

# 基于 SSR 标记的宁夏水稻遗传多样性分析

马 静<sup>1</sup>, 孙建昌<sup>1</sup>, 安永平<sup>1</sup>, 王兴盛<sup>1</sup>, 张振海<sup>1</sup>, 韩龙植<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>宁夏农林科学院农作物研究所, 永宁 750105; <sup>2</sup>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利用重点开放实验室, 北京 100081)

**摘要:** 选择自 20 世纪 80 年代以来的 59 份宁夏水稻种质, 利用分布于 12 条染色体上的 82 对 SSR 引物进行遗传多样性和遗传相似性分析。共检测到 339 个等位基因, 品种间不同位点等位基因数目 2~19 个, 平均 4.13 个。Nei's 基因多样性指数变幅为 0.0333~0.9164, 平均为 0.4394。按种质释放或审定年代, 将其中的 55 份水稻分为 3 个群体, 随着年代的增加, 等位基因数和遗传多样性指数均呈增大趋势, 且 3 个群体间等位基因数和多样性指数差异均达极显著水平 ( $P < 0.01$ )。UPGMA 聚类分析表明, 参试 59 份水稻种质在遗传相似系数 0.78 水平上聚为 5 大类, 其中第 I 类为 1 份香稻种质; 第 II、IV 类均为 3 份种质; 第 III 类有 5 份种质, 与吉林水稻相似; 绝大多数品种被聚为第 V 类, 占参试材料数的 79.7%。对比宁夏水稻选育品种系谱, 大多数种质具有宁夏骨干亲本红旗 12 号、京引 39 号、东方红 2 号、京引 59 号等的血缘, 种质间亲缘关系较近。虽然近年来宁夏水稻的遗传多样性有增加的趋势, 但遗传基础狭窄, 参试种质的遗传相似系数在 0.70 以上, 最高达 0.97。应继续加大力度引进和创新亲本材料, 拓宽宁夏水稻的遗传基础。

**关键词:** 宁夏水稻; SSR; 遗传多样性; 聚类分析

## Analysis of Genetic Diversity with Population of *Japonica* Rice from Ningxia Using Microsatellite Markers

MA Jing<sup>1</sup>, SUN Jian-chang<sup>1</sup>, AN Yong-ping<sup>1</sup>, WANG Xing-sheng<sup>1</sup>, ZHANG Zhen-hai<sup>1</sup>, HAN Long-zhi<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Crop Sciences, Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Yongning 750105;

<sup>2</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences/The National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Key Laboratory of Crop Germplasm Resources and Utilization, Ministry of Agriculture, Beijing 100081)

**Abstract:** A total of 82 SSR markers distributed on 12 chromosomes were used to analyze genetic diversity and genetic similarity in 59 rice varieties of Ningxia province after 1980s. 339 alleles were revealed, and 2 to 19 alleles were identified among different loci. The mean number of alleles per locus was 4.13. Total Nei's genetic diversity index varied greatly from 0.0333 to 0.9164, with an average of 0.4394. The 55 rice varieties were divided into 3 groups according to their released years. With the increase of the year, both the number of alleles and genetic diversity showed a significant increasing trend ( $P < 0.01$ ). UPGMA cluster analysis showed that the 59 rice varieties were cluster into five categories at the genetic similarity coefficient of 0.78. The category I had only one aromatic rice, II and IV both had three varieties, and category III contained five varieties similar to Jilin rice. The most rice varieties were clustered into category V, which accounted for 79.7% of the tested varieties. Compared the pedigree of rice varieties, the vast major varieties had kinship of Ningxia core parental such as Hongqi 12, Jingyin 39, Dongfanghong 2, Jingyin 59, etc, which showed close relationship among varieties. Although the genetic diversity of Ningxia rice had increased in recent years, the genetic basis was still narrow. The similarity coefficient of the tested varieties was above 0.70, even as high as 0.97. Breeders must introduce and innovate more parental materials in order to expand the genetic foundation of Ningxia rice in the future.

收稿日期: 2012-12-11 修回日期: 2013-01-07 网络出版日期: 2013-08-13

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130813.0925.001.html>

基金项目: 宁夏自然科学基金项目(NZ1180); 宁夏回族自治区“5183”科技重大专项; 国家水稻产业技术体系项目(CARS-01-84)

第一作者研究方向为水稻生物技术育种。E-mail: jingma201@163.com

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

**Key words:** *Japonica* rice varieties of Ningxia; SSR; genetic diversity; cluster analysis

资源是水稻育种的基础,充分了解和掌握当地资源的丰度、差异性、亲缘关系等是培育水稻品种的必要条件。与传统的表型标记相比较,利用分子标记对当地水稻进行遗传分析,具有不受基因表达的时空限制和环境条件的影响,能够更快捷、准确地了解育种材料的遗传变异信息,针对性地选择亲本,从而培育出优良品种组合。SSR 标记由于其简便、稳定、多态性高、廉价等优点,已被广泛应用于评价水稻的遗传多样性和亲缘关系<sup>[1-5]</sup>。

宁夏水稻属西北典型的干燥稻作区,日照充足、昼夜温差大,土壤和灌溉条件优越,病虫害轻,被认为是既利于高产又利于稻米优质的不可多得的宝地<sup>[6-8]</sup>。水稻是宁夏的优势特色农作物,其产量高,品质好,商品性高,是引黄灌区农民增收的重要途径之一。以地理标志认证的“宁夏大米”近年来在巩固周边省区市场的基础上,积极开发有机米、蟹田

米、胚芽米、富硒米等高端产品,已在各大城市销售,并出口蒙古、阿拉伯国家,呈现出良好的发展势头。这就要求培育出优质、高产、特色优势品种以顺应市场需求,加之近年来宁夏水稻产量徘徊不前,频受病害、冷害等危害,对育种家们提出了更严峻的挑战。本研究对宁夏以自育为主的 59 份水稻品种(系)进行遗传分析,旨在了解宁夏水稻遗传多样性及各种质间的亲缘关系,为宁夏水稻优异资源的引进、育种亲本的选配提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

以 59 份水稻种质为参试材料,其中审定品种 37 份,育种中间材料 22 份(表 1),试验材料由宁夏农林科学院农作物研究所水稻室、生物室、水稻品种资源课题组提供。

表 1 供试的 59 份水稻种质及育成时间

Table 1 59 rice germplasms and releasing years

品种名称 Varieties	育成年代 Releasing years	品种名称 Varieties	育成年代 Releasing years	品种名称 Varieties	育成年代 Releasing years
宁粳 3 号 Ningjing 3	1980	宁粳 21 号 Ningjing 21	1990	宁粳 26 号 Ningjing 26	2000
宁粳 6 号 Ningjing 6	1980	花 55 Hua 55	1990	宁粳 27 号 Ningjing 27	2000
宁粳 8 号 Ningjing 8	1980	宁稻 216 Ningdao 216	1990	宁粳 28 号 Ningjing 28	2000
宁粳 9 号 Ningjing 9	1980	花 24 Hua 24	1990	宁粳 29 号 Ningjing 29	2000
宁粳 10 号 Ningjing10	1980	宁原优 4 号 Ningyuanyou 4	1990	宁粳 33 号 Ningjing 33	2000
宁粳 12 号 Ningjing 12	1980	宁农香 1 号 Ningnongxiang 1	1990	宁粳 34 号 Ningjing 34	2000
86XW-17	1980	宁原优 3 号 Ningyuanyou 3	1990	宁粳 35 号 Ningjing 35	2000
86XW-41	1980	花 86 Hua 86	1990	宁粳 36 号 Ningjing 36	2000
宁系 62-3 Ningxi 62-3	1980	农院 45 Nongyuan 45	1990	宁粳 37 号 Ningjing 37	2000
京引 39 Jingyin 39	1980	89-8	1990	宁粳 38 号 Ningjing 38	2000
农院 87-8 Nongyuan 87-2	1980	96D10	2000	宁粳 39 号 Ningjing 39	2000
89-2	1980	00XW-843	2000	宁粳 40 号 Ningjing 40	2000
83XW-445	1980	花引 2 号 Huaying 2	2000	宁粳 41 号 Ningjing 41	2000
农院 15-3 Nongyuan 15-3	1980	宁糯 5 号 Ningnuo 5	2000	宁粳 42 号 Ningjing 42	2000
宁糯 3 号 Ningnuo 3	1980	07D166	2000	宁粳 43 号 Ningjing 43	2000
宁粳 14 号 Ningjing 14	1990	超优 1 号 Chaoyou 1	2000	优引 3 号 Youyin 3	2000
宁粳 15 号 Ningjing 15	1990	节 3 Jie 3	2000	S-1	2000
宁粳 16 号 Ningjing 16	1990	宁粳 23 号 Ningjing 23	2000	S-2	2000
宁粳 18 号 Ningjing 18	1990	宁粳 24 号 Ningjing 24	2000	S-3	2000
宁粳 19 号 Ningjing 19	1990	宁粳 25 号 Ningjing 25	2000		

### 1.2 DNA 提取和 SSR 标记

于分蘖盛期取参试材料单株叶片,按 K. Edwards 等<sup>[9]</sup>且稍有改进的 CTAB 法提取 DNA 并进行 DNA

的纯化。参照前人文献<sup>[10-11]</sup>,共筛选分布于水稻 12 条染色体上的 82 对 SSR 引物用于参试材料的遗传分析。PCR 反应体系体积为 10  $\mu$ L;20 ng/ $\mu$ L DNA

1.0  $\mu\text{L}$ , 10  $\times$  PCR Buffer (含  $\text{Mg}^{2+}$ ) 1.0  $\mu\text{L}$ , 2.5 mmol/L dNTP 0.75  $\mu\text{L}$ , 5 U/ $\mu\text{L}$  *Taq* 酶 0.25  $\mu\text{L}$ , 2  $\mu\text{mol/L}$  SSR 引物 1.0  $\mu\text{L}$ , ddH<sub>2</sub>O 6.0  $\mu\text{L}$ 。扩增程序为 94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min, 94  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s, 55 ~ 67  $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 30 s, 共 35 ~ 40 个循环, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 7 min, 待温度降至 10  $^{\circ}\text{C}$  后, 取出放入 4  $^{\circ}\text{C}$  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<sup>[12]</sup>。

### 1.3 数据分析

每 1 对 SSR 引物检测 1 个位点, 每 1 条多态性带为 1 个等位基因, 参照 <http://www.gramene.org/> 提供的 SSR 信息进行记录。SSR 数据应用 POPGENE 32 统计软件<sup>[13]</sup> 计算等位基因数 ( $N_a$ )、有效

等位基因数 ( $N_e$ )、Nei's 基因多样性指数 ( $H_e$ ) 和 Shannon 信息指数 ( $I$ )<sup>[14]</sup>, 采用 SAS 9.0 对  $N_a$ 、 $N_e$ 、 $H_e$ 、 $I$  在 3 个世代的变化进行显著性检验。用 NT-SYSPc 2.0<sup>[15]</sup> 计算供试品种的 Jaccard 遗传相似系数矩阵, 采用 UPGMA 法进行聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 多样性分析

利用 82 对 SSR 引物对 59 份宁夏水稻种质进行标记分析 (表 2)。共检测到 339 个等位基因, 品种间不同位点等位基因数目不等, 为 2 ~ 19 个, 平均 4.13 个。其中等位基因数在 2 ~ 4 之间的引物 56

表 2 59 份宁夏水稻种质遗传多样性分析结果

Table 2 Genetic diversity of 59 japonica rice germplasm from Ningxia province

位点 Locus	染色体 Chr.	等位 基因数 $N_a$	有效等位 基因数 $N_e$	Shannon 信息指数 $I$	基因多样 性指数 $H_e$	位点 Locus	染色体 Chr.	等位 基因数 $N_a$	有效等位 基因数 $N_e$	Shannon 信息指数 $I$	基因多样 性指数 $H_e$
RM226	1	7	3.78	1.5099	0.7356	RM11	7	3	1.40	0.5363	0.2870
RM24	1	4	1.19	0.3707	0.1591	RM180	7	2	1.86	0.6559	0.4632
RM283	1	2	1.70	0.6005	0.4102	RM214	7	5	1.94	0.9567	0.4857
RM34	1	2	2.00	0.6931	0.5000	RM336	7	8	2.77	1.4075	0.6389
RM302	1	2	1.18	0.2902	0.1551	RM420	7	2	1.03	0.0859	0.0333
RM431	1	2	1.03	0.0859	0.0333	RM501	7	6	3.41	1.3818	0.7068
RM449	1	2	1.03	0.0859	0.0333	RM505	7	3	2.06	0.7650	0.5142
RM575	1	5	2.06	1.0519	0.5155	RM481	7	6	2.67	1.1598	0.6250
RM220	1	3	1.15	0.2860	0.1281	RM72	8	8	3.08	1.5265	0.6757
RM580	1	6	2.54	1.1252	0.6060	RM210	8	4	2.26	1.0022	0.5579
RM106	2	3	1.07	0.1715	0.0661	RM223	8	4	2.79	1.1521	0.6421
RM213	2	4	2.53	1.1366	0.6050	RM281	8	3	2.53	0.9925	0.6040
RM423	2	2	1.03	0.0859	0.0333	RM506	8	2	1.37	0.4414	0.2702
RM475	2	2	1.03	0.0859	0.0333	RM547	8	6	2.64	1.1946	0.6207
RM48	2	5	4.05	1.4996	0.7532	RM5768	9	3	1.53	0.6096	0.3460
RM525	2	4	2.32	0.9845	0.5682	RM160	9	3	1.55	0.6219	0.3562
RM530	2	4	2.17	0.9332	0.5388	RM201	9	2	2.00	0.6931	0.5000
RM232	3	3	1.86	0.7126	0.4631	RM219	9	6	2.44	1.1086	0.5902
RM517	3	3	1.44	0.5586	0.3036	RM257	9	7	3.16	1.4515	0.6837
RM8203	3	3	1.34	0.4645	0.2509	RM434	9	3	1.12	0.2573	0.1102
RM8208	3	4	2.92	1.1643	0.6579	RM464	9	2	1.03	0.0859	0.0333
RM22	3	2	2.00	0.6930	0.4999	RM171	10	2	1.57	0.5479	0.3620
RM448	3	4	1.36	0.5314	0.2672	RM228	10	2	1.14	0.2479	0.1264
RM252	4	2	1.03	0.0859	0.0333	RM239	10	3	1.07	0.1715	0.0661
RM518	4	4	2.07	0.8568	0.5158	RM333	10	10	3.68	1.6219	0.7280
RM3216	4	2	1.86	0.6559	0.4632	RM7217	10	3	2.19	0.9199	0.5429
RM5479	4	3	2.33	0.9636	0.5702	RM228	10	2	1.14	0.2479	0.1264
RM2010	5	5	2.15	0.9882	0.5343	RM3428	11	4	2.34	0.9760	0.5722
RM249	5	9	5.01	1.8027	0.8003	RM21	11	3	2.13	0.8168	0.5303
RM274	5	2	1.52	0.5273	0.3436	RM206	11	19	11.96	2.6417	0.9164
RM289	5	2	1.18	0.2902	0.1551	RM224	11	5	1.96	0.9027	0.4886
RM440	5	5	1.87	0.8555	0.4643	RM286	11	4	2.46	1.0209	0.5937
RM430	5	9	4.51	1.7093	0.7785	RM287	11	4	1.37	0.5700	0.2718
RM162	6	6	2.22	1.1214	0.5488	RM332	11	3	2.36	0.9645	0.5761
RM340	6	4	2.81	1.1969	0.6441	RM536	11	5	2.64	1.1465	0.6217
RM584	6	3	2.23	0.9328	0.5519	RM12	12	2	1.11	0.2010	0.0965
RM253	6	5	2.13	1.0074	0.5305	RM247	12	4	2.24	0.9713	0.5543
RM528	6	5	2.32	1.0244	0.5687	RM309	12	3	1.48	0.6100	0.3240
RM587	6	2	1.52	0.5273	0.3436	RM1337	12	6	2.90	1.2761	0.6548
RM2615	6	7	1.52	0.7991	0.3420	RM101	12	3	2.76	1.0509	0.6376
RM10	7	3	1.35	0.5025	0.2618	RM2854	12	8	3.73	1.6522	0.7315
平均 Mean								4.13	2.19	0.8245	0.4394

对,占参试引物的 68.3%。RM206、RM333 检测到的等位基因数较多,分别为 19、10 个。82 对引物检测到平均有效等位基因数在 1.03 ~ 11.96 之间,平均为 2.19 个,其中 RM206 最高,其次为 RM249 (5.01)。

82 对 SSR 引物中平均 Nei's 基因多样性指数为 0.4394, 变幅为 0.0333 ~ 0.9164, 其中 RM206 (0.9164)、RM249 (0.8003)、RM430 (0.7785)、RM48 (0.7532)、RM226 (0.7356)、RM2854 (0.7315)、RM333 (0.7280)、RM501 (0.7068) 的 Nei's 基因多样性指数较高,在 0.7 以上。Shannon 指数在 0.0859 ~ 2.6417 之间,平均 0.8245,各位点大小顺序和 Nei's 基因多样性指数基本相同。

## 2.2 不同年代育成品种遗传多样性分析

59 份水稻种质中选择 55 份 (S-1、S-2、S-3、07D166 为引进材料,生产中没有被直接或间接利用,故除外),按种质育成或审定年代分为 3 个世代

群体,即 1980 年代 (15 份)、1990 年代 (15 份) 和 2000 年代 (25 份)。对 3 个年代群体的种质进行遗传多样性分析 (表 3),等位基因数表现为 2000 年代群体最多 (281 个),平均 3.43 个;1990 年代次之 (247 个),平均 3.01 个,1980 年代群体最少 (213 个),平均 2.60 个。群体间等位基因数差异极显著 ( $P < 0.01$ ),且随年代的增加,等位基因数呈增大趋势。参试群体 Shannon 指数也表现随年代的增加呈增大趋势,1980 年代为 0.6306,1990 年代为 0.7257,2000 年代群体为 0.8236,群体间差异极显著 ( $P < 0.01$ )。Nei's 基因多样性指数与等位基因数和 Shannon 指数呈相同趋势,即 1980 年代群体最低,为 0.3681;其次是 1990 年代,为 0.4016,2000 年代最高,为 0.4517;群体间差异极显著 ( $P < 0.01$ )。利用新复极差法对 3 个世代群体的平均等位基因数、Shannon 指数和 Nei's 基因多样性指数进行差异显著性分析,每个世代群体间均表现差异极显著。

表 3 不同年代的水稻品种多样性分析

Table 3 Genetic diversity in different years of japonica rice germplasms from Ningxia province

指标 Items	年代 Years		
	1980	1990	2000
样本数 No. of single plants	15	15	25
等位基因数 No. of alleles	213	247	281
平均等位基因数 Average of alleles	2.6A	3.01B	3.43C
平均 Shannon 指数 Average of Shannon's index	0.6306A	0.7257B	0.8236C
平均 Nei's 基因多样性指数 Average of Nei's genetic diversity index	0.3681A	0.4016B	0.4517C

大写字母代表 0.01 水平显著性

Capital letters mean significance at 0.01 level

## 2.3 宁夏水稻种质聚类分析

根据遗传相似值矩阵,按 UPGMA 进行聚类分析,得到 59 份水稻种质的聚类图 (图 3),在遗传相似系数为 0.78 水平上,参试品种 (系) 聚为 5 大类群。00XW-843 单独归为第 I 类,该品系在农艺和品质性状上较特殊,为香稻,散穗,子粒偏长 (米粒长宽比 2.6),故单独聚为一类。宁粳 36 号、花 55、宁粳 27 号被聚为第 II 类,此类种质表现子粒偏长 (米粒长宽比 2.0 以上),千粒重较低,大米品质好,抗稻瘟病。聚为第 III 类的品种 5 个,特点是熟期相对较早,穗型较散,属典型吉林水稻品种类型,其中 2 份为吉林引进种质,自育品种宁粳 41 号和宁粳 42 号的直接或间接亲本均含有吉林种质的血缘。聚为第 IV 类的种质有宁粳 29 号、宁粳 34 号和宁粳 39 号,3 个品种从系谱上无直接联系,但均表现较早

熟。聚为第 V 类种质 47 份,占参试材料的 79.7%。追溯该类种质的遗传背景,绝大多数具有红旗 12 号、东方红 2 号、京引 39 号、京引 59 号、京引 141 号、辽源 2 号、吉粳 51 (突变) 等宁夏水稻骨干亲本的血缘。第 V 类群内在相似系数 0.795 水平上又可分为 3 个亚类,第 V-1 亚类包括 22 份种质,此亚类种质主要以京引 39 号、东方红 2 号等宁夏水稻骨干亲本的血缘为主,还含有东北、日本、意大利等品种的血缘;宁夏水稻的高产品种宁粳 19 号、宁粳 23 号、宁粳 28 号和宁粳 35 号聚于此亚类,同时偏长粒型种质宁粳 24 号和宁粳 43 号也聚于此亚类,其长粒型基因来自于意大利种质意大利 4 号。第 V-2 亚类包括 24 份种质,主要以红旗 12 号、京引 144 号等血缘为主,兼有日本、东北等其他种质血缘。如宁粳 21 号具有秋光、辽盐 5 号的血缘,宁粳 33 号、宁

粳37号、宁粳38号、宁粳40号、花86具有山引1号血缘,宁粳9号、宁粳12号、宁粳14号、宁粳15号等具有丰光、合交742、取手1号等的血缘。与第V-1亚类种质相比较,此亚类多数种质生育进程相

对较快。聚于第V-3亚类的种质只有1份,是引自天津农科院的超优1号,该种质在表型性状上与前2个亚类也表现不同,表现为分蘖强、叶色较淡、晚熟、丰产,但后期易倒伏。

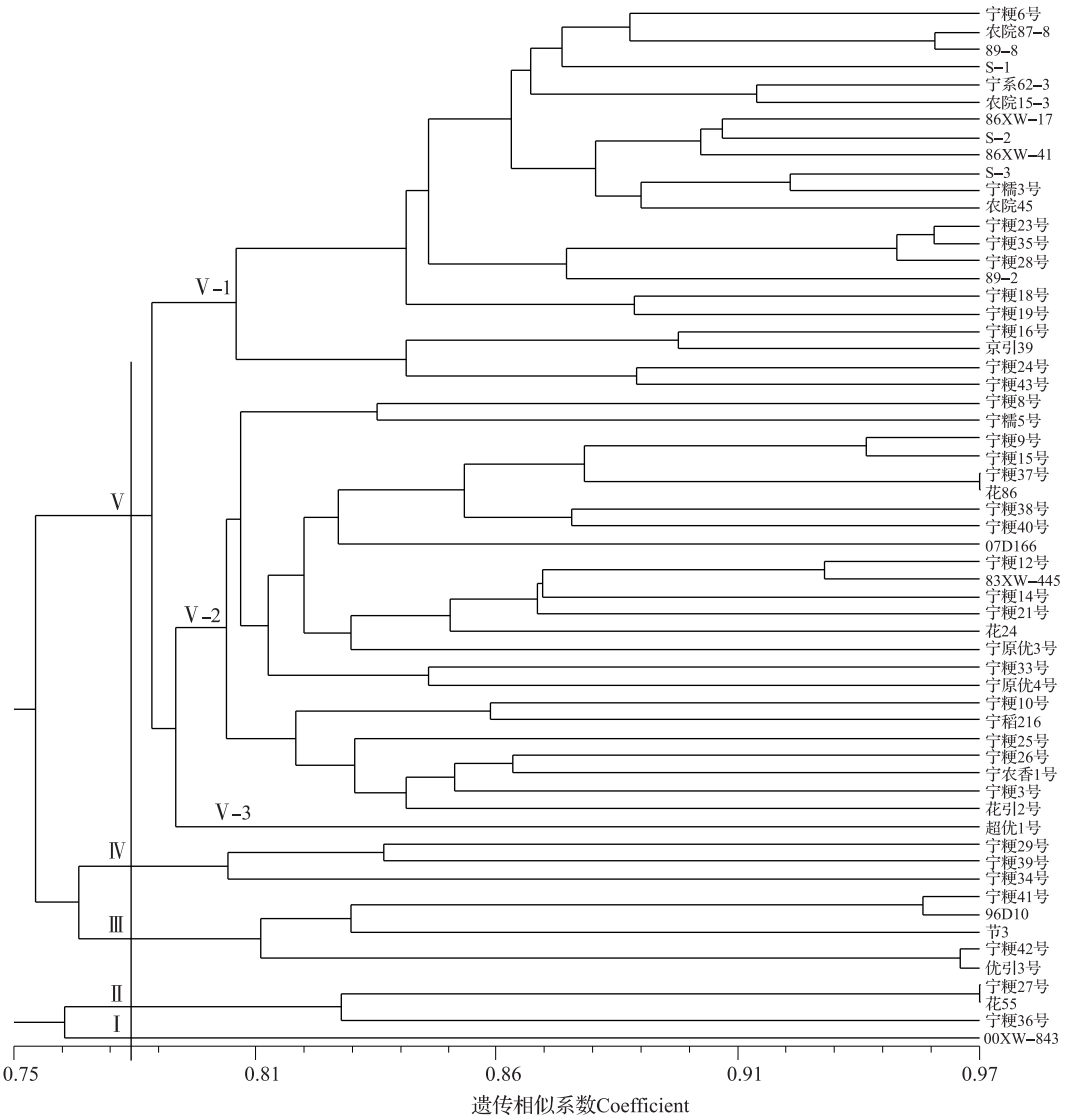


图3 59份宁夏水稻种质聚类分析

Fig. 3 Dendrogram of 59 japonica rice germplasm from Ningxia province using SSR genetic coefficient

### 3 讨论

#### 3.1 宁夏水稻的遗传多样性

前人对粳稻遗传多样性已有较多研究,如李红宇等<sup>[16]</sup>利用53对SSR标记分析东北三省107个水稻推广品种,平均遗传多样性指数为0.3746;玄英实等<sup>[17]</sup>利用68对SSR引物对91份东北水稻主栽品种分析,平均多态性信息含量为0.313。张立娜等<sup>[18]</sup>利用43对SSR多态性标记对中国17个省的187份粳稻地方品种进行分析,平均多态性信息含量为0.523;

魏兴华等<sup>[19]</sup>采用40个微卫星标记分析了329份我国近50年常规粳稻主栽品种遗传变异,平均遗传多样性指数为0.632。本研究利用82对SSR引物对59份宁夏水稻种质的遗传多样性分析,其平均Nei's基因多样性指数为0.4394,变幅为0.0333~0.9164。虽然各研究群体多样性指数受被选引物多态性的影响,但总体表明宁夏水稻种质遗传多样性较低,同时表明东北水稻遗传多样性也较低。这与Y. W. Qi等<sup>[1]</sup>研究认为我国水稻种植区域划分的6个生态区中,东北稻区和西北稻区遗传多样性低的结果一致。宁夏水稻



种质资源匮乏,整理保存的地方品种仅 18 份,水稻种质主要以外引为主,且绝大多数来自东北和日本(日本品种主要是通过东北引进到宁夏),育成的品种中东北品种的血缘比例较大,这可能是宁夏水稻遗传多样性较低的主要原因。

### 3.2 宁夏水稻遗传多样性变化趋势

按育成或审定年代把参试材料分为 3 个群体,结果表明,随着年代的增加,等位基因数和遗传多样性指数均呈增大趋势,且 3 个群体间等位基因数和遗传多样性指数均表现极显著差异( $P < 0.01$ )。结果表明从 20 世纪 80 年代到 21 世纪初,宁夏水稻遗传多样性呈增加趋势。这与当地水稻种质资源特点和育种发展有关。宁夏水稻资源匮乏,主要以引进利用为主。80 年代宁夏水稻杂交选育品种取得实质性进展,亲本主要来源于几个骨干亲本如京引 39 号、红旗 12 号、京引 59 号、辽粳 5 号等,其遗传基础相对狭窄。到了 80 年代末至 90 年代,杂交亲本选择范围拓宽,对引进在某一方面具有优良特性的种质进一步利用,且开展了籼粳杂交,同时资源引进利用范围加大,拓宽了宁夏水稻的遗传基础。随着人们生活水平的提高,对大米的消费在品质上有了更高的要求。为了提高宁夏水稻的商品性,从 90 年代末,宁夏水稻的育种目标由“高产、优质”转变为“优质、高产”,育种家们加大优质亲本的引种力度,重点引进培育品质优、产量高的品种用于生产,尤其是在外观品质上得到了明显的改善。如引进利用长粒型种质意大利 4 号(培育出宁粳 24 号、宁粳 43 号),直接引进偏长粒型品种宁粳 27 号,已培育的偏长粒品种宁粳 36 号、宁粳 38 号、宁粳 40 号等。加上近年来在亲本选配上更注重于亲源关系较远的材料之间的杂交选配,如粳型和偏籼型、水稻和旱稻、水稻和巴西陆稻等,进一步拓宽了宁夏水稻的遗传基础。

### 3.3 宁夏水稻种质间的亲缘关系

马静等<sup>[20]</sup>利用 36 对 SSR 引物对 31 份宁夏选育品种进行聚类分析,多数品种遗传相似系数在 0.50 以上;甘晓燕等<sup>[21]</sup>利用 47 对 SSR 标记对宁夏自育和东北引进的 89 份种质进行分析,平均遗传相似系数 0.79;陈小龙<sup>[22]</sup>利用 53 对具有多态性的 SSR 引物分析了 60 份宁夏自育种质和北方区试材料,材料间平均遗传相似系数为 0.781;结果均表明宁夏水稻相似性高,遗传基础狭窄,同时表明宁夏水稻与东北水稻具有很高的相似性。本研究利用分布于 12 条染色体上的 82 对 SSR 引物对 59 份以自育为主的宁夏水稻种质分析,其遗传相似系数也高达

0.70 或以上,最高为 0.97,分子水平上进一步证明了宁夏水稻亲缘关系近,遗传基础狭窄。追溯宁夏水稻品种系谱,绝大多数品种含有骨干亲本红旗 12 号、东方红 2 号、京引 39 号、京引 59 号、京引 141 号、辽源 2 号、吉粳 51(突变)等的血缘,且宁夏水稻地方品种匮乏,直接或间接利用的种质多数来自东北和日本,这可能是造成其遗传背景单一的主要因素之一。同时也表明利用 SSR 标记能够快捷、准确地揭示水稻种质间的遗传差异和亲缘关系<sup>[23-25]</sup>。宁夏水稻工作者们早在 90 年代就注重引进和利用不同地理来源的种质来拓宽当地的遗传基础,这一点在聚类图中也有反映:按不同年代种质的聚类来看,聚于第 I、II、III、IV 大类的种质(除花 55 外)均属于 2000 年代,说明近年来随着种质资源引进利用力度的加大,水稻种质遗传背景得到了一定的拓展。

宁夏水稻种植面积虽小,但其得天独厚的地理气候条件赋予了宁夏大米独特的优势和发展潜力。根据宁夏水稻实际情况,政府部门提出立足国内外高端市场需求,着力打造全国一流、品质优良、绿色有机的宁夏大米品牌,努力实现大米品质全国一流,单产水平全国一流和水稻栽培技术全国一流的发展方向。育种家们在充分掌握和利用现有优异资源的同时,需广泛引进和挖掘我国优异的稻种资源,在传统育种的基础上结合分子育种,通过杂交聚合有利基因,尽量拓宽育种材料的遗传基础,培育既好看又好吃的水稻新品种,从品种上为宁夏大米进一步开拓高端市场提供有力保障。

### 参考文献

- [1] Qi Y W, Zhang D L, Zhang H L, et al. Genetic diversity of rice cultivars (*O. sativa* L.) in China and the temporal trends in recent fifty years[J]. Chin Sci Bull, 2006, 51(6): 681-688
- [2] 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
- [3] Wei X H, Yuan X P, Yu H Y, et al. Temporal changes in SSR alleles diversity of major rice cultivars in China[J]. J Genet, 2009, 36: 363-370
- [4] 赵庆勇, 张亚东, 朱镇, 等. 30 个粳稻品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2): 218-223
- [5] 张立娜, 曹桂兰, 韩龙植. 中国不同地理来源早稻地方品种的遗传相似性研究[J]. 中国农业科学, 2010, 43(17): 3481-3488
- [6] 高如嵩, 张嵩午. 稻米品质气候生态基础研究[M]. 西安: 陕西科学技术出版社, 1994
- [7] 高亮之, 郭鹏, 张立中, 等. 中国水稻的光温资源与生产力[J]. 中国农业科学, 1984(1): 17-23
- [8] 王兴盛. 宁夏水稻[J]. 北方水稻, 2007, 37(1): 19-22, 31
- [9] Edwards K, Johnstone C, Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis[J]. Nucleic Acids Res, 1991, 19(6): 1349
- [10] 杨志奇. 中国粳稻地方品种孕穗期耐冷性鉴定及遗传多样性分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2009
- [11] Shu A P, Kim J H, Zhang S Y, et al. Analysis on genetic similarity

- of *Japonica* rice variety from different origins of geography in the world[J]. *Agr Sci China*, 2009, 8(5): 513-520
- [12] Panaud O, Chen X, McCouch S R. Development of a microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*O. sativa* L.) [J]. *Mol Gen Genet*, 1996, 252(5): 597-607
- [13] Nei M. Genetic distance between populations[J]. *Am Nat*, 1972, 106(3): 283-292
- [14] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1973, 70(12): 3321-3323
- [15] Rohlf F J. NTSYSpc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system [M]. New York: Exeter Software, Applied Biostatistics Inc, 2000
- [16] 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
- [17] 玄英实, 姜文洙, 刘宪虎, 等. 中国东北地区水稻主要栽培品种的遗传多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(2): 206-212
- [18] 张立娜, 曹桂兰, 韩龙植. 利用 SSR 标记揭示中国粳稻地方品种遗传多样性[J]. *中国农业科学*, 2012, 45(3): 405-413
- [19] 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
- [20] 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): 929-934
- [21] 甘晓燕, 李苗, 关雅静, 等. 宁夏 89 份粳稻种质遗传多样性的 SSR 分析[J]. *西北植物学报*, 2009, 29(9): 1772-1778
- [22] 陈小龙. 宁夏粳稻种质资源遗传多样性研究[D]. 银川: 宁夏大学, 2011
- [23] 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
- [24] 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
- [25] 徐福荣, 董超, 杨文毅, 等. 基于表型性状和 SSR 分子标记的云南水稻主要育成品种(系)的遗传相似性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(5): 700-708

## 欢迎订阅 2014 年《杂交水稻》

《杂交水稻》是由国家杂交水稻工程技术研究中心和湖南杂交水稻研究中心主办的、对国内外公开发行的专业技术刊物, 刊号: ISSN 1005-3956, CN 43-1137/S。获第二届国家期刊奖提名奖, 为历届全国中文核心期刊、中国科学引文数据库(CSCD)核心库来源期刊、《中国核心期刊(遴选)数据库》收录期刊。主要宣传报道我国及国外杂交水稻研究、应用中的最新成果、进展、动态、技术经验和信息等。辟有专题与综述、选育选配、栽培技术、繁殖制种、新组合、基础理论、国外动态和简讯等栏目。

双月刊, 大 16 开本, 96 页, 逢单月出版, 每册定价 10 元, 年价 60 元。订阅办法: (1) 可到当地邮局订阅, 邮发代号: 42-297。(2) 直接向本刊杂志社订阅, 另加收挂号费每个订户全年 18 元整。

银行信汇地址: 中国农业银行长沙马坡岭支行 账户: 湖南杂交水稻研究中心

账号: 18035801040000507(务请注明为杂交水稻 2014 年杂志款)

邮局汇款地址: (410125) 长沙市马坡岭远大二路 736 号《杂交水稻》杂志社

电话: 0731-82872955, 82872954, 82872961;

E-mail: jhybrice@2118.cn, zjzdzzs@163.com; 网址: http://zjzd.cbpt.cnki.net。

## 欢迎订阅 2014 年《植物分类与资源学报》

《植物分类与资源学报》(原刊名《云南植物研究》)创刊于 1979 年, 是由中国科学院主管、中国科学院昆明植物研究所及中国植物学会承办的全国性自然科学学术期刊。是中国科学引文数据库来源期刊、中国科技核心期刊等。入选“2012 年最具国际影响力学术期刊”。

主要刊登以下内容为主的原创性论文、简报和综述(以约稿为主): (1) 广义植物系统学相关学科: 植物分类学、系统学、命名法、系统发生、植物区系和生物地理学; (2) 植物多样性保护及植物资源的可持续性利用: 植物分子生物学、植物生理、植物生态学、植物化学及民族植物学; (3) 植物资源管理和监测; (4) 农业、林业、园艺及药用植物资源利用与保护。研究对象以野生植物为主, 兼顾引种驯化后的野生物种; 分布地以中国及喜马拉雅地区为主, 兼顾其它地区。

双月刊, 单月 25 日出版, 每期 30 元, 邮发代号: 64-11, 也可直接与编辑部联系订阅。

地址: (650201) 云南昆明市蓝黑路 132 号中国科学院昆明植物研究所

Tel & Fax: 0871-5223032

E-mail: bianji@mail.kib.ac.cn, linnana@mail.kib.ac.cn

网址: http://journal.kib.ac.cn