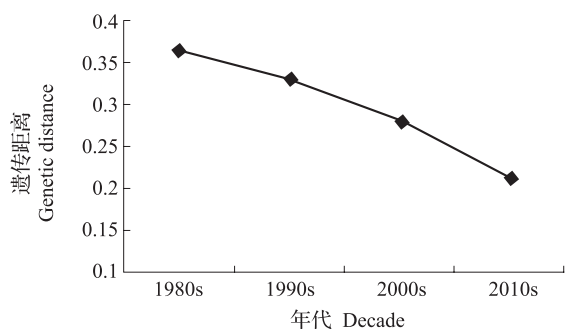


图2 华北夏谷区不同年代育成的20个谷子品种间的遗传距离
Fig. 2 The genetic distance of 20 foxtail millet varieties in North China summer-sowing region in different decades

2.3 不同年代谷子品种的遗传聚类分析

用NTSYSpc-2.10软件中UPGMA方法对20个谷子品种进行遗传聚类分析(图3)。在遗传相似系数为0.97时,20个谷子品种被完全分开,多数材料的遗传相似系数较高。在遗传相似系数为0.54

时,20个品种被分为3个类群,第I类群是谷丰1号,该品种是河北省农林科学院以低世代的杂种后代(474×大白谷)×日本早熟1号为材料,采用诱变技术培育而成。该品种叶片上冲,株型好,其突出特点是具有较强的分蘖成穗能力,在形态上与其他品种有显著差别。通过SSR分子标记也说明谷丰1号较其他谷子品种的遗传距离最远。第II类群品种最多,包括12个品种,占参试品种的60%。由表1中20个品种的来源可知,沧谷4号的父本为冀谷14,豫谷5号与豫谷18的母本为豫谷1号,基于遗传距离的聚类与遗传背景吻合。第III类群包括7个品种,其中冀谷19与其父本青丰谷聚为一个亚类。而第II类群与第III类群中有部分品种具有亲缘关系如:济谷16的父本为冀谷25、鲁谷10号的母本为豫谷1号等却未被聚为一类,造成这种现象的原因可能与品种地域或引物的选取有关。

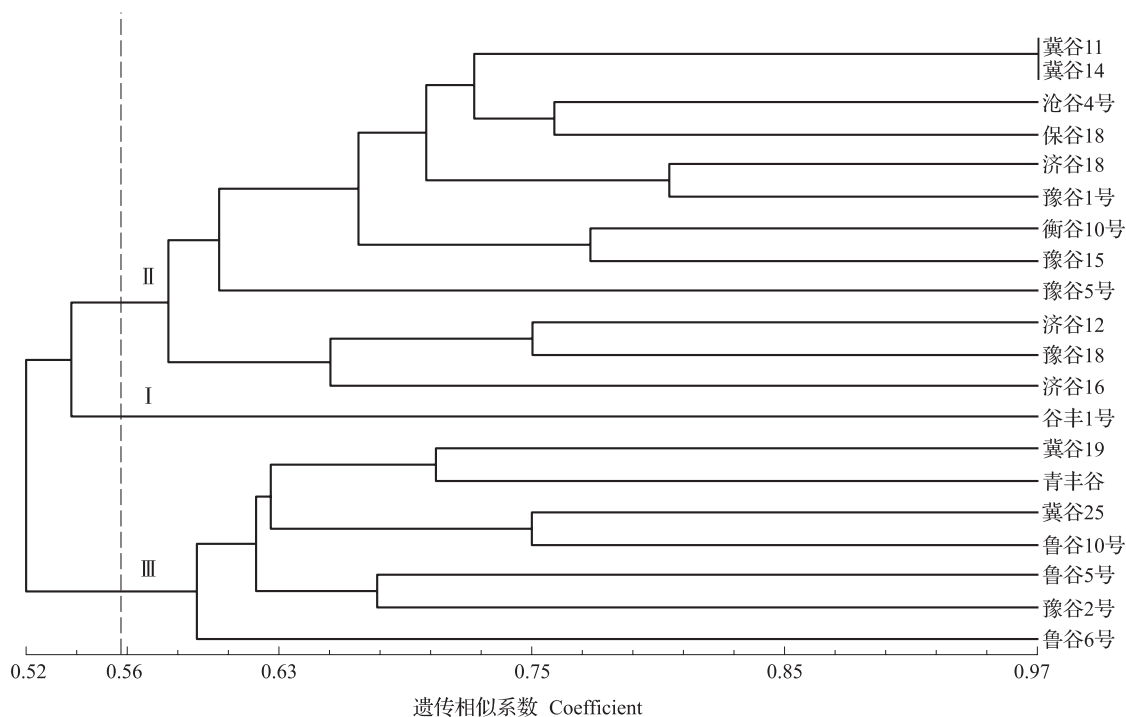


图3 20个谷子品种SSR标记的聚类图
Fig. 3 Dendrogram of 20 foxtail millet varieties based on SSR markers

3 讨论

本试验选用的82对SSR引物对不同年代20个谷子品种进行扩增,其中有49对引物能在20个谷子品种中扩增出具有多态性的条带,引物多态性的检出率为59.8%,49对有多态性的引物在供试材料中共检测出142个等位变异基因,平均每个位点检测出的等位变异数位为2.96个,标记位点的平均

PIC为0.4168,根据Botstein等^[20]对高、中、低度多态性位点的划分,本研究的多态性位点有11个SSR属于高度多态性位点($PIC \geq 0.5$);34个为中度多态性位点($0.25 < PIC < 0.5$);4个为低度多态性位点($PIC \leq 0.25$)。检测到的平均等位变异低于朱学海等^[21]等所检测到平均等位变异14.5个,以及Jia等^[22]利用37个SSR在40份谷子材料所检测到的

平均等位变异 6.16 个。但与王姗姗等^[23]用 28 对 SSR 标记检测 8 个谷子品种平均每个位点检测出 3.07 个等位变异, 杨天育等^[24]用 7 对引物检测 20 个谷子品种平均每个位点 2.71 个等位变异的研究结果相近。造成的原因可能有, 一方面是供试材料都来自相同的生态区华北夏谷区, 本身的遗传差异较小。刘正理等^[17]对华北夏谷区谷子品种的骨干亲本的系谱进行追踪发现, 夏谷区谷子品种由于育种手段单一和对少数骨干亲本的集中利用, 致使华北夏谷区谷子品种的遗传基础相当狭窄; 另一方面可能与引物的多态性低有关, 本试验利用的 82 对引物中有 33 对引物能稳定的扩增出条带但没有多态性。

分析不同年代供试材料的遗传距离, 结果显示衡谷 10 号与青丰谷遗传距离较大, 亲缘关系较远。冀谷 11 与冀谷 14 的遗传距离最小, 亲缘关系较近。各年代品种之间的平均遗传距离, 由大到小依次是 1980s>1990s>2000s>2010s, 随着年代的递进育成品种的遗传差异减小, 亲缘关系增进。SSR 聚类分析结果显示, 20 个谷子品种的遗传相似系数较高, 表明华北地区近年来育成品种的遗传基础比较狭窄。在遗传相似系数为 0.54 时, 20 个品种被分为 3 个类群, 聚类结果与品种的系谱、地域来源均有一定的相关性, 能够将亲缘关系远近不同、地理来源不同的品种大致区分开来。丁银灯等^[25]等利用 SSR 标记对国内外 124 份谷子进行 SSR 遗传多样性分析也表明 SSR 聚类分析存在明显的地理聚类特征。

综上所述, 华北夏谷区谷子品种遗传多样性较低, 遗传基础狭窄。建议育种单位在选配亲本时, 注重引入具有不同遗传背景、优异性状互补的品种资源作亲本, 以选育出遗传背景丰富的优异谷子品种。

参考文献

- [1] Dwivedi S, Upadhyaya H, Senthilvel S, Hash C, Fukunaga K, Diao X, Santra D, Baltensperger D, Prasad M. Millets: genetic and genomic resources. *Plant Breeding Reviews*, 2011, 35: 247-375
- [2] Doust A N, Kellogg E A, Devos K M, Bennetzen J L. Foxtail millet: a sequence-driven grass model system. *Plant Physiology*, 2009, 149: 137-141
- [3] Li P, Brutnell T P. *Setaria viridis* and *Setaria italica*, model genetic systems for the Panicoid grasses. *Journal of Experimental Botany*, 2011, 62: 3031-3037
- [4] Bennetzen J L, Schmutz J, Wang H, Percifield R, Hawkins J, Pontaroli A C, Estep M, Feng L, Vaughn J N, Grimwood J, Jenkins J, Barry K, Lindquist E, Hellsten U, Deshpande S, Wang X, Wu X, Mitros T, Triplett J, Yang X, Ye C Y, Mauro-Herrera M, Wang L, Li P, Sharma M, Sharma R, Ronald P C, Panaud O, Kellogg E A, Brutnell T P, Doust A N, Tuskan G A, Rokhsar D, Devos K M. Reference genome sequence of the model plant *Setaria*. *Nature Biotechnology*, 2012, 30: 555-561
- [5] Zhang G Y, Liu X, Quan Z W, Cheng S F, Xu X, Pan S K, Xie M, Zeng P, Yue Z, Wang W L, Tao Y, Bian C, Han C L, Xia Q J, Peng X H, Cao R, Yang X H, Zhan D L, Hu J C, Zhang Y X, Li H N, Li H, Li N, Wang J Y, Wang C C, Wang R Y, Guo T, Cai Y J, Liu C Z, Xiang H T, Shi Q X, Huang P, Chen Q C, Li Y R, Wang J, Zhao Z H, Wang J. Genome sequence of foxtail millet (*Setaria italica*) provides insights into grass evolution and biofuel potential. *Nature Biotechnology*, 2012, 30: 549-554
- [6] Sato K, Mukainari Y, Naito K, Fukunaga K. Construction of a foxtail millet linkage map and mapping *spikelet-tipped bristles 1* (*stb1*) by using transposon display markers and simple sequence repeat markers with genome sequence information. *Molecular Breeding*, 2013, 31: 675-684
- [7] Jia G Q, Huang X H, Zhi H, Zhao Y, Zhao Q, Li W J, Chai Y, Yang L F, Liu K Y, Lu H Y, Zhu C R, Lu Y Q, Zhou C C, Fan D L, Weng Q J, Guo Y L, Huang T, Zhang L, Lu T T, Feng Q, Hao H F, Liu H K, Lu P, Zhang N, Li Y H, Guo E H, Wang S J, Wang S Y, Liu J R, Zhang W F, Chen G Q, Zhang B J, Li W, Wang Y F, Li H Q, Zhao B H, Li J Y, Diao X M, Han B. A haplotype map of genomic variations and genome-wide association studies of agronomic traits in foxtail millet (*Setaria italica*). *Nature Genetics*, 2013, 45: 957-961
- [8] Kumar P, Gupta V K, Misra A K, Modi D R, Pandey B K. Potential of molecular markers in plant biotechnology. *Plant OMIC*, 2009, 2: 141-162
- [9] Shahroodian S H, Azadfar D, Soltanloo H, Ramezani S. Genetic variability in natural Iranian populations of *Cupressus sempervirens* var. *horizontalis* in Caspian Sea coastward assessed by SSR markers. *Plant OMIC*, 2011, 4: 19-24
- [10] Liu Z, Bai G, Zhang D, Znu C, Xia X, Cheng Z, Shi Z. Genetic diversity and population structure of elite foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P.Beauv.) germplasm in China. *Crop Science*, 2011, 51: 1655-1663
- [11] Kim E J, Sa K J, Park K C, Lee J K. Study of genetic diversity and relationship among accessions of foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P.Beauv.] in Korea, China and Pakistan using SSR markers. *Genes Genomics*, 2012, 34: 529-538
- [12] Lin H S, Liao G I, Chiang C Y, Kuoh C S, Chang S B. Genetic diversity in the foxtail millet (*Setaria italica*) germplasm as determined by agronomic traits and microsatellite markers. *Australian Journal of Crop Sciences*, 2012, 6: 342-349
- [13] Gupta S, Kumari K, Muthamilarasan M, Parida S K, Prasad M. Population structure and association mapping of yield contributing agronomic traits in foxtail millet. *Plant Cell Reports*, 2014, 33 (6): 881-893
- [14] 王晓宇, 刁现民, 王节之, 王春芳, 王根全, 郝晓芬, 梁增浩, 王雪梅, 赵芳芳. 谷子 SSR 分子图谱的构建及主要农艺性状 QTL 定位. *植物遗传资源学报*, 2013, 14 (5): 871-878

Wang X Y, Diao X M, Wang J Z, Wang C F, Wang G Q, Hao X F, Liang Z H, Wang X M, Zhao F F. Construction of genetic map and QTL analysis of some main agronomic traits in millet. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, 14 (5): 871-878

- [15] Fang X M, Dong K J, Wang X Q, Tian P, He J H, Ren R Y, Zhang L, Liu R, Liu X Y, Li M, Huang M Z, Zhang Z H, Yang T Y. A high density genetic map and QTL for agronomic and yield traits in Foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P.Beauv.]. BMC Genomics, 2016, 17: 336-347
- [16] Hisato M, Hiroki T, Yohei M, Ryohei T, Kenji F. Genetic analysis of *NEKODE1* gene involved in panicle branching of foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P.Beauv., and mapping by using QTL-seq. Molecular Breeding, 2016, 36: 59-66
- [17] 刘正理, 程汝宏, 张凤莲, 夏雪岩, 师志刚, 侯升林. 华北夏谷区主要谷子品种及其系谱演变与遗传基础分析. 华北农学报, 2006, 21 (Z2): 103-109
Liu Z L, Cheng R H, Zhang F L, Xia X Y, Shi Z G, Hou S L. Millet variety in Boreali-Sinica Summer Millets Region and its pedigree evolution and analysis on genetic foundation. Acta Agriculturae Boreali-Sinica. 2016, 21 (Z2): 103-109
- [18] 张晗, 王雪梅, 王东建, 孙加梅, 杨延兵, 段丽丽, 李华, 宋国安, 王晓宇, 李汝玉. 谷子基因组 SSR 信息分析和标记开发. 分子植物育种, 2013, 11 (1): 30-36
Zhang H, Wang X M, Wang D J, Sun J M, Yang Y B, Duan L L, Li H, Song G A, Wang X Y, Li R Y. Survey of SSR in foxtail millet genome and development of SSR markers. Molecular Plant Breeding, 2013, 11 (1): 30-36
- [19] Liu K J, Muse S V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. Bioinformatics, 2005, 21: 2128-2129
- [20] Botstein D, White R L, Skolnick M, Davis R W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American journal of human genetics, 1980, 32 (3): 314-331
- [21] 朱学海, 张艳红, 宋燕春, 赵治海, 刘志斋, 石云素, 黎裕, 王天宇. 基于 SSR 标记的谷子遗传多样性研究. 植物遗传资源学报, 2010, 11 (6): 698-702
Zhu X H, Zhang Y H, Song Y C, Zhao Z H, Liu Z Z, Shi Y S, Li Y, Wang T Y. Genetic diversity analysis of foxtail millet accessions revealed by SSR markers. Journal of Plant Genetic Resources, 2010, 11 (6): 698-702
- [22] Jia X P, Zhang Z B, Liu Y H, Zhang C W, Shi Y S, Song Y C, Wang T Y, Li Y. Development and genetic mapping of SSR markers in foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P.Beauv.]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 118: 821-829
- [23] 王姗姗, 张宁, 王凯玺, 阮亚男, 王红艳. 中国辽西地区谷子品种遗传多样性的 SSR 分析. 分子植物育种, 2015, 15 (5): 1091-1097
Wang S S, Zhang N, Wang K X, Ruan Y N, Wang H Y. Genetic diversity of foxtail millet cultivars in western Liaoning province revealed by SSR markers. Molecular Plant Breeding, 2015, 15 (5): 1091-1097
- [24] 杨天育, 牟平, 孙万仓, 何继红, 董孔军. 中国北部高原地区谷子品种遗传差异的 SSR 分析. 西北植物学报, 2010, 30 (9): 1786-1791
Yang T Y, Mou P, Sun W C, He J H, Dong K J. Genetic variation of foxtail millet cultivars in north plateau region of China by SSR markers. Acta Boreali-occidentalia Sinica, 2010, 30 (9): 1786-1791
- [25] 丁银灯, 胡相伟, 聂石辉, 王仙, 冯国郡, 耿洪伟, 郭丁. 谷子种质资源表型及 SSR 遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2018, 19 (6): 1210-1221
Ding Y D, Hu X W, Nie S H, Wang X, Feng G J, Geng H W, Guo D. Analysis of phenotypic traits and SSR genetic diversity of foxtail millet germplasms. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19 (6): 1210-1221