

基于表型性状和 SSR 分子标记的云南省水稻主要育成品种(系)的遗传相似性分析

徐福荣¹, 董超¹, 杨文毅^{1,2}, 张恩来¹, 汤翠凤¹, 阿新祥¹, 杨雅云¹, 张斐斐¹, 戴陆园¹

(¹ 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 昆明 650223;

² 云南农业大学农业与生物技术学院, 昆明 650201)

摘要: 利用株高等 17 个表型性状和 48 个 SSR 标记, 对云南省 18 个育种部门(或课题组)自 20 世纪 60 年代以来选育的 40 个品种(系)进行遗传相似性分析。结果显示, 基于 17 个表型性状, 40 个品种(系)间的遗传相似性系数值平均为 0.244, 籼型品种间为 0.289, 粳型为 0.309, 籼粳亚种间为 0.162; 基于 48 个 SSR 分子标记, 40 个品种(系)间的遗传相似性系数值平均为 0.383, 籼型为 0.318, 粳型为 0.478, 籼粳亚种间为 0.267; 表明表型遗传相似性低于 DNA 水平。48 个 SSR 分子标记共检测到 214 个等位基因(N_a), 每个标记平均为 4.458 个, 变幅为 2~8 个; 有效等位基因数(N_e)平均值为 2.8336, 变幅为 1.1515~5.2981; 多态性信息含量(PIC)平均值为 0.6058, 变幅为 0.2118~0.8816; 基因型多样性指数(H')平均值为 1.1328, 变幅为 0.3768~1.8087; 其中 RM84、RM249、RM152、RM222 和 RM528 是评价云南省水稻选育品种(系)遗传相似性比较理想的 SSR 标记。聚类分析显示, 云南省水稻主要选育品种(系)表现为亚种间遗传差异明显, 亚种内遗传差异较小, 粳型品种间遗传相似性高于籼型, 表明云南省选育的粳型品种(系)遗传多样性低, 尤其是同一育种部门(或课题组)选育的品种间遗传相似度较高。

关键词: 水稻主要选育品种(系); 表型性状; 微卫星标记; 遗传相似性

Genetic Similarity Based on SSR Markers and Phenotypic Traits of Major Improved Rice (*Oryza sativa* L.) Varieties in Yunnan Province

XU Fu-rong¹, DONG Chao¹, YANG Wen-yi^{1,2}, ZHANG En-lai¹, TANG Cui-feng¹,

A Xing-xiang¹, YANG Ya-yun¹, ZHANG Fei-fei¹, DAI Lu-yuan¹

(¹ Institute of Biotechnology and Germplasm Resources, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223;

² College of Biotechnology and Agriculture, Yunnan Agricultural University, Kunming 650202)

Abstract: The aim is to explore the genetic similarity (GS) of major improved rice (*Oryza sativa* L.) varieties in Yunnan province. The phenotypes of 17 agronomic traits and 48 SSR markers were applied to evaluate the GS among the 40 major improved rice varieties bred by 18 different breeding groups in Yunnan province since 1960s. The average GS coefficients were 0.244 of the total 40 varieties, 0.289 of the *indica* ones, 0.309 of the *Japonica* ones and 0.162 of between *indica* ones and *Japonica* ones, respectively on the basis of 17 agronomic traits while the average GS coefficients were 0.383, 0.318, 0.478 and 0.267 correspondingly on the basis of 48 SSR markers. The GS at agronomic level was lower than that at DNA level. In total, 214 number of alleles (N_a) were detected, and the mean N_a was 4.458 ranging from 2 to 8. The average number of the effective alleles (N_e) was 2.8336 ranging from 1.1515 to 5.2981. The average of polymorphic information contents (PIC) was 0.6058 varying from 0.2118 to 0.8816. The average genotype diversity index (H') was 1.1328 varying from 0.3768 to 1.8087. The markers inclu-

收稿日期: 2010-06-11 修回日期: 2011-03-31

基金项目: 科技部“863”项目; 国家科技支撑计划资助项目(2006BAD13B01); 云南省现代农业水稻产业技术体系建设项目; 云南省科技创新强省计划(2007C0219Z); 云南省人才引项目(2008PY049)

作者简介: 徐福荣, 副研究员, 博士。E-mail: xfrong99@yahoo.com.cn

通讯作者: 戴陆园, 研究员, 博导。E-mail: luyuandai@yahoo.com.cn

ding RM84, RM249, RM152, RM222 and RM528 were found to be more suitable to evaluate improved rice varieties in Yunnan province in genetic similarity. Clustering analysis based on GS coefficients showed that all the varieties could be grouped into two obviously different clusters corresponding to the two subspecies, *indica* and *japonica*. The results also indicated that genetic difference of among the *indica* rice varieties was higher than that of among the *japonica* ones. It was discovered that the genetic diversity of improved *japonica* rice varieties was lower compared with the *indica* ones and genetic diversity of varieties bred by one breeding group was lower than that by different groups.

Key words: Major improved rice (*Oryza sativa* L.) varieties; Agronomic traits; SSR markers; Genetic similarity

全球近 50% 的人口以水稻为主食^[1]。水稻是我国第一大粮食作物, 约占粮食总产量的 40%^[2]。半个多世纪以来, 由于矮化育种、杂交稻、超级杂交稻研究等的巨大成功, 一批高产选育品种的大面积推广种植, 对保障全球粮食安全发挥着重要的作用^[3]。然而, 众所周知, 一方面良种集约化导致大量地方品种被替代, 遗传多样性下降^[4-6]; 另一方面, 选育品种的亲本遗传基础狭窄, 大多局限于微效性状的较小改良(即微量的修修补补), 很少有动大手术的品种产生, 是近年来产量徘徊、品质和抗性难以取得突破的主要原因^[7]。例如, 自 1995 年以来, 我国稻谷单产徘徊在 6000 ~ 6600 kg/hm² 之间^[8]。因此, 要实现水稻品种选育研究再上新台阶, 保障水稻生产持续发展, 丰富水稻品种遗传基础是关键。

针对水稻选育品种的遗传基础研究已有较多报道。庄杰政等^[7]利用 50 个 RFLP 标记对 25 份籼稻品种的研究表明, 现有水稻品种的遗传基础十分狭窄。唐梅等^[9]利用 RAPD 标记对四川省骨干恢复系和保持系研究发现, 保持系间、恢复系间遗传距离小。何光华等^[10]利用 9 个 RAPD 标记对 42 个中籼“三系”杂交稻骨干亲本研究认为, 恢复系和保持系的遗传多样性小, 恢保间遗传一致性高。段世华等^[11]利用 RAPD 标记对中国杂交水稻 35 个主要恢复系进行研究, 大部分材料间遗传差异较小, 遗传背景较单一。魏兴华等^[12]利用 40 个 SSR 标记, 分析了 329 份我国近 50 年来常规稻主栽品种的遗传变异表明, 粳稻品种较籼稻显示出较强的季节型和地域特征, 建议拓宽选育品种的遗传基础。总之, 大量研究表明我国水稻选育品种的遗传基础狭窄。地处低纬高原的云南省, 稻作生态类型多样, 但是对云南省水稻主要选育品种的遗传相似性研究相对滞后, 限制了水稻种质资源的有效利用和品种选育研究的突破。本研究利用株高等 17 个表型性状和 48 个 SSR 标记, 对云南省 18 个育种部门(或课题组)选育的 48 个水稻主要品种(系)进行遗传相似性评

价, 为拓展云南省水稻品种的遗传基础以及品种的合理布局提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试的 40 个水稻品种(系)包括籼型 11 个、粳型 29 个, 其中陆稻 2 个, 糯稻品种 1 个。为云南省 18 个不同育种部门(或课题组)20 世纪 60 年代以来选育的常规品种, 供试品种均经多年自交, 遗传稳定。品种名称、系谱及选育部门等信息详见表 1。

1.2 方法

1.2.1 表型性状调查 40 个供试品种(系)于 2009 年正季统一种植于云南省农科院昆明试验田, 3 月 14 日播种, 5 月 11 日移栽。每个品种种植 2 行区共 20 株, 2 次重复, 随机区组设计, 株行距 20 cm × 10 cm, 单本栽插, 田间管理按常规方法统一进行。按照《水稻种质资源描述规范和数据标准》^[13]记载标准调查株高、有效穗、穗长、穗伸出度、剑叶角度、剑叶长、剑叶宽、穗型、穗总粒数、实粒数、秕粒数、结实率、谷粒长、谷粒宽、粒长宽比、粒厚和倒伏性等共 17 个性状。每个品种调查 10 株(每行 5 株), 所有表型性状数据均经标准化处理后, 利用统计分析软件 SPSS13.0, 按非加权分组平均法(unweighted pair group method with arithmetic mean, UPGMA)进行聚类分析^[14]。

1.2.2 DNA 提取及 PCR 反应 参照已发表文章中多态性较高, 以及具有籼粳鉴别的 SSR 标记^[15-21], 从中选择分布于水稻全基因组 12 条染色体上的 48 个 SSR 标记, 每条染色体上选择 4 个。引物序列由上海英骏生物技术有限公司合成。按 Edwards 等^[22]且稍有改进的 CTAB 法提取 DNA, 并进行 DNA 的纯化。PCR 体系(总反应体积为 10 μl)含 1.5 μl 10 × PCR 缓冲液(含 Mg²⁺), 0.4 μl 2.5 mmol/L dNTPs, 0.2 μl 5U/μl Taq 酶, 1.0 μl 10 μmol/L SSR 引物, 2.0 μl 20 ng/μl DNA, 4.9 μl ddH₂O。扩增程序为 95℃ 5 min; 95℃ 下 30 s, 60℃ 下 30 s, 72℃ 下 45 s,

表1 供试水稻品种来源及系谱信息

Table 1 Origins and pedigrees of the tested varieties

序号 Code	品种名称 Name of variety	籼/粳 <i>Indica/Japonica</i>	系谱 Pedigrees	选育年份 Breeding year	选育单位(课题组) Breeding group
1	合系4号	粳	袁早生/云粳135	1990	省农科院原中日合作课题组
2	合系35号	粳	合系4号/合系15号	1997	省农科院原中日合作课题组
3	合系41	粳	滇靖8号/合系22-2	1999	省农科院原中日合作课题组
4	银光	粳	银条粳/合系40号	2001	省农科院粳稻育种中心
5	滇粳优1号	粳	银条粳/合系34	2004	省农科院粳稻育种中心
6	滇系4号	粳	越光/合系24//合系34	2001	省农科院粳稻育种中心
7	云粳26	粳	云粳12号/云粳优5号	2007	省农科院粳稻育种中心
8	云粳30	粳	云粳15号/云粳优8号	2009	省农科院粳稻育种中心
9	云粳9号	粳	西南175选株	1974	省农科院粮作所高原粳稻课题
10	云粳136	粳	西南175选株	1983	省农科院粮作所高原粳稻课题
11	云冷2号*	粳	袁早生/昆明217	1988	省农科院粮作所
12	云冷21号*	粳	梗掉3号/丰锦//梗掉3号	1993	省农科院粮作所
13	云恢11*	粳	205/768//IR2153/176	不详	省农科院粮作所两系育种
14	云恢72*	籼	老糙谷/南高谷	不详	省农科院粮作所两系育种
15	云恢124*	粳	205/768//CPSL017	不详	省农科院粮作所两系育种
16	云恢290	籼	IR268选系	2001	省农科院粮作所
17	陆引46	籼	引自印度尼西亚	不详	省农科院粮作所陆稻课题
18	云陆52	粳	陆引29/东回145	2004	省农科院粮作所陆稻课题
19	楚梗2号	粳	植生1号/若叶	1988	楚雄州农科所
20	楚梗20号*	粳	25-3-3/楚梗7号3-1-2-1	不详	楚雄州农科所
21	楚梗27号	粳	楚梗22/合系39号	2005	楚雄州农科所
22	凤稻9号	粳	中丹2号/[袁早生//(672/716)]	1997	大理州农科所
23	凤稻15号	粳	04-2865/滇榆1号	2002	大理州农科所
24	凤稻24号	粳	合系15/云粳23//凤稻11	不详	大理州农科所
25	合靖9号*	粳	不详	不详	曲靖市种子管理站
26	靖梗8号	粳	合系25号/云粳27号	2001	曲靖市农科所
27	沾梗12号	粳	IR28/鄂早四号天杂//鄂早二号/晋宁768	不详	沾益监狱
28	丽梗2号	粳	丽江新团黑谷系选	1981	丽江市农科所
29	丽梗6号	粳	合系41号/丽梗5号	2004	丽江市农科所
30	丽梗314号	粳	合系35号/合系40号//鹤16	2007	丽江市农科所
31	红优4号	籼	四喜粘/滇屯502	2005	红河州农科所
32	红阳3号*	籼	不详	不详	红河州农科所
33	滇屯502	籼	滇侨20号/毫皮	1993	个旧市种子管理站/省滇型杂交水稻中心
34	文糯1号	籼	78-220/BL4	2007	文山州农科所
35	文稻8号	籼	滇屯502/泰引1号	2005	文山州农科所
36	滇陇201	籼	毫木细/IR24	1986	德宏州农科所
37	德优18号*	籼	红优1号/德优8号	不详	德宏州农科所
38	德优19号*	籼	景农3号/墨江紫糯	不详	德宏州农科所
39	合系42A*	粳	合系42/滇型1号A	不详	云南农业大学
40	榆密15A*	粳	榆密15/滇型1号A	不详	云南农业大学

* :未通过审定的品系 * :The lines was not approved as varieties

共 30 个循环;然后 72℃ 下 10min,扩增产物放 4℃ 冰箱保存备用。采用 8% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳及银染法检测扩增结果。

1.3 数据统计

以 0、1 统计 SSR 扩增带型,并建立相应的数据库。在相同迁移率位置上,有带记为 1,无带记为 0。等位基因位点数(N_a)为群体内等位变异的总数;有效等位基因位点数(effective number of alleles, N_e)^[23], $N_e = 1/\sum(p_i)^2$;多态性信息量(polymorphism index contents, PIC)^[24], $PIC = 1 - \sum(p_i)^2$;基因型多样性(H'), $H' = -\sum P_i \ln P_i$ 。式中 P_i 为第 i 个多态位点上的基因频率。数据经转化后用 Popgene 32 程序进行遗传相似性分析;根据遗传相似性矩阵用 NTSYS pc V2.2 进行 UPGMA 聚类分析。

2 结果与分析

2.1 水稻选育品种(系)的 SSR 标记多态性分析

48 个 SSR 标记在 40 个水稻选育品种(系)中均扩增出条带,范围在 80~400bp 之间,共检测到 214

个等位基因(表 2),每个标记平均 4.458 个,变幅为 2~8 个。以检测出 4 个等位基因的标记为最多,共有 16 个,检测出 5 个的次之,共有 15 个,再次是 3 个,共有 8 个标记。根据检测到的等位基因数在 12 条染色体上的分布,第 5 染色体上平均检测到的等位基因数最多,为 5.75 个,第 6 染色体次之,为 5.5 个,第 12 染色体最少,为 3.25 个,其他染色体为 3.75~5 个。检测到等位基因最多的标记是 RM84 和 RM249,均为 8 个, RM152 次之,为 7 个, RM167 和 RM4 最少,仅为 2 个。48 个 SSR 标记检测到的有效等位基因数平均值为 2.8336,变幅为 1.1515~5.2981,其中 RM84、RM152 和 RM222 检测到的有效等位基因数最多。每个标记的多态性信息含量(PIC)平均值为 0.6058,变幅为 0.2118~0.8816,最高为 RM152、RM84 和 RM528。每个标记的基因型多样性指数(H')平均值为 1.1328,变幅为 0.3768~1.8087, RM84、RM528 和 RM152 为最高。综上所述, RM84、RM249、RM152、RM222 和 RM528 是评价云南省水稻主要选育品种(系)遗传相似性比较理想的 SSR 标记。

表 2 40 份水稻选育品种(系)的 SSR 标记的等位基因数、有效等位基因数和遗传多样性指数

Table 2 Number of alleles, effective alleles and genetic diversity indices of 40 rice varieties

位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基因数(N_a) No. of alleles	有效等位基因(N_e) No. of effective alleles	多态性信息含量(PIC) Polymorphism index contents	基因型多样性(H') Genotype diversity index
RM1	1	5	2.9739	0.6945	1.2971
RM84	1	8	5.2981	0.8363	1.8087
RM246	1	4	3.2454	0.6919	1.2241
RM259	1	3	2.1333	0.5313	0.9003
RM324	2	5	2.6533	0.6288	1.2068
RM213	2	3	2.6981	0.6294	1.0128
RM250	2	5	3.6951	0.5269	1.3862
RM263	2	4	1.5984	0.3519	0.6073
RM16	3	5	3.3472	0.6775	1.2739
RM143	3	5	4.1451	0.7531	1.4382
RM218	3	5	3.2586	0.7031	1.3567
RM570	3	4	2.3494	0.5744	1.1016
RM252	4	4	2.4806	0.5969	1.0125
RM303	4	5	2.6622	0.5737	0.9397
RM280	4	4	1.9704	0.4981	0.8737
RM1153	4	5	2.3916	0.5143	1.0915
RM164	5	6	2.6101	0.6569	1.1962
RM249	5	8	3.1347	0.6975	1.5068
RM289	5	4	1.9161	0.4781	0.8618

续表

位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基因数(N_a) No. of alleles	有效等位基因(N_e) No. of effective alleles	多态性信息含量(PIC) Polymorphism index contents	基因型多样性(H') Genotype diversity index
RM405	5	5	2.9143	0.6569	1.0530
RM162	6	6	3.1352	0.7256	1.4378
RM253	6	5	4.0609	0.7539	1.4920
RM276	6	5	3.1250	0.6550	1.2572
RM528	6	6	2.3021	0.8412	1.7246
RM11	7	3	1.9093	0.4763	0.9061
RM18	7	4	2.9739	0.6894	1.4388
RM167	7	2	1.5355	0.3487	0.5332
RM336	7	6	4.6921	0.7863	1.6271
RM25	8	3	1.6082	0.3744	0.6764
RM152	8	7	5.0156	0.8816	1.6885
RM264	8	4	1.6949	0.4100	0.7999
RM339	8	3	3.9674	0.6287	1.0408
RM107	9	3	2.6007	0.6150	1.0104
RM219	9	5	4.2216	0.7469	1.3584
RM278	9	4	1.8958	0.5088	1.0253
RM285	9	4	3.4182	0.7938	1.3316
RM258	10	3	1.1515	0.3400	0.6390
RM222	10	4	5.1282	0.7050	1.2968
RM228	10	5	1.9617	0.5119	1.0655
RM311	10	4	3.1311	0.5835	1.0618
RM21	11	5	2.2695	0.5438	1.1143
RM224	11	5	2.3088	0.7176	1.3803
RM286	11	4	2.6491	0.6225	1.1100
RM287	11	4	3.3415	0.6481	1.1595
RM4	12	2	1.2800	0.2188	0.3768
RM17	12	3	1.7621	0.4381	0.7324
RM463	12	4	2.2346	0.5575	0.7216
RM511	12	4	3.1625	0.6831	1.2207
平均 Average		4.4583	2.8336	0.6058	1.1328

2.2 水稻选育品种(系)的遗传相似性分析

2.2.1 基于表型性状的遗传相似性 基于株高等 17 个表型性状,40 个选育品种(系)间遗传相似性系数(genetic similarity,GS)平均值为 0.244,变幅为 0~0.647。籼粳两亚种间的遗传相似性系数平均值为 0.162,变幅为 0~0.412,其中,红阳 3 号分别与凤稻 15 号和云恢 11 号,以及文糯 1 号与云梗 26 号间遗传相似性系数值为最大,为 0.412;德优 19 号分别与云梗 136、云冷 21 号和楚梗 2 号间遗传相似性系数值为最低,为 0。11 个籼型品种间的遗传相似性系数平均

值为 0.289,变幅为 0.059~0.412,其中,红优 4 号分别与文糯 1 号和文稻 8 号,德优 18 号与云恢 72 间遗传相似性系数值为最大,为 0.412;而德优 19 号与云恢 72,云恢 290 与陆引 46 为最低,仅为 0.059。29 个粳型品种间的遗传相似性系数平均值为 0.309,变幅为 0~0.647,云恢 124 与凤稻 9 号间遗传相似性系数值为最大,为 0.647,其次是合系 4 号分别与云梗 30 号和楚梗 20 号,合系 35 号分别与楚梗 27 号和梗靖 9 号,银光与云恢 124,云冷 2 号与丽梗 2 号,楚梗 27 号与云梗 26 号,云恢 11 与云恢 124,其遗传相似性系数

值为 0.588,而云陆 52 分别与云恢 26 号和凤稻 15 号为最低,为 0。另外,40 个品种(系)间的 780 个遗传相似性系数的次数呈偏态分布,遗传相似性系数峰值为 0.12,中值为 0.235(图 1-A)。

2.2.2 基于 SSR 标记的遗传相似性 基于 48 个 SSR 标记,40 个选育品种(系)间的遗传相似性系数平均值为 0.383,变幅为 0.084 ~ 0.842。籼粳两亚种间的遗传相似性系数平均值为 0.267,变幅为 0.084 ~ 0.634,其中,德优 18 号与榆密 15A 间遗传相似性系数为最大,为 0.634;其次是凤稻 15 号与云恢 72,为 0.463;最低则分别是红优 4 号与云恢 136,为 0.084,红阳 3 号与云陆 52,为 0.085,红优 4 号与合系 4 号,为 0.086。11 个籼型品种间遗传相似性系数平均值为 0.318,变幅为 0.128 ~ 0.612,其

中文糯 1 号与文稻 8 号为最大,为 0.612;其次分别是德优 18 号与滇屯 502,为 0.574,陆引 46 与云恢 72,陆引 46 与红阳 3 号,均为 0.516;最低则为云恢 290 与红阳 3 号,为 0.128。29 个粳型品种间的遗传相似性系数平均值为 0.478,变幅为 0.167 ~ 0.842,其中,滇系 4 号与楚粳 20 号为最大,为 0.842;其次是银光与合系 35 号,为 0.787,凤稻 15 号与凤稻 24 号,为 0.779;最低则为云恢 11 与云恢 9 号,为 0.167。另外,40 品种(系)间的 780 个遗传相似性系数的次数呈现近似正态分布,遗传相似性系数峰值为 0.32,中值为 0.358(图 1-B)。综上所述表明云南省选育的主要水稻品种(系)籼粳亚种间差异明显,粳型品种间遗传相似性程度较籼型高,遗传基础较狭窄。

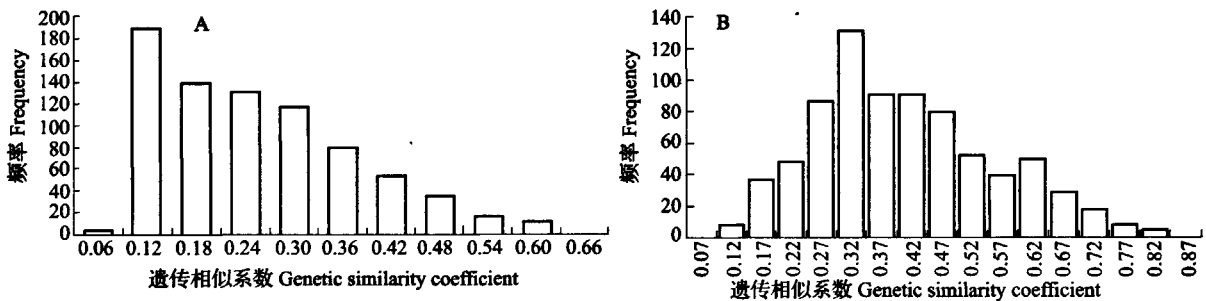


图 1 40 个水稻品种(系)间遗传相似性系数的次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of the genetic similarity for 40 rice accessions

A: 基于农艺性状 Based on phenotype data; B: 基于 SSR 标记 Based on SSR markers data

2.3 水稻选育品种(系)的聚类分析

2.3.1 基于表型性状的聚类分析 基于株高等 17 个表型性状,40 个选育品种(系)的聚类树型图(图 2-A)可知,40 个供试品种在遗传相似性系数 0.16 处被分为两个大类群,即籼粳两亚种群,Ⅰ为粳亚种群,含有 30 个品种(系)。在粳亚种群中,除籼型的滇屯 502 和陆引 46 被误划分在该群外,符合率达到 93.3%;在相似系数约 0.172 处分为 a、b 两个次类群,其中 a 次类群则在相似系数约 0.224 处又分为 a-1 和 a-2 两个次小类群;a-1 次小类群包含有 26 个品种,除滇屯 502 外均全部是粳稻品种;a-2 次小类群包含凤稻 24 号 1 个品种;b 次类群仅包含陆引 46 和合系 42A 与榆密 15A 两个不育系。Ⅱ为籼亚种群,含有 10 个品种(系)。在籼亚种群中,除云陆 52 被误划分在该群外,符合率达到 90%。在相似系数约 0.200 处分为 c 和 d 两个次类群。总之,以遗传相似性系数约 0.224 作为阈值,可将 40 个供试品种分为 a-1、a-2、b、c 和 d 共 5 个类群,粳型品种

主要集中在 a-1 类群中,籼型品种则集中于 c 和 d 类群中,表明云南省选育的粳型品种较籼型遗传相似性程度高,遗传基础较狭窄。

2.3.2 基于 SSR 标记的聚类分析 基于 48 个 SSR 标记,40 个供试品种(系)的聚类树型图(图 2-B)可知,40 个供试品种在遗传相似性系数 0.26 处分为两个大类群,即籼粳两亚种群,Ⅰ为粳亚种群,含有 30 个品种(系)。在粳亚种群中,除德优 18 被误划分在该群,符合率达到 97.5%。在遗传相似系数约 0.396 处分为 a、b 两个次类群,其中 a 次类群则在约 0.458 处又分为 a-1 和 a-2 两个次小群,a-1 次小群包含合系 4 号、合系 35 号、合系 41 号、银光和云恢 9 号等 5 个品种,a-2 次小群则集中了 22 个品种;b 类群仅包括德优 18 号、榆密 15A 和云陆 52 等 3 个品种。Ⅱ为籼亚种群,含有 10 个品种(系)。在籼亚种群中,10 个品种(系)全部属于籼稻,符合率达到 100%,其中在相似系数约 0.302 处被划分为 c

和 d 两个次类群,每个次类群各包含 5 个品种。总之,以遗传相似性系数 0.458 作为阈值,可将 40 个供试品种分为 a-1、a-2、b、c 和 d 共 5 个类群,其中粳型品种主要集中在 a-2 类群,籼型则主要集中于 c 和 d 类群。图中还显示,在粳型品种中,各育种部门选育出的品种(系)均聚在一起,如 3 个合系、3 个楚

梗、3 个凤稻、2 个丽梗、2 个云梗品种等,籼型品种除滇屯 502 和云恢 290 两个软米品种聚在一起外,其余则比较分散。综上表明云南省选育的主要水稻品种(系)籼粳亚种间差异明显,粳型品种较籼型遗传相似性程度高,遗传基础较狭窄,尤其是同一育种部门选育出的粳型品种(系)。

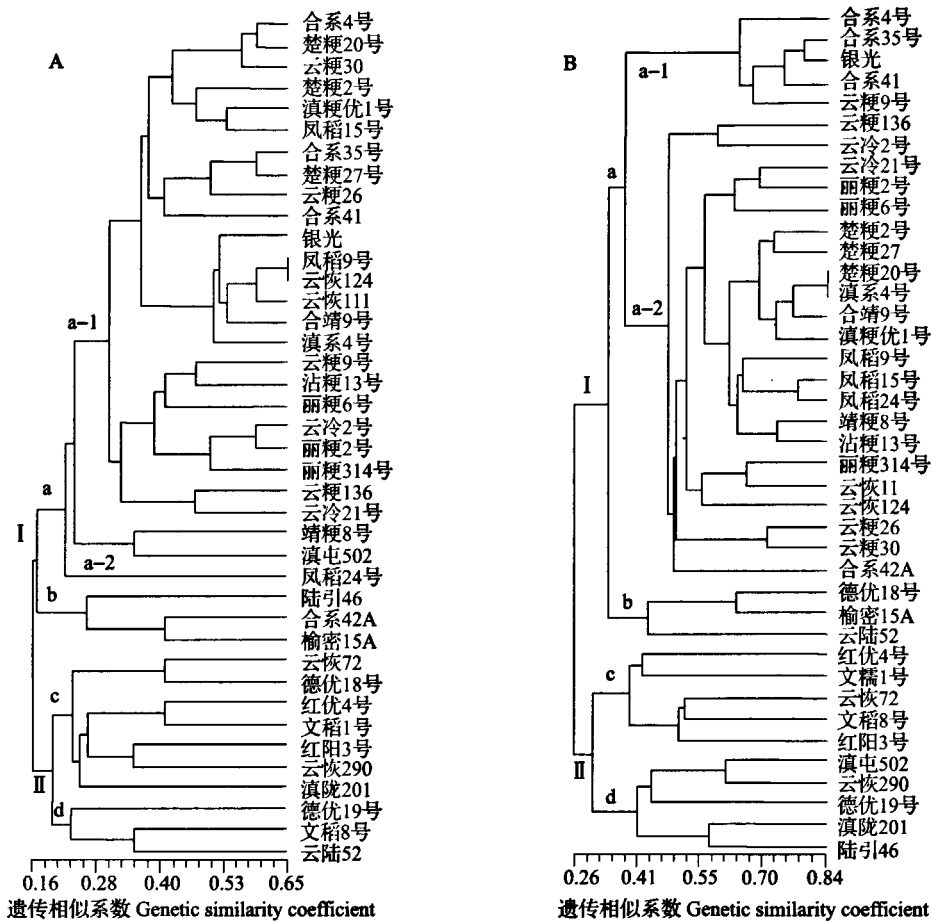


图 2 基于表型和 SSR 分子标记数据的 40 份水稻材料的聚类分析

Fig. 2 Dendrogram of cluster analysis for 40 rice materials based on phenotype and SSR markers data

A: 基于农艺性状 Based on phenotype data; B: 基于 SSR 标记 Based on SSR markers data

2.4 水稻选育品种(系)系谱与 SSR 标记的对应关系分析

从供试品种(系)系谱(表 1),以及 SSR 标记的遗传相似性系数和聚类树型图(图 2-B)可知。来源于袁早生的后代有合系 4 号、云冷 2 号、合系 35 号和丽梗 314 号,其中,合系 4 号和云冷 2 号均有共同的母本袁早生,合系 35 号有一个亲本是合系 4 号,丽梗 314 号有一亲本是合系 35 号,而合系 4 号与合系 35 号的遗传相似性系数值为 0.696,丽梗 314 号与合系 35 号为 0.417,合系 4 号与云冷 2 号为

0.473;图 2-B 显示,合系 4 号和合系 35 号聚在 a-1 类群,云冷 2 号和丽梗 314 号聚在 a-2 类群。来源于相同母本银条梗后代的银光和滇梗优 1 号,其遗传相似性系数值为 0.253,分别聚在 a-1 与 a-2 类群。来源于相同父本合系 34 的滇梗优 1 号和滇系 4 号,其遗传相似性系数值为 0.750,聚在 a-2 类群下一个小类群。西南 175 选株获得的云梗 9 号和云梗 136,其遗传相似性系数值为 0.526,分别聚在 a-1 与 a-2 类群。丽梗 6 号的母本是合系 41,二者的遗传相似性系数值为 0.400,分别聚在 a-2 与 a-1 类

群。红优4号和文稻8号均有一亲本为滇屯502,然而,滇屯502与红优4号的遗传相似性系数值为0.392,滇屯502与文稻8号为0.316,红优4号与文稻8号为0.489;红优4号与文稻8号聚在c类群,滇屯502聚在d类群。来源于相同父本滇型1号A的合系42A和榆密15A,其遗传相似性系数值为0.434,分别聚在a-2与b类群。综上表明,系谱上有血缘关系的品种间遗传相似性程度并非很高,未必聚在同一个小类群,这可能与选育部门(育种人)对后代选拔的方向(或特性)有关。

3 讨论

3.1 表型性状与 SSR 标记比较

表型性状和 SSR 标记是两种常用的遗传相似性分析方法。SSR 标记体现的是 DNA 水平上的差异,不受环境的影响,而表型性状则是环境和 DNA 变异互作的结果,易受环境影响^[25]。本研究采用株高等 17 个表型性状,通过供试的 40 个品种(系)间、11 个籼型品种间、29 个粳型间以及籼粳亚种间遗传相似性系数平均值,分别均显著低于 48 个 SSR 标记水平。另外,40 个供试品种(系)遗传相似性系数的次数分布结果,SSR 标记遗传相似性系数的次数分布图呈近似正态分布,而表型性状次数分布图则呈偏态分布。上述结果表明表型性状与 SSR 标记在遗传相似性分析上存在一定差异。原因是本研究的供试品种(系)所适应的生态环境复杂多样,而在同一试验地点昆明市(海拔 1916m,属典型的粳稻区)种植,籼型品种(系)不能正常生长发育,甚至少数粳型品种(系)也存在不适应因素,导致表型性状的遗传相似性不能真实地反映 DNA 水平的遗传相似性。这与张冬玲等^[26]研究认为,当研究群体分布较广,其外界生态环境复杂多样时,表型水平可能不能真实地反映 DNA 水平相一致。还与李红宇等^[27]研究认为的表型性状不适宜地理纬度差异较大的东北地区的遗传多样性研究相类似。因此,鉴于云南省水稻主要选育品种(系)适应的生态复杂多样,对其进行遗传相似性分析,DNA 水平的鉴定结果较表型性状更为可靠。

3.2 云南省水稻主要选育品种(系)的遗传相似性

本研究表明,云南省水稻主要选育品种(系)籼粳亚种间表现较大的遗传差异,而籼粳亚种内则呈现较高的遗传相似性。这与已有的研究^[28-32]证明栽培稻籼粳亚种间遗传分化明显相一致,与魏兴华等^[12]研究认为我国常规稻主栽品种籼粳亚种间存

在较大的遗传分化,籼粳亚种内较低的遗传变异相一致。并提出在分析栽培稻遗传多样性时,应分别分析籼粳亚种,避免因籼粳亚种间较大的遗传分化而掩盖亚种内较小的遗传变异。本研究认为云南省水稻主要选育品种(系)中粳型品种(系)的遗传相似性高于籼型,这与已有的研究认为我国常规籼粳主栽品种遗传变异稍高于粳稻^[12,25,33]相一致。但与刘克德等^[34]和 Zhang 等^[35]对云南地方稻种遗传多样性分析,认为云南粳稻遗传多样性高于籼稻不相一致。本研究的 SSR 标记聚类结果显示,云南省选育的相同系列粳型品种(系)存在一定的地域分布特点,尤其是相同育种部门(或育种者)育成的品种往往遗传差异较小,聚在一起,如合系、楚梗、凤稻以及丽梗系列品种,这与应杰政等^[7]和程本义等^[36]的研究结果相类似。这一现象在国内大部分育种部门中同样存在,为加快育种进程,采取集中选用少数骨干亲本等做法,致使我国水稻品种数量明显增加的同时,同类型近似品种也明显增加,育成品种的遗传基础变窄、遗传背景趋于单一^[37]。

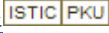
我国有目的地进行水稻良种选育可追溯到 1919 年^[38]。经过 80 多年的育种实践,我国已培育出 5000 多个水稻新品种并得到生产应用^[12,38]。云南省的水稻选育工作始于 20 世纪 60 年代中期,从西南 175 的变异株或天然杂交株中选育出新品种(系)共计 3 世代 27 个品种^[39]。至 2009 年 12 月云南省审定的稻类新品种就高达 277 个,其中合系系列品种有合系 2 号、4、5、10、15、22、24、25、30、34、35、39、40、41 和 42 号共计 15 个品种,楚梗系列品种有楚梗 2 号、3、4、5、6、7、8、12、14、17、22、23、24、25、26、27、28、29 号和 30 号共计 19 个品种通过审定^[40]。本研究基于 48 个 SSR 标记的 29 个粳型品种(系)间遗传相似性系数平均值为 0.478,变幅为 0.167~0.842。这结果虽明显高于程保山等^[41]以 68 个 SSR 标记分析 35 个江苏各稻区粳稻主栽品种,其遗传相似系数变幅为 0.75~0.98。但是,云南省水稻主要选育品种(系)的遗传基础不容乐观,应引起科技、管理以及育种和推广等部门的高度重视,不能片面强调审定新品种的数量,更应重视选育出的新品种在已有品种的产量、品质和抗性等方面的改良程度。另外,新品种推广应用过程中,避免一些人为因素导致新品种的淘汰(即被品种选育者人为淘汰,因为新的品种选育出来了,必须替代生产上的所谓“老品种”,才能体现育种工作者的成绩)。还有,建议品种审定应增加 DNA 分子水平的鉴定评价,与已经审定品种的指纹图谱数据库进

行比对,强调特异性。

参考文献

- [1] Maclean J L, Dawe D C, Hardy B, et al. Rice Almanac [R]. Philippines: International Rice Research Institute, 2002
- [2] 韩龙植, 曹桂兰. 中国稻种资源收集、保存和更新现状 [J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(3): 359-364
- [3] 朱德峰, 程式华, 张玉屏, 等. 全球水稻生产现状与制约因素分析 [J]. 中国农业科学, 2010, 43(3): 474-479
- [4] Tilman D. The greening of the green revolution [J]. Nature, 1998, 396: 211-212
- [5] Zhu Y Y, Chen H R, Fan J H, et al. Genetic diversity and disease control in rice [J]. Nature, 2000, 406: 718-722
- [6] Zhao W G, Chung J W, Ma K H, et al. Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from Korea, China and Japan using SSR markers [J]. Genes and Genomics, 2009, 31: 283-292
- [7] 应杰政, 施勇烽, 庄杰云, 等. 用微卫星标记评估中国水稻主栽品种的遗传多样性 [J]. 中国农业科学, 2007, 40(4): 649-654
- [8] 方福平, 程式华. 论中国水稻生产能力 [J]. 中国水稻科学, 2009, 23(6): 559-566
- [9] 唐梅, 裴炎, 何光华. 四川省籼型杂交水稻保持系的随机扩增多态性研究 [J]. 西南农业学报, 2000, 13(1): 12-15
- [10] 何光华, 裴炎, 杨光伟, 等. 我国中籼杂交稻亲本的 DNA 多态性研究 [J]. 作物学报, 2000, 26(4): 449-454
- [11] 段世华, 毛加宁, 朱英国. 利用 RAPD 分子标记对我国杂交水稻主要恢复系的 DNA 多态性研究 [J]. 武汉大学学报: 理学版, 2001, 47(4): 508-512
- [12] 魏兴华, 袁筱萍, 余汉勇, 等. 我国常规稻主栽品种的遗传变异分析 [J]. 中国水稻科学, 2009, 23(3): 237-244
- [13] 韩龙植. 水稻种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2006
- [14] Sneath P H A, Sokal R R. Numerical Taxonomy [M]. San Francisco: W. H. Freeman, 1973
- [15] 束爱萍, 金钟焕, 张三元, 等. 世界不同地理来源粳稻品种的遗传相似性研究 [J]. 中国农业科学, 2008, 41(7): 1879-1886
- [16] 束爱萍, 张媛媛, 曹桂兰, 等. 中国不同省份粳稻选育品种的遗传相似性 [J]. 中国农业科学, 2009, 42(10): 3381-3387
- [17] 华蕾, 袁筱萍, 余汉勇, 等. 我国水稻主栽品种 SSR 多样性的比较分析 [J]. 中国水稻科学, 2007, 21(2): 150-154
- [18] 张涛, 郑家奎, 徐建第, 等. 香稻品种的遗传多样性研究 [J]. 中国农业科学, 2008, 41(3): 625-635
- [19] 赵庆勇, 朱镇, 张亚东, 等. SSR 标记遗传距离与粳稻杂种优势的相关性分析 [J]. 中国水稻科学, 2009, 23(2): 141-147
- [20] 朱明雨, 王云月, 朱有勇, 等. 云南地方水稻品种遗传多样性分析及其保护意义 [J]. 华中农业大学学报, 2004, 23(2): 187-191
- [21] 樊叶杨, 庄杰云, 吴建利, 等. 应用微卫星标记鉴别水稻籼粳亚种 [J]. 遗传, 2000, 22: 392-394
- [22] 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: 43-49
- [23] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided population [J]. Proc Nat Acad Sci USA, 1973, 70: 3321-3323
- [24] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. Proc Nat Acad Sci USA, 1979, 76: 5269-5273
- [25] 齐永文, 张冬玲, 张洪亮, 等. 中国水稻选育品种遗传多样性及其近 50 年变化趋势 [J]. 科学通报, 2006, 51: 693-699
- [26] 张冬玲, 张洪亮, 魏兴华, 等. 贵州栽培稻的遗传结构及其遗传多样性 [J]. 科学通报, 2006, 51(23): 2747-2754
- [27] 李红宇, 侯昱铭, 陈英华, 等. 用 SSR 标记评估东北三省水稻推广品种的遗传多样性 [J]. 中国水稻科学, 2009, 23(4): 383-390
- [28] 张晓丽, 郭辉, 王海岗, 等. 中国普通野生稻与栽培稻种 SSR 多样性的比较分析 [J]. 作物学报, 2008, 34(4): 591-597
- [29] Garris A J, Tai T H, Coburn J, et al. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. [J]. Genetics, 2005, 160: 1631-1638
- [30] Kwo S J, Lee J K, Hong S W, et al. Genetic diversity and phylogenetic relationship in AA *Oryza* species as revealed by Rim2/Hipa CACTA transposon display [J]. Gen Genet Syst, 2006, 81: 93-101
- [31] Park K C, Kim N H, Cho Y S, et al. genetic variations of AA genome *Oryza* species measured by MITE-AFLP [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107: 203-209
- [32] Zhu Q, Ge S. Phylogenetic relationships among A-genome species of the genus *Oryza* revealed by intron sequences of four nuclear genes [J]. New Phytol, 2005, 167: 249-265
- [33] 李丹婷, 夏秀忠, 农保选, 等. 地中海地区稻种资源的籼粳分类及遗传多样性 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(1): 25-30, 36
- [34] 刘克德, 张启发, 张端品, 等. 云南地方稻种的遗传变异和籼粳分化 [J]. 植物学报, 1995, 37: 718-724
- [35] Zhang H L, Li Z C, Liao D Q, et al. Microsatellite analysis of landrace rice core collection in Yunnan, China [J]. J Agric Biotechnol, 2003, 11(2): 131-139
- [36] 程本义, 吴伟, 夏俊辉, 等. 利用微卫星标记分析浙江省近年来主要水稻品种的遗传多样性 [J]. 中国水稻科学, 2009, 23(5): 551-554
- [37] 程本义, 施勇烽, 沈伟峰, 等. 水稻品种 DNA 指纹检测技术体系及其应用 [J]. 杂交水稻, 2008, 23(1): 54-59
- [38] 应存山. 中国稻种资源 [M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1993: 33
- [39] 蒋志农. 云南稻作 [M]. 昆明: 云南科技出版社, 1995: 140
- [40] <http://www.ynzsc.gov.cn/UploadFile/Document/201022011-4336187.xls>
- [41] 程保山, 万志兵, 洪德林. 35 个粳稻品种 SSR 指纹图谱的构建及遗传相似性分析 [J]. 南京农业大学学报, 2007, 30(3): 1-8

似性分析

作者: 徐福荣, 董超, 杨文毅, 张恩来, 汤翠凤, 阿新祥, 杨雅云, 张斐斐, 戴陆园
作者单位: 徐福荣, 董超, 张恩来, 汤翠凤, 阿新祥, 杨雅云, 张斐斐, 戴陆园(云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 昆明, 650223), 杨文毅(云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 昆明650223; 云南农业大学农业与生物技术学院, 昆明650201)
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: Journal of Plant Genetic Resources
年, 卷(期): 2011(5)

参考文献(41条)

1. 程本义;吴伟;夏俊辉 利用微卫星标记分析浙江省近年来主要水稻品种的遗传多样性 2009(05)
2. Kwo S J;Lee J K;Hong S W Genetic diversity and phylogenetic relationship in AA *Oryza* species as revealed by Rim2/Hipa CACTA transposon display 2006
3. Garris A J;Tai T H;Coburn J Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L 2005
4. 张晓丽;郭辉;王海岗 中国普通野生稻与栽培稻种SSR多样性的比较分析 2008(04)
5. 程保山;万志兵;洪德林 35个粳稻品种SSR指纹图谱的构建及遗传相似性分析 2007(03)
6. 查看详情
7. 程本义;施勇烽;沈伟峰 水稻品种DNA指纹检测技术体系及其应用 2008(01)
8. 李红宇;侯昱铭;陈英华 用SSR标记评估东北三省水稻推广品种的遗传多样性 2009(04)
9. 张冬玲;张洪亮;魏兴华 贵州栽培稻的遗传结构及其遗传多样性 2006(23)
10. 齐永文;张冬玲;张洪亮 中国水稻选育品种遗传多样性及其近50年变化趋势 2006
11. Zhang H L;Li Z C;Liao D Q Microsatellite analysis of landrace rice core collection in Yunnan, China 2003(02)
12. 刘克德;张启发;张端品 云南地方稻种的遗传变异和籼粳分化 1995
13. 李丹婷;夏秀忠;农保选 地中海地区稻种资源的籼粳分类及遗传多样性 2011(01)
14. Zhu Q;Ge S Phylogenetic relationships among A-genome species of the genus *Oryza* revealed by intron sequences of four nuclear genes 2005
15. Park K C;Kim N H;Cho Y S genetic variations of AA genome *Oryza* species measured by MITE-AFLP 2003
16. 赵庆勇;朱镇;张亚东 SSR标记遗传距离与粳稻杂种优势的相关性分析 2009(02)
17. 张涛;郑家奎;徐建第 香稻品种的遗传多样性研究 2008(03)
18. 华蕾;袁筱萍;余汉勇 我国水稻主栽品种SSR多样性的比较分析 2007(02)
19. 束爱萍;张媛媛;曹桂兰 中国不同省份粳稻选育品种的遗传相似性 2009(10)
20. 束爱萍;金钟煊;张三元 世界不同地理来源粳稻品种的遗传相似性研究 2008(07)
21. Nei M;Li W H Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases 1979
22. Nei M Analysis of gene diversity in subdivided population 1973
23. Edwards K;Johnstone C;Thompson C A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis 1991
24. Sneath P H A;Sokal R R Numerical Taxonomy 1973
25. 樊叶杨;庄杰云;吴建利 应用微卫星标记鉴别水稻籼粳亚种 2000
26. 朱明雨;王云月;朱有勇 云南地方水稻品种遗传多样性分析及其保护意义 2004(02)
27. 魏兴华;袁筱萍;余汉勇 我国常规稻主栽品种的遗传变异分析 2009(03)
28. 段世华;毛加宁;朱英国 利用RAPD分子标记对我国杂交水稻主要恢复系的DNA多态性研究 2001(04)
29. 何光华;裴炎;杨光伟 我国中籼杂交稻亲本DNA变异性研究 2000(04)
30. 唐梅;裴炎;何光华 四川省籼型杂交水稻保持系的随机扩增多态性研究 2000(01)
31. 方福平;程式华 论中国水稻生产能力 2009(06)

32. [应杰政;施勇烽;庄杰云 用微卫星标记评估中国水稻主栽品种的遗传多样性](#) 2007(04)
33. [Zhao W G;Chung J W;Ma K H Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from Korea,China and Japan using SSR markers](#) 2009
34. [Zhu Y Y;Chen H R;Fan J H Genetic diversity and disease control in rice](#) 2000
35. [Tilman D The greening of the green revolution](#) 1998
36. [朱德峰;程式华;张玉屏 全球水稻生产现状与制约因素分析](#) 2010(03)
37. [韩龙植;曹桂兰 中国稻种资源收集、保存和更新现状](#) 2005(03)
38. [Maclean J L;Dawe D C;Hardy B Rice Almanac](#) 2002
39. [蒋志农 云南稻作](#) 1995
40. [应存山 中国稻种资源](#) 1993
41. [韩龙植 水稻种质资源描述规范和数据标准](#) 2006

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201105006.aspx