

# 国内外甜高粱种质遗传多样性的 SSR 分析

赵香娜<sup>1,2</sup>, 岳美琪<sup>1</sup>, 刘 洋<sup>1</sup>, 顿宝庆<sup>1</sup>, 赵伟华<sup>1</sup>, 谭 亮<sup>3</sup> 李桂英<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>中国农业科学院作物科学研究所/生物质能源研究中心/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京 100081;

<sup>2</sup>河北省邢台农科院, 邢台 054000; <sup>3</sup>河北机电职业技术学院人文与管理工程系, 邢台 054000)

**摘要:**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, 共检测出 220 个等位基因, 每对引物检测出 2~19 个等位基因。引物位点的多态信息含量指数 (PIC) 变幅在 0.50~0.87。利用 220 个多态性标记计算 206 份甜高粱品种之间的遗传相似系数 (GS), 范围在 0.32~0.96 之间。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, B 组只包含 3 个品种, 与其他品种遗传关系较远, A 组进一步被分成 15 个类群, 农艺性状近似的聚在同一类群。

**关键词:**甜高粱; 遗传多样性; SSR 标记

## Genetic Diversity of Domestic and Foreign Sweet Sorghum Germplasm Revealed by SSR Markers

ZHAO Xiang-na<sup>1,2</sup>, YUE Mei-qi<sup>1</sup>, LIU Yang<sup>1</sup>,

DUN Bao-qing<sup>1</sup>, ZHAO Wei-hua<sup>1</sup>, TAN Liang<sup>3</sup>, LI Gui-ying<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Biomass Energy Research Center/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; <sup>2</sup>Xingtai Institute of Agricultural Science, Xingtai 054000; <sup>3</sup>Humanities & Management Department, Hebei Institute of Machinery Electricity, Xingtai 054000)

**Abstract:** Simple sequence repeats (SSR) markers were adopted in heterotic grouping of 206 sweet sorghum germplasms. Twenty-four SSR primers giving stable amplified profiles detected 220 alleles among the lines tested. The average number of alleles per SSR locus was 8.19 with arrange from 2 to 19. The value of polymorphism information content (PIC) for each SSR locus varied from 0.50 to 0.87 with an average of 0.76. The genetic similarity coefficients (GS) between 206 sweet sorghum varieties were calculated using 220 alleles, ranging from 0.32 to 0.96, with an average 0.69. Cluster analysis was done for 206 accessions using the genetic similarity matrix by way of UPGMA. They were divided into two groups A, B. Group A was further divided into 15 subgroups.

**Key words:** *Sorghum bicolor*; Genetic diversity; Simple sequence repeat marker

在世界化石能源愈来愈匮乏的情况下, 生物质能源的研究和开发日益紧迫。甜高粱作为能源作物无疑显示了其可观的前景, 受到世人的广泛关注<sup>[1-4]</sup>。目前, 对现有甜高粱资源的研究还停留在农艺性状的初步观察上, 对其遗传多样性研究很少, 在甜高粱育种亲本选配和组合配置中仍存在很大盲目性, 从而限制了育种水平的提高。近年来, 分子标记的飞速发展

为在分子水平上研究甜高粱的遗传多样性提供了新的手段。SSR 标记又称为简单重复序列, 具有共显性、高度重复性、多态性好、稳定可靠以及经济方便等优点<sup>[5-6]</sup>。SSR 标记是一种优良的共显性标记, 可以在连锁分析中提供比显性标记更为丰富的信息<sup>[7-8]</sup>, SSR 基于 PCR 技术, 有利于标记分析的自动化; SSR 标记稳定性和重复性比 RAPD 高; 操作步骤比 AFLP、

收稿日期: 2009-07-09 修回日期: 2010-01-08

基金项目: “十一五”科技支撑计划项目 (2006BAD07A04, 2009BADA7B01, 2008BAD97B07); 公益性行业科研专项经费项目 (3-30-1)

作者简介: 赵香娜, 硕士, 研究方向为作物遗传育种。E-mail: zhaoxiangna@yahoo.cn

通讯作者: 李桂英, 研究员, 博士, 主要从事能源作物与生物质工程研究。E-mail: liguiying@caas.net.cn

RFLP 等简单。Ali 等<sup>[9]</sup>用 SSR 分析了 72 个甜高粱材料,得到的聚类结果与已知的家谱和遗传背景信息相吻合。本文在对 206 份甜高粱主要农艺性状研究<sup>[10]</sup>的基础上,利用 SSR 标记进行遗传多样性评价,研究不同品种之间的遗传变异和亲缘关系,为合理利用甜高粱资源提供参考依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

甜高粱材料共 206 份,其中国外 113 份,国内 93 份,详见参考文献[10]。

### 1.2 SSR 标记分析

**1.2.1 DNA 提取** 每个品种随机选取 20 粒种子发芽培养,混合剪取幼苗叶片放入研钵中加液氮研磨,采用 CTAB 法提取甜高粱基因组 DNA<sup>[11]</sup>。

**1.2.2 SSR 标记检测** SSR 引物序列来源于 <http://algodon.tamu.edu/sorghumdb.html>,由上海生工(Sangon)生物工程公司合成。PCR 反应体系为 20 $\mu$ l,总体积中包含 1  $\times$  buffer (50mmol/L KCl, 10mmol/L Tris-HCl, 0.01% 明胶), MgCl<sub>2</sub> 1.5mmol/L, dNTP(A, T, C, G) 各 250 $\mu$ mol/L, TaqDNA 聚合酶 1U、每条引物 4pmol、模板 DNA 80ng。PCR 扩增程序首先 94 $^{\circ}$ C 5min;然后 94 $^{\circ}$ C 变性 1min, 55 $^{\circ}$ C 退火 1min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 55s, 35 个循环;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5min。

扩增产物的电泳参照 Bassam 等<sup>[12]</sup>的方法并略有改动。采用 Bio-Rad 测序胶板装置(38cm  $\times$  30cm  $\times$  0.4mm)进行变性聚丙烯酰胺凝胶电泳(6%)。在加入 TEMED 和 APS 后,混匀立即灌胶,约 30min 后,胶凝固。安装电泳槽,倒入大约 2000ml 1  $\times$  TBE 缓冲液。在 100W 功率下,预电泳 30min。PCR 产物变性后,上样 5 $\mu$ l。在 70W 功率下,电泳大约 1h。然后凝胶置于 1L 固定液(895ml 蒸馏水 + 100ml 无水乙醇 + 5ml 冰醋酸)中,于摇床上振荡约 10min 指示剂无色,用去离子水漂洗胶板 3 ~ 5min,加入 1L 染色液(含 1.5g AgNO<sub>3</sub>),轻轻摇动染色 10min,用去离子水漂洗胶板不超过 10s,将胶板放入 1L 冷的显影液(1000ml 去离子水 + 15g NaOH + 3.5ml 甲醛)中并轻轻摇动直至带纹清晰出现,将胶板转移至 10% 的固定液中终止显影。在白炽灯下观察电泳结果,进行数据统计和扫描照相。

**1.2.3 统计分析** SSR 扩增产物以 0、1、9 统计建立数据库。在相迁移率位置上,有带记为 1,无带记为 0,缺失记为 9。以简单配对参数(simple matching coefficient)估计基因频率,依据 Genetic Similarity (GS)

$= m / (m + n)$  计算遗传相似系数,其中  $m$  为基因型间共有带数目,  $n$  为差异带数目。按 UPGMA 方法(unweight pair group method using arithmetic averages),采用 NTSYS-pc version 2.2 软件进行聚类。SSR 位点的多态性信息量按  $PIC = 1 - \sum P_i^2$  计算,其中  $P_i$  表示  $i$  位点的基因频率<sup>[13]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 标记检测结果

根据网上信息(<http://algodon.tamu.edu/sorghumdb.html>)和文献中前人验证过的 SSR 引物情况<sup>[14-15]</sup>,选出 50 对均匀分布于高粱的 10 个连锁群上、具有较高多态性的 SSR 引物。在供试材料中随机选择 12 个不同来源的品种(系)进行引物筛选,选取扩增条带清晰、多态性较高、较均匀分布于高粱 10 个连锁群的 SSR 引物用于遗传多样性分析(表 1)。

如表 1 所示,24 对 SSR 引物在 206 份甜高粱品种中共检测出 220 个等位基因,每对引物检测出 2 ~ 19 个等位基因,平均 8.19 个。引物 Xtxp297 检测出等位基因数最多,为 19 个, Xtxp136 最少,为 2 个,大部分引物的等位基因数在 6 ~ 13 范围内。根据每个等位基因出现的频率计算引物位点的多态信息含量指数(PIC),变幅在 0.50 ~ 0.87,平均为 0.76,其中引物 Xtxp65 位点的 PIC 最大为 0.87,引物 Xtxp136 位点的 PIC 最小为 0.50。等位基因数与多态信息含量指数大小不太一致,但总趋势表现为:引物检测到的等位变异数越多,其 PIC 值就越大。引物 Xtxp297 的 Shannon 指数最大,为 2.3534, Xtxp136 最小,为 0.6924,平均为 1.7413。位点 Xtxp297、Xtxp325、Xtxp265、SbAGE01 的等位基因数、多态信息含量、Shannon 指数都较高,能更好地检测材料的遗传多样性。图 1 为引物 Xtxp6 在部分品种中的扩增图谱。

### 2.2 遗传变异分析

利用 220 个多态性标记计算 206 份甜高粱品种之间的遗传相似系数(GS),GS 范围在 0.32 ~ 0.96 之间,平均为 0.69。甜 126 和甜 127 之间的遗传相似性最大(GS = 0.96),说明两者有非常相近的遗传关系。MN-3455 与甜选 94 之间, MN-3149 与甜 132 之间的遗传相似性最小(GS = 0.32),说明它们之间的遗传距离比较远。

### 2.3 聚类分析

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

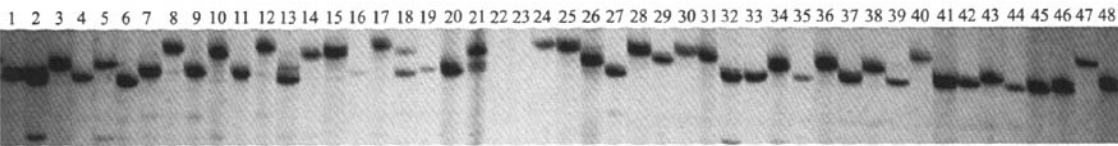


图1 引物 Xtxp6 在部分品种中的扩增图谱

Fig.1 PCR profile of some accessions amplified by primer Xtxp6

1~48 依次为 MN-4128,RANCHER,MN-4540,UT84,MN-4539,WINNER,MN-2609,MN-94,MN-832,BABUSH,MN-4322,POTCH,东北再来-2,BAHANA2,MN-3543,MN-2745,MN-2749,MN-3025,MN-3808,MN-2901,MN-2747,5431/S,MN-4566,ALBAUGH,KORJAJ,KAMADRI,JUAR-3,MN-2647,MN-3329,MN-3738,MN-4055,CLUBHEAD-3,MEDZUM DWARF SUMAC,MN-4513,FETERITA KENANA,MN-2794,DELETCHA,LEOTI-3,LEOTI-4,MN-3455,UTAVARI,EARLY SUMAC,MN-2760,MN-2765,BATHURST,SUMAC-1,RED JANAPU-2,罗马,MN-3867

表 1 24 对 SSR 引物在 206 份甜高粱资源中检测到的等位基因数目及 PIC 值

Table 1 Allele numbers and PIC values for 24 loci detected in 206 sweet sorghum accessions

编号 No.	SSR 引物 SSR primer	连锁群 Linkage group	等位基因数 No. of allele	重复序列 Repeat sequence	片段大小 Size( bp)	PIC 值 PIC value	Shannon 指数 Shannon's information index
1	Xtxp3	B	11	(CT) <sub>8</sub> (CT) <sub>36</sub>	232	0.85	2.0438
2	Xtxp6	I	7	(CT) <sub>35</sub>	120	0.51	1.0683
3	Xtxp10	F	6	(CT) <sub>14</sub>	145	0.58	1.1724
4	Xtxp12	D	8	(CT) <sub>22</sub>	193	0.58	1.7186
5	Xtxp18	H	9	(AG) <sub>21</sub>	231	0.85	1.8699
6	Xtxp21	D	7	(AG) <sub>18</sub>	179	0.56	1.1644
7	Xtxp30	J	10	(AAT) <sub>25</sub>	273	0.83	1.9968
8	Xtxp34	C	7	(CT) <sub>29</sub>	365	0.56	1.0131
9	Xtxp37	A	7	(TC) <sub>23</sub>	189	0.79	1.6654
10	Xtxp65	J	10	(ACC) <sub>4</sub> (CCA) <sub>3</sub> CG(CT) <sub>8</sub>	128	0.87	2.1224
11	Xtxp136	J	2	(GCA) <sub>5</sub>	243	0.50	0.6924
12	Xtxp145	I	9	(AG) <sub>22</sub>	238	0.85	1.9787
13	Xtxp159	E	9	(CT) <sub>21</sub>	169	0.81	1.8344
14	Xtxp210	H	8	(CT) <sub>10</sub>	188	0.78	1.6979
15	Xtxp230	F	9	(GA) <sub>28</sub>	191	0.86	2.0567
16	Xtxp265	I	12	(GAA) <sub>19</sub>	209	0.81	1.9974
17	Xtxp270	G	10	(GAA) <sub>12</sub> (GAAA) <sub>6</sub> (GAA) <sub>21</sub> (GTA) <sub>5</sub> (GTA) <sub>3</sub> (GTA) <sub>3</sub>	279	0.86	2.0893
18	Xtxp289	F	8	(CTT) <sub>16</sub> (AGG) <sub>6</sub>	290	0.81	1.8088
19	Xtxp297	B	19	(AAG) <sub>24</sub>	220	0.87	2.3534
20	Xtxp299	J	9	(CAT) <sub>19</sub>	210	0.77	1.5918
21	Xtxp312	E	10	(CAA) <sub>26</sub>	192	0.82	1.9504
22	Xtxp321	H	8	(GT) <sub>4</sub> (AT) <sub>6</sub> (CT) <sub>21</sub>	206	0.75	1.6700
23	Xtxp325	A	13	(AAT) <sub>23</sub>	247	0.86	2.1614
24	SbAGE01	Unkown	12	(AG) <sub>30</sub>	Unkown	0.82	2.0723

A、B 两大组,B 组只包含 3 个品种,分别为来自美国的 MN-3329;MN-3738 和 MN-3455。三者遗传相似系数为 0.550,并不是特别大,说明这 3 个品种之间亲缘关系并不是很近,但比其他品种关系近。

A 组包含 203 个品种,A 组进一步被分成 15 个类群(表 2),I 与 II 为一类,I、II 与 III 又组成高一级的一类,I、II、III 与 IV 组成更高一级,以此类推,随着等级递增,遗传相似系数递减。各类群的特点分述如下。

第 I 类群:共 10 个品种,又分为 a、b 两个亚类群,出汁率较高都在 0.45 左右,平均为 0.47, MN-4394、MBOGOBOGO 较高分别为 0.54、0.50。其中 MN-4093、Sart、贝利、M-81E、XTL-1 植株高大,生物产量高,只是锤度不太理想,可作育种亲本。

第 II 类群:共 65 个品种,又分为 a、b、c 3 个亚类群。II a 亚类群包含 36 个品种;II b 亚类群包含 19 个品种,为早、中熟品种,其中威利生育期为 157d,为极晚熟品种,甜 126、丽欧、威利、IMWA 植株高大,出汁率、含糖量较好可作为优良品种;II c 亚类群包含 10 个品种,其中凯勒和苏马克农艺性状较好。来自辽宁的散穗甜高粱出汁率为 0,不是甜高粱,可能原来鉴定有误,或者资源信息错误。

第 III 类群:共 3 个品种,包括 MN-4008、COLLIER-2、糖高粱,锤度分别为 8.2%、8.6%、8.0%, MN-4008、COLLIER-2 为中熟品种,糖高粱为早熟品种,三者农艺性状表现较为普通。

第 IV 类群:共 3 个品种,甜选 13、甜选 189、甜选 192,都是中国农业科学院作物科学所保存的,三者各方面农艺性状值都很接近,生育期都为 122d,亲缘关系非常近。

第 V 类群:只有 1 个品种 MN-2760,属于晚熟品种,植株高大,各方面农艺性状都很好,可以作为优良品种。

第 VI 类群:共 4 个品种,罗马生育期最长,140d,为晚熟品种,AMES AMBER、甜选 62、意大利都是早熟品种,株高、茎粗等其他农艺性状都很接近。

第 VII 类群:共 23 个品种,除了 MN-2794、DELETTCHA、EARLY SUMAC、MN-3046、布劳利、甜秆高粱、甜高粱-2 外都是甜选品种,都是早熟、中熟品种,产量中等,含糖量中等,出汁率都在 0.4 左右,平均为 0.43。

第 VIII 类群:共 9 个品种,早熟品种 1 个,中熟品种 7 个,晚熟品种 1 个,植株矮粗,抗倒伏,非常有特点,可以作为亲本培育抗倒伏品种。

第 IX 类群:共 4 个品种,BABUSH、BAHANA2、MN-2901 生育期较长,分别为 138d、137d、148d,且植株高大但锤度不高,8147 生育期为 111d,四者茎粗类似,范围 2.1~2.4cm,平均 2.25cm。

第 X 类群:共 3 个品种,吉甜 3 号、吉甜 7 号为晚熟品种,XGL-4 为中熟品种,三者植株高大,出汁率较高。

第 XI 类群:共 6 个品种,BJK236 为晚熟品种,植株较大,其余为早熟品种,植株较小,除 MEDZUM DWARF SUMAC 外锤度都很高,甜选 9 最高,为 19.1%。

第 XII 类群:共 54 个品种,又分为 3 个亚类,XII a 含 27 个品种,其中极早熟品种 3 个、早熟品种 11 个、中熟品种 11 个、晚熟品种 2 个,极早熟品种植株细矮,实际生产上没有应用价值,但可以作负对照,应用于基因定位等。两个晚熟品种 MN-3867 和 10-80 农艺性状表现很相似,亲缘关系很近。XII b 包含 21 个品种,其中生育期最长为考利 161d,泰斯 160d。戴尔、甜选 174、泰斯、考利、原甜一号、品甜三号、MN-3535、Mer72-2、蜂蜜植株都比较高。XII c 含 6 个品种,拉马达为晚熟品种,锤度较高,可以加以利用。其他为早熟品种,性状表现一般。

第 XIII 类群:只有来自湖北的 1 个品种甜高粱 5,植株较高,但出汁率、锤度都很低。

第 XIV 类群:共 14 个品种,其中 MN-3808、史密斯-1、MN-2765 为晚熟品种,史密斯-1 锤度较高,为 17.7%。

第 XV 类群:共 3 个品种,穗长,出汁率都很相近,甜 131 锤度很高,为 18.2%,可用作含糖量改良。

表 2 206 份甜高粱资源 UPGMA 聚类结果

Table 2 Cluster results using UPGMA based on 24 SSR primers among 206 sweet sorghum accessions

类群 Group	品种 Accession	总计 Total	遗传相似系数 Coefficient
I	I a: MN-4093、MN-2901、MN-4393、MN-4394、MBOGOBOGO I b: 甜 129、Sart(课题保存)、贝利、M-81E、XTL-1	10	0.762
II	II a: RANCHER、甜高粱 3、甜选 48、COLMAN(M)、DAY MILO、UT84、MN-3466、MN-1055、甜选 17、甜选 38、甜选 117、甜选 44、甜选 121、甜选 129、甜选 105、甜选 20、甜 126、甜 127、甜 128、甜 130、KAMADRI、RED AMBER-1、COLLIER-7、ROMA、MN-4561、8169、甜选 29、甜选 32、甜选 41、甜选 113、WINNER、甜秆(法库)、CLUBHEAD-3、LEOTI-3、MN-4513、LEOTI-4 II b: MN-3543、LEOTI-2、EARLY FOLGER、BATHURST SUMAC、甜芦粟(繁昌)、甜选 68、甜选 71、甜选 193、甜选 126、甜选 83、甜选 80、丽欧、威利、IMWA、MN-3457、甜选 56、甜选 26、SUGAR Drip、甜高粱 1 II c: BJK19、甜高粱 4、凯勒、苏马克、甜选 35、813-4、散穗甜高粱、S 中、BJK153、BJK15610	36 19 10	0.748

续表

类群 Group	品种 Accession	总计 Total	遗传相似系数 Coefficient
Ⅲ	MN-4008、COLLIER-2、糖高粱	3	0.746
Ⅳ	甜选 13、甜选 189、甜选 192	3	0.744
V	MN-2760	1	0.742
Ⅵ	罗马、AMES AMBER、甜选 62、意大利	4	0.741
Ⅶ	MN-2794、DELETTCHA、EARLY SUMAC、MN-3046、甜选 159、甜选 86、甜选 131、甜选 168、甜选 87、甜选 110、甜选 116、甜秆高粱、甜高粱 2、甜选 155、布劳利、甜选 137、甜选 171、甜选 181、甜选 90、甜选 165、甜选 98、甜选 99、甜选 136	23	0.715
Ⅷ	MN-94、POTCH、MN-2749、5431/S、MN-4055、BATHURST SUMAC-1、8142、甜选 74、能饲一号	9	0.710
Ⅸ	BABUSH、BAHANA2、MN-2901、8147	4	0.700
X	吉甜 3 号、吉甜 7 号、XGL-4	3	0.684
XI	MEDZUM DWARF SUMAC、甜选 9、BJK236、甜选 3、甜选 6、甜 132	6	0.680
XII	XIIa: FETERITA MAATUK TULLI、FETERITA FAYOUMI-8、MN-4540、MN-4539、MN-4322、科利尔、MN-3088、MN-2745、UTAVARI、JUAR-3、KORJAJ、MN-4329、甜选 186、Mer72-3、东北再来-2、MN-3025、MN-3867、MN-832、10-80、MN-2937、MN-2710、MN-3086、MN-4128、RED JANAPU-2、MN-2609、MN-4566、T339FETERIT	27	0.670
	XIIb: MN-2874、甜选 51、甜选 94、戴尔、特雷西、甜选 174、泰斯、MN-2735、甜高粱(歙县)、甜高粱(宿松)、非洲白、考利、原甜一号、品甜三号、COWPER、MN-3535、甜选 77、Mer72-2、蜂蜜、甜高粱(肇东)、甜选 162	21	
	XIIc: 甜选 65、MN-3741、拉马达、MN-3743、吉甜 2 号、BX-1	6	
XIII	甜高粱 5	1	0.626
XIV	FETERITA FAYOUMI-3、MN-55、MN-3808、ALBAUGH、MN-2765、MN-3878、SA183-1、MN-2795、MN-3089、8161、MN-3149、MASUA BLACK SEED、史密斯-1、XGL-3	14	0.592
XV	MN-2647、FETERITA KENANA、甜 131	3	0.517
B	MN-3329、MN-3738、MN-3455	3	0.550

3 讨论

根据 SSR 标记聚类分析结果,206 份甜高粱品种被分为 A、B 两大组,A 组又分为 15 个类群,品种间的遗传相似系数(GS)范围为 0.32~0.96,表明甜高粱间的遗传多样性较高。

SSR 标记的出现为寻找新的种质资源、拓宽种质基础提供了较理想的方法<sup>[16]</sup>,保持不同种质间的遗传距离是获得杂种优势的基础。因此,在合成新种质时应选择相似系数较小或遗传距离大的材料。本研究中,MN-3455 与甜选 94、MN-3149 与甜 132 之间的遗传相似性最小(GS=0.32),两者产生杂种优势的可能性较大。

SSR 数据反映个体的遗传变异关系与农艺性状反映的遗传变异关系不尽一致。也就是说,以 SSR 指标进行聚类分析,分类结果与基于农艺性状的分类结合吻合性会较低。可能原因包括:(1)农艺性状反映的是基因组功能区域,遗传表达不稳定,易受

环境条件及基因显隐性的影响;而 SSR 标记检测的是基因组中的非功能区域,在植物的各个组织、各个发育时期均可检测到,检测结果比较稳定。(2)赵香娜等<sup>[10]</sup>考察了 16 个性状,只是甜高粱所有性状的一部分。而每个分子标记引物所扩增的保守序列对应哪个性状并不清楚,所以两者聚类结果并不一定一致。作物种质之间的遗传多样性分析主要有表型和基因型两个层次,因两类数据表现的多样性水平不同,基于全面把握个体遗传变异关系的要求,应将分子标记与农艺性状结合起来考察会得到更全面的结果。

一般农艺性状遗传相似系数大的品种,分子标记遗传相似系数也会比较大,反之亦然。如农艺性状聚类分析结果中亲缘关系较近的戴尔和特雷西、ROMA 和 MN-4561 遗传相似系数分别为 0.75 和 0.75<sup>[10]</sup>(最大遗传相似系数),分子标记聚类分析中亲缘关系也很近,遗传相似系数分别为 0.85 和 0.93。而农艺性状聚类分析亲缘关系较远的

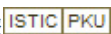
ALBAUGH 和 MN-3329 遗传相似系数为 0.19, MN-2901 和 MN-2747 遗传相似系数为 0.18; 分子标记聚类分析中, ALBAUGH 和 MN-3329 相似系数为 0.68, MN-2901 和 MN-2747 相似系数为 0.70。说明 SSR 方法分析甜高粱品种的亲缘关系与农艺性状分类在一定程度上有一致的结果, 但也有很多不同的情况。

#### 参考文献

- [1] 黎大爵, 廖馥荪. 甜高粱及其利用[M]. 北京: 科学出版社, 1992
- [2] Rooney W L, Blumenthal J, Bean B, et al. Designing sorghum as a dedicated bioenergy feedstock[J]. Biofuels Bioprod Bioref, 2007, 1: 147-157
- [3] Li G, Gu W, Chapman K. Sweet sorghum[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2004
- [4] 卢庆善. 甜高粱[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 2008
- [5] Röder M S, Plaschke J, König S U, et al. Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat[J]. Mol Gen Genet, 1995, 246: 327-333
- [6] Plaschke J, Ganal M W, Röder M S. Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers[J]. Theor Appl Genet, 1995, 91: 1001-1007
- [7] Powell W, Machray G C, Prpvan J, et al. Polymorphism revealed by simple sequence repeats[J]. Trends in Plant Science, 1996, 1: 215-222
- [8] Rongwen J, Akkaya M S, Bhagwat A A, et al. The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification[J]. Theor Appl Genet, 1995, 90: 43-48
- [9] Ali M L, Rajewski J F, Baenziger P S, et al. Assessment of genetic diversity and relationship among a collection of US sweet sorghum germplasm by SSR markers[J]. Mol Breeding, 2008, 21: 497-509
- [10] 赵香娜, 李桂英, 刘洋, 等. 国内外甜高粱种质资源主要性状遗传多样性及相关性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(3): 302-307
- [11] Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T. Molecular cloning: a laboratory manual(Third Edition)[M]. Cold Spring Harbour Laboratory Press, New York, 1989
- [12] Bassam B J, Caetano-Anolles G, Gresshoff P M. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels[J]. Anal Biochem, 1991, 196: 80-83
- [13] Weir B S. Genetic data analysis II: Methods for discrete population genetic data[M]. Sunderland, MA: Sinauer Associates, 1996
- [14] Kong L, Dong J, Hart G E. Characteristics, linkage-map positions, and allelic differentiation of *Sorghum bicolor* (L.) Moench DNA simple sequence repeats (SSRs)[J]. Theor Appl Genet, 2000, 101: 438-448
- [15] Kimberley B, Ritter C, McIntyre L, et al. An assessment of the genetic relationship between sweet and grain sorghums, within *Sorghum bicolor* ssp. *bicolor* (L.) Moench, using AFLP markers[J]. Euphytica, 2007, 157: 161-176
- [16] McCouch S R, Chen X L, Panaud O, et al. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding[J]. Plant Mol Biol, 1997, 35: 89-99

作者: 赵香娜, 岳美琪, 刘洋, 顿宝庆, 赵伟华, 谭亮, 李桂英, ZHAO Xiang-na, YUE Mei-qi, LIU Yang, DUN Bao-qing, ZHAO Wei-hua, TAN Liang, LI Gui-ying

作者单位: 赵香娜, ZHAO Xiang-na(中国农业科学院作物科学研究所/生物质能源研究中心/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京, 100081; 河北省邢台农科院, 邢台, 054000), 岳美琪, 刘洋, 顿宝庆, 赵伟华, 李桂英, YUE Mei-qi, LIU Yang, DUN Bao-qing, ZHAO Wei-hua, LI Gui-ying(中国农业科学院作物科学研究所/生物质能源研究中心/农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京, 100081), 谭亮, TAN Liang(河北机电职业技术学院人文与管理工程系, 邢台, 054000)

刊名: 植物遗传资源学报 

英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES

年, 卷(期): 2010, 11(4)

## 参考文献(16条)

1. McCouch S R; Chen X L; Panand O Microsatellite marker development, mapping and applications in rice genetics and breeding 1997
2. 黎大爵; 廖馥荪 甜高粱及其利用 1992
3. Ali M L; Rajewski J F; Baenziger P S Assessment of genetic diversity and relationship among a collection of US sweet sorghum germplasm by SSR markers 2008
4. Bongwen J; Akkaya M S; Bhagwat A A The use of microsatellite DNA markers for soybean genotype identification 1995
5. Powell W; Machray G C; Prpvan J Polymorphism revealed by simple sequence repeats 1996
6. Plaschke J; Ganal M W; Roder M S Detection of genetic diversity in closely related bread wheat using microsatellite markers [外文期刊] 1995(6/7)
7. R(o)der M S; Plaschke J; Konig S U Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat 1995
8. 卢庆善 甜高粱 2008
9. Li G; Gu W; Chapman K Sweet sorghum 2004
10. Rooney W L; Blumenthal J; Bean B Designing sorghum as a dedicated bioenergy feedstock 2007
11. Kimberley B; Ritter C; McIntyre L An assessment of the genetic relationship between sweet and grain sorghums, within Sorghum bicolor ssp. bicolor (L.) Moench, using AFLP markers 2007
12. Kong L; Dong J; Hart G E Characteristics, linkage-map positions, and allelic differentiation of Sorghum bicolor (L.) Moench DNA simple sequence repeats (SSRs) 2000
13. Weir B S Genetic data analysis II: Methods for discrete population genetic data 1996
14. Bassam B J; Caetano-Anolles G; Gresshoff P M Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels 1991
15. Sambrook J; Fritsch E F; Maniatis T Molecular cloning: a laboratory manual 1989
16. 赵香娜; 李桂英; 刘洋 国内外甜高粱种质资源主要性状遗传多样性及相关性分析 [期刊论文] - 植物遗传资源学报 2008(03)