

# 黑龙江省近年审定水稻品种基于 SSR 标记的遗传多样性分析

张科<sup>1</sup>, 魏海锋<sup>1</sup>, 卓大龙<sup>2</sup>, 张晓敬<sup>2</sup>, 张帆<sup>2</sup>, 周永力<sup>2</sup>, 黎志康<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>黑龙江省田友种业有限公司, 佳木斯 154332; <sup>2</sup>中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

**摘要:**为评估黑龙江省水稻品种的遗传基础, 利用 24 个用于水稻 DNA 指纹图谱构建的 SSR 标记以及其他均匀分布于水稻 12 条染色体的 38 个 SSR 标记, 对黑龙江省近年审定的 73 个水稻常规稻品种进行遗传多样性分析。结果表明, 在 62 个 SSR 标记位点中, 共检测到 142 个等位基因, 平均每个标记 2.3 个, 多态性比率平均为 71.0%, 多态性频率变幅为 0~0.775, 平均值为 0.246。供试品种间两两遗传相似系数的平均值为 0.759, 变幅为 0.622~0.966, 且 96.4% 的品种间遗传相似系数在 0.66~0.86 之间, 表明供试的 73 个品种亲缘关系较近。通过 SSR 标记基因型聚类分析将这些品种划分为 6 个类群, 与系谱分析趋势一致, 类群间的差异主要表现在生育期和米质方面。综上所述, 黑龙江省近年审定的水稻品种遗传基础狭窄, 在育种中需要导入新的种质资源, 加强种质资源创新, 以期丰富水稻品种的遗传多样性, 进一步提高水稻产量和抗性。

**关键词:** 黑龙江省; 水稻品种; 遗传多样性; SSR 标记

## Genetic Diversity Analysis of Registered Rice (*Oryza sativa* L.) Varieties in Heilongjiang Province Based on SSR Markers

ZHANG Ke<sup>1</sup>, WEI Hai-feng<sup>1</sup>, ZHUO Da-long<sup>2</sup>, ZHANG Xiao-jing<sup>2</sup>,  
ZHANG Fan<sup>2</sup>, ZHOU Yong-li<sup>2</sup>, LI Zhi-kang<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>Heilongjiang Province Tian You Seed Industry Co., Ltd, Jiamusi 154332;

<sup>2</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

**Abstract:** To evaluate the genetic diversity of major rice varieties registered in Heilongjiang province in the past two decades, 73 conventional rice varieties were collected and genotyped with a set of 62 SSR markers well distributed on all the 12 rice chromosomes, including 24 SSR markers used in rice DNA fingerprint database of China. The results showed that a total of 142 alleles among these varieties were identified at all of 62 SSR markers loci, with an average of 2.3 alleles per marker locus, and 71.0% of the SSR markers were polymorphic between varieties, and the values of the frequency of polymorphism ranged from 0 to 0.775 with an average of 0.246. The 73 varieties existed highly similarity, the genetic similarity coefficient ranged from 0.622 to 0.966 with an average of 0.759, and 96.4% of the tested varieties showed the genetic similarity coefficient from 0.66 to 0.86. The 73 varieties were clustered into 11 groups based on the genotyping data, which consisted with pedigree information of these varieties. The major differences among these groups were detected on maturity and grain quality. Based on our results, the genetic background was very narrow in the registered varieties in Heilongjiang province in the past two decades. It is necessary to introgress diversified germplasm and enhance germplasm innovation in the conventional

收稿日期: 2015-05-27 修回日期: 2015-07-22 网络出版日期: 2016-04-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160406.1111.002.html>

基金项目: 国家高技术研究发展计划(“863”计划)项目(2014AA10A603); 中国农业科学院科技创新工程

第一作者研究方向为水稻育种。E-mail: zhangkety@163.com

通信作者: 周永力, 研究方向为水稻分子育种与抗病分子生物学。E-mail: zhouyongli@caas.cn

张帆, 研究方向为水稻抗逆分子育种。E-mail: zhangfan03@caas.cn

rice breeding program for further increase of rice yield and stress tolerance in Heilongjiang province.

**Key words:** Heilongjiang province; rice varieties; genetic diversity; SSR markers

黑龙江省是世界上最寒冷的稻作区,也是我国水稻的主产区,其播种面积占东北三省粳稻种植面积的 65% 以上,在保障我国粮食安全生产中占有非常重要的地位<sup>[1]</sup>。自 20 世纪 50 年代以来,黑龙江省育成了大量适宜该地区种植的优良品种。研究黑龙江省水稻育成品种的遗传变异,对揭示该地区水稻群体遗传多样性和群体结构具有重要意义,进而为合理利用优异亲本、培育新品种提供帮助。以往一些研究通过系谱追溯来分析黑龙江省水稻育种的骨干亲本和育成品种的遗传关系<sup>[2-3]</sup>。随着分子生物学技术的发展,利用分子标记技术研究水稻资源越来越受到重视<sup>[4-7]</sup>。近年来,研究者对黑龙江省 2011 年之前育成的水稻品种进行了遗传多样性分析,认为当地品种遗传多样性较低,但是研究中测试的水稻品种数目和采用的 SSR 标记数目均较

少<sup>[8-10]</sup>。本研究选用均匀分布于水稻 12 条染色体上的 62 对 SSR 标记,分析黑龙江省 1994 - 2014 年审定的水稻品种的遗传多样性,以期进一步阐明黑龙江省育成品种的遗传变异特点,为当地水稻育种和生产提供参考信息。

## 1 材料与方法

### 1.1 水稻材料及 DNA 提取

根据国家水稻数据中心中国水稻品种及其系谱数据库 (<http://www.ricedata.cn/variety>) 检索的历年黑龙江省级审定品种信息,从黑龙江省、市农业科研院所和种子公司征集了黑龙江省近年 (1994 - 2014 年) 审定的 73 个常规粳稻品种 (表 1)。2014 年 11 月在中国农业科学院作物科学研究所温室种植,植株长至 2 片叶时,取叶片并采用 CTAB 法提取 DNA<sup>[11]</sup>。

表 1 用于遗传多样性分析的黑龙江省审定水稻品种及其相关信息

Table 1 The information of the registered rice varieties in Heilongjiang province used for genetic diversity analysis

编号 Code	品种 Variety	审定年份 Year registered	适宜区域 Recommended planting area	亲本来源 Parents
1	松粳 3 号	1994	黑龙江省第一积温带	辽粳 5 号 (♀) 合江 20 号 (♂)
2	绥粳 3 号	1999	黑龙江省第三积温带	藤系 138 (♀) 垦 87-239 (♂)
3	绥粳 4 号	1999	黑龙江省第二积温带	莲香 1 号/R12-34-1 (♀) 松前/吉粘 2 号 (♂)
4	绥粳 5 号	2000	黑龙江省第二积温带	藤系 137 (♀) 绥粳 1 号 (♂)
5	空育 131	2000	黑龙江省第三积温带	空育 110 (♀) 道北 36 (♂)
6	富士光	2001	黑龙江省第二积温带	R151 (♀) 越光//越光//藤系 71/藤系 67 (♂)
7	垦稻 9 号	2001	黑龙江省第四积温带	黑交 871 (♀) 牡 87-1984 (♂)
8	垦稻 10 号	2002	黑龙江省第二积温带	富士光 (♀) 合交 7811-2 (♂)
9	系选 1 号	2003	黑龙江省第一、二积温带	富士光
10	三江 1 号	2003	黑龙江省第三、四积温带	藤系 144 (♀) 延粳 14 号 (♂)
11	绥粳 7 号	2004	黑龙江省第二积温带	牡丹江 19 号 (♀) 绥 93-6032 (♂)
12	松粳 9 号	2005	黑龙江省第一积温带	五优稻 1 号 (♀) 通 306 (♂)
13	五优稻 3 号	2005	黑龙江省第二积温带	五优稻 1 号
14	牡丹江 28 号	2006	黑龙江省第二积温带	上育 397 (♀) 垦鉴 90-31 (♂)
15	垦稻 12 号	2006	黑龙江省第二积温带	垦稻 10 号 (♀) 垦稻 8 号 (♂)
16	龙稻 5 号	2006	黑龙江省第二积温带	牡丹江 22 号 (♀) 龙粳 8 号 (♂)
17	东农 425	2007	黑龙江省第一积温带	五优稻 1 号 (♀) 东农 423 (♂)
18	绥粳 8 号	2007	黑龙江省第二积温带	龙粳 10 号 (♀) 绥粳 3 号 (♂)
19	龙粳 20 号	2007	黑龙江省第三积温带	龙育 98-211 (♀) 龙选 9782 (♂)
20	绥粳 9 号	2008	黑龙江省第二积温带	龙粳 10 号 (♀) 绥粳 3 号 (♂)
21	绥粳 10 号	2008	黑龙江省第二积温带	上育 397 (♀) 绥粳 3 号 (♂)

表 1(续)

编号 Code	品种 Variety	审定年份 Year registered	适宜区域 Recommended planting area	亲本来源 Parents
22	绥粳 11 号	2008	黑龙江省第二积温带	龙粳 10 号(♀) 绥粳 3 号(♂)
23	龙粳 21 号	2008	黑龙江省第二积温带	龙交 91036-1(♀) 龙花 95-361/龙花 91-340(♂)
24	龙粳 22 号	2008	黑龙江省第三积温带	龙选 93001(♀) 空育 131(♂)
25	龙粳 24 号	2008	黑龙江省第四积温带	龙花 94-715(♀) 空育 150(♂)
26	绥粳 12 号	2009	黑龙江省第四积温带	龙粳 10 号(♀) 绥粳 3 号(♂)
27	五优稻 4 号	2009	黑龙江省第一积温带	五优稻 1 号
28	东农 430	2009	黑龙江省第一积温带	东农 423(♀) 五优稻 1 号(♂)
29	东农 428	2009	黑龙江省第二积温带	五优稻 1 号(♀) 东农 423(♂)
30	垦稻 15 号	2009	黑龙江省第二积温带	垦 94-1043(♀) 垦稻 10 号/垦 94-1043(♂)
31	垦稻 20 号	2009	黑龙江省第三积温带	垦 98-495(♀) 垦 94-1043(♂)
32	垦稻 19 号	2009	黑龙江省第四积温带	垦 96-614/垦 96-730(♀) 垦 96-249/垦 96-754(♂)
33	垦稻 21 号	2009	黑龙江省第三积温带	垦稻 9 号(♀) 垦 96-614/垦 96-730(♂)
34	龙粳 25 号	2009	黑龙江省第三积温带	佳禾早占(♀) 龙花 97058(♂)
35	龙粳 26 号	2009	黑龙江省第三积温带	垦 92-91(♀) 空育 150(♂)
36	龙粳 27 号	2009	黑龙江省第三积温带	上育 418(♀) 龙粳 12 号(♂)
37	龙洋 1 号	2010	黑龙江省第一积温带	五优稻 1 号(♀) 龙洋长粒(♂)
38	绥粳 13 号	2010	黑龙江省第二积温带	垦稻 10 号(♀) 绥粳 3 号(♂)
39	龙庆稻 1 号	2010	黑龙江省第二积温带	系选 1 号(♀) 牡丹江 19 号(♂)
40	垦粳 3 号	2010	黑龙江省第三积温带	垦 94-202//东津稻/合江 19(♀) 富士光(♂)
41	龙粳 29 号	2010	黑龙江省第三积温带	空育 131(♀) 龙糯 2 号(♂)
42	龙粳 31 号	2011	黑龙江省第三积温带	龙粳 13 号(♀) 垦稻 8 号(♂)
43	龙粳 32 号	2011	黑龙江省第三积温带	龙花 96-1560(♀) 龙粳 12 号(♂)
44	龙稻 14 号	2012	黑龙江省第一积温带	五优稻 1 号(♀) 哈 00-217(♂)
45	垦粳 5 号	2012	黑龙江省第二积温带	垦鉴稻 10(♀) 系选 1 号(♂)
46	垦稻 25 号	2012	黑龙江省第二积温带	松 97-319(♀) 垦 D02-388(♂)
47	垦稻 17 号	2012	黑龙江省第二、三积温带	垦稻 9 号(♀) 屈锦(♂)
48	龙粳 34 号	2012	黑龙江省第三积温带	垦稻 8 号(♀) 龙粳 13 号(♂)
49	龙粳 36 号	2012	黑龙江省第三积温带	龙花 96-1484(♀) 北海 280(♂)
50	龙稻 16 号	2013	黑龙江省第一积温带	五优稻 1 号(♀) 绥粳 4 号(♂)
51	垦稻 23 号	2013	黑龙江省第二积温带	垦 03-659(♀) 垦系 103(♂)
52	垦稻 24 号	2013	黑龙江省第二积温带	垦 03-94(♀) 松 97-98(♂)
53	牡丹江 32 号	2013	黑龙江省第二积温带	藤系 138(♀) 九稻 20(♂)
54	牡响 1 号	2013	黑龙江省第二积温带	牡 99-1409(♀) 富士光(♂)
55	绥粳 14 号	2013	黑龙江省第二积温带	垦稻 10(♀) 绥粳 3 号(♂)
56	中龙粳 1 号	2013	黑龙江省第二积温带	双系 8706/空育 131(♀) 松 98-131(♂)
57	垦稻 26 号	2013	黑龙江省第三积温带	垦 02-55(♀) 垦 94-1043/垦 D01-1381(♂)
58	垦稻 27 号	2013	黑龙江省第三积温带	垦 94-371/垦 94-202(♀) 空育 131(♂)
59	龙粳 39 号	2013	黑龙江省第三积温带	龙花 96-1484(♀) 龙粳 8 号(♂)
60	龙粳 40 号	2013	黑龙江省第三积温带	龙育 03-1288(♀) 龙粳 20 号(♂)
61	龙粳 41 号	2013	黑龙江省第三积温带	东农 V10/龙选 9707(♀) 龙花 96-1530(♂)

表 1(续)

编号 Code	品种 Variety	审定年份 Year registered	适宜区域 Recommended planting area	亲本来源 Parents
62	龙庆稻 3 号	2013	黑龙江省第三积温带	绥粳 4 号(♀) 绥粳 3 号(♂)
63	龙稻 18 号	2014	黑龙江省第一积温带	东农 423(♀) 龙稻 3 号(♂)
64	松粳 20 号	2014	黑龙江省第一积温带	松 98-131(♀) 松 804(♂)
65	龙粳 42 号	2014	黑龙江省第二积温带	空育 131(♀) 龙盾 20-240(♂)
66	苗稻 2 号	2014	黑龙江省第二积温带	绥粳 4 号(♀) 特 82(♂)
67	绥稻 3 号	2014	黑龙江省第二积温带	绥粳 4 号(♀) 垦稻 10(♂)
68	绥粳 16 号	2014	黑龙江省第二积温带	上育 418(♀) 龙粳 10(♂)
69	绥粳 17 号	2014	黑龙江省第二积温带	越光(♀) 绥 02-1032(♂)
70	绥粳 18 号	2014	黑龙江省第二积温带	绥粳 4 号(♀) 绥粳 3 号(♂)
71	龙粳 43 号	2014	黑龙江省第三积温带	龙交 02-192(♀) 龙花 00-233(♂)
72	龙粳 44 号	2014	黑龙江省第三积温带	龙糯 98-425(♀) 龙粳 16(♂)
73	绥粳 15 号	2014	黑龙江省第三积温带	绥粳 4 号(♀) 垦稻 12(♂)

## 1.2 SSR 标记选择及基因型鉴定

选择水稻品种 DNA 指纹鉴定数据库中的 24 个均匀分布于水稻 12 条染色体的 SSR 标记<sup>[2]</sup> (<http://www.ricedata.cn/marker>), 每条染色体 2 个(长短臂各 1 个), 在水稻染色体剩余区域筛选了另外 38 个带型清晰、多态性高且重复性好的 SSR 标记<sup>[10]</sup>(表 2), 利用这 62 个 SSR 标记对征集的 73 个水稻品种进行 PCR 扩增及基因型鉴定。

PCR 扩增为 20  $\mu$ L 反应体系, 包括 10  $\times$  缓冲液 2.0  $\mu$ L, 10  $\times$  TB 1.5  $\mu$ L, 5  $\mu$ mol/L 引物 2.0  $\mu$ L, *Taq* DNA 聚合酶 0.5  $\mu$ L, DNA 5  $\mu$ L, ddH<sub>2</sub>O 4  $\mu$ L。扩增程序为: 94  $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94  $^{\circ}$ C 变性 1 min, 55  $^{\circ}$ C (或 61  $^{\circ}$ C、67  $^{\circ}$ C) 退火 45 s, 72  $^{\circ}$ C 延伸 45 s, 从变性到延伸循环 35 次, 最后在 72  $^{\circ}$ C 下保温 10 min, 10  $^{\circ}$ C 保存。扩增产物在 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离 1.5 h 左右, 用已配好的 genefinder 染料进行染色, 并在紫外灯下扫描拍照, 读取标记基因型数据。

## 1.3 数据分析

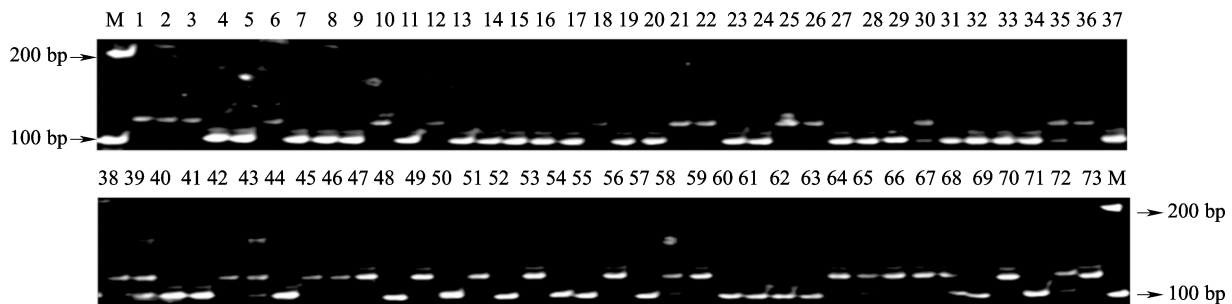
SSR 标记多态性频率 (FP, frequency polymor-

phisms) 指在各水稻品种间检测到差异性的频率, 其计算公式为:  $FP = 1 - \sum [mi \times (mi - 1)] / [m \times (m - 1)]$ <sup>[5,12]</sup>,  $m$  为研究材料总数,  $mi$  为具有第  $i$  种带型的材料数。用统计软件 NTSYS-PC ver 2.1<sup>[13]</sup> 计算供试各品种间遗传相似系数, 采用非加权配对算术平均数法 (UPGMA, unweighted pair group method with arithmetic mean) 进行聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 标记多态性及分布特点

用表 2 所示的 SSR 标记对征集的 73 个黑龙江省近年审定的水稻品种进行基因型鉴定, 各引物对供试水稻品种的扩增带型清晰 (图 1)。62 个 SSR 共检测到 142 个等位基因, 平均每个标记座位有 2.3 个等位基因 (表 2)。共有 44 个标记被检测到多态性, 多态性比率为 71.0%, 标记的多态性频率 FP 值变化范围为 0 ~ 0.775, 平均为 0.246。而标记 RM72 和 RM224 在所有水稻品种中检测到的等位基因数目最多, 为 6 个等位基因。



数字 1 ~ 73 分别对应表 1 中的品种编号; M 表示 DNA 分子量

1-73 represent rice varieties shown in Table 1, M: DNA ladder

图 1 利用 SSR 引物 RM5414 对 73 个黑龙江水稻品种的扩增图谱

Fig. 1 SSR analysis for 73 rice varieties from Heilongjiang province using RM5414

表 2 SSR 标记的染色体位置、等位基因数目和多态性频率 FP 值

Table 2 Chromosome, number of alleles and frequency polymorphisms (FP) values for SSR markers

标记 Marker	染色体 Chromosome	位置 Position	等位基因数 No. of alleles	FP 值 FP value	标记 Marker	染色体 Chromosome	位置 Position	等位基因数 No. of alleles	FP 值 FP value
RM495	1	213775	2	0.054	RM469	6	527786	1	0
RM84	1	3942440	3	0.155	RM588	6	1587821	1	0
<b>RM1195</b>	1	6153085	3	0.505	<b>RM190</b>	6	1741174	2	0.447
RM292	1	9540042	1	0	<b>RM253</b>	6	5468147	3	0.474
RM113	1	18808055	1	0	RM527	6	9919727	3	0.617
RM446	1	20922541	2	0.318	RM3	6	18619035	3	0.081
<b>RM297</b>	1	31879187	3	0.517	RM340	6	27655224	3	0.243
RM233	2	2466858	1	0	RM180	7	5511925	3	0.301
<b>RM71</b>	2	8642816	3	0.054	RM533	7	17460495	2	0.427
RM301	2	11978710	2	0.153	<b>RM336</b>	7	21795866	3	0.520
RM341	2	19003256	3	0.427	<b>RM18</b>	7	25577162	1	0
RM525	2	27833206	4	0.580	<b>RM337</b>	8	146938	1	0
RM112	2	31579259	3	0.450	<b>RM72</b>	8	14655326	6	0.775
<b>RM208</b>	2	34647140	4	0.629	RM223	8	20497732	3	0.382
RM489	3	4318347	2	0.080	RM308	8	24621864	1	0
<b>RM232</b>	3	9735263	2	0.081	RM281	8	27734072	1	0
RM563	3	11051313	2	0.081	<b>RM219</b>	9	6732513	3	0.571
RM411	3	21088149	3	0.270	RM434	9	14262055	1	0
<b>RM85</b>	3	36060505	2	0.318	<b>RM278</b>	9	17684185	2	0.219
RM335	4	679761	4	0.665	<b>RM311</b>	10	9352577	3	0.225
<b>RM5414</b>	4	2021760	3	0.581	<b>RM258</b>	10	17585202	2	0.105
RM185	4	18276807	2	0.377	RM228	10	21811827	3	0.180
<b>RM273</b>	4	23546227	2	0.028	RM286	11	382385	4	0.459
RM280	4	34672357	1	0	RM167	11	4057316	1	0
RM122	5	279635	2	0.131	RM536	11	8774372	1	0
<b>RM267</b>	5	2713543	2	0.054	<b>RM209</b>	11	17307615	1	0
RM289	5	7304912	1	0	RM206	11	21214808	3	0.610
RM164	5	18355384	2	0.176	<b>RM224</b>	11	26394760	6	0.731
RM161	5	19995999	2	0.129	<b>RM19</b>	12	2400573	2	0.501
RM178	5	24181188	1	0	RM179	12	14301400	3	0.577
<b>RM274</b>	5	25888131	1	0	<b>RM17</b>	12	26567985	1	0

加粗的标记表示用于水稻品种 DNA 指纹鉴定数据库 (<http://www.ricedata.cn/marker>)

Bold SSR markers are used for DNA fingerprint database of rice varieties in China (<http://www.ricedata.cn/marker>)

18 个标记(第 1 染色体 RM292 和 RM113;第 2 染色体 RM233;第 4 染色体 RM280;第 5 染色体 RM289、RM178、RM274、RM469 和 RM588;第 7 染色体 RM18;第 8 染色体 RM337、RM308 和 RM281;第 9 染色体 RM434;第 11 染色体 RM167、RM536 和 RM209;第 12 染色体 RM17)在征集的 73 个水稻品

种中没有等位基因多态性,其中 3 个标记(RM274、RM337 和 RM209)在应杰政等<sup>[5]</sup>所检测的粳稻常规品种中同样没有检测到等位基因多态性,而 2 个标记(RM18 和 RM17)则检测到了等位基因多态性。由表 2 可见,在供试品种中多态性频率较低的区域主要集中在第 3、5、10 染色体以及第 11 染色体的中

上部。

## 2.2 水稻品种间的遗传多样性和聚类分析

基于 SSR 标记基因型数据计算得到的品种间遗传相似系数变化幅度为 0.622 ~ 0.966, 平均值为 0.759, 其中垦稻 10 号和垦稻 12 号之间的遗传相似性最高(0.966), 而东农 430 和松粳 3 号之间的遗传相似性最低(0.622)。由 73 个供试品种间两两遗传相似系数的次数分布图(图 2)可见, 遗传相似系数在 0.76 ~ 0.78 处分布密度最大, 96.4% 的品种间遗传相似系数在 0.66 ~ 0.86 之间。

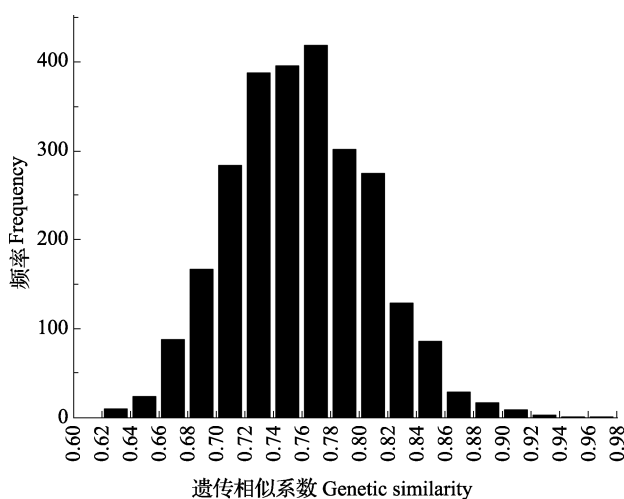


图 2 73 个供试水稻品种两两之间遗传相似系数的次数分布图

Fig. 2 Frequency counts of genetic similarity between 73 tested rice varieties

基于遗传相似性系数矩阵进行聚类分析, 可将 73 个品种划分为 6 个类群(图 3)。

类群 I 为优质稻类群, 包括 11 个品种, 品种间的遗传相似系数变幅为 0.759 ~ 0.918, 平均值为 0.817, 其中有 9 个品种(除龙粳 41 和龙庆稻 3 号以外)适宜在黑龙江省第一、二积温带种植。从系谱信息来看, 五优稻 1 号是东农 425、东农 428、东农 430、龙稻 14 号、龙稻 16 号、松粳 9 号和五优稻 4 号的育种亲本之一, 在遗传基础上亲缘关系较近。

类群 II 品种数最多, 包括 52 个品种, 主要为早熟粳稻, 品种间的遗传相似系数变幅为 0.748 ~ 0.966, 平均值为 0.847。当相似系数阈值为 0.76 时, 类群 II 可划分为 4 个亚类。亚类 1(II-1): 龙粳 20 号和绥粳 17 号, 均有越光的血缘。亚类 2(II-2): 空育 131 等 36 个品种, 适宜推广区域为黑龙江省第二、三、四积温带, 且以第三积温带品种为主, 这些品种主要利用了藤系 138 和空育 131 血缘, 其中

垦稻 17 和三江 1 号的亲缘关系最近, 其遗传相似系数为 0.950。亚类 3(II-3): 垦稻 10 号等 10 个品种, 适宜推广区域主要为黑龙江省第二积温带, 垦稻 12 号的母本为垦稻 10 号, 二者的亲缘关系最近, 遗传相似系数为 0.966, 为所有供试品种间相似系数最高的 2 个品种。亚类 4(II-4): 垦稻 9 号、龙稻 5 号、龙粳 43 号和牡丹江 28 号, 主要以合江 20 号的血缘为主。

类群 III(垦稻 24 号、苗稻 2 号)、类群 IV(垦稻 15 号)、类群 V(龙稻 18 号、龙粳 34 号、龙粳 36 号)和类群 VI(龙粳 44 号、龙洋 1 号、松粳 3 号、松粳 20 号)这 4 个类群包括的品种数目较少, 共 10 个。类群 III 和 IV 适宜推广区域主要为黑龙江省第二积温带, 类群 VI 品种适宜推广区域主要为黑龙江省第一积温带。

## 3 讨论

近 20 年来, 我国东北粳稻在保持粳型遗传背景的同时引入了籼型血缘, 获得了粳稻育种的突破<sup>[14-15]</sup>。然而, 黑龙江省属于寒地生态环境, 具有低温长日照、活动积温少和低温冷害多等特点, 特殊生态环境要求水稻品种具备与之相适应的特殊的光温生态型和植株生态型<sup>[2]</sup>, 亚热带和温带的籼稻种质资源在黑龙江稻区难以直接利用。本研究发现我国水稻品种 DNA 指纹鉴定数据库 (<http://www.ricedata.cn/marker>) 中的 5 个 SSR 标记(表 2)在供试品种中没有多态性, 而这些标记在籼稻主栽品种间存在较高的多态性频率<sup>[5]</sup>, 表明黑龙江省近年育成的粳稻品种中渗入的籼稻血缘较少。这与高虹等<sup>[15]</sup>报道的东北三省中黑龙江水稻品种籼型血缘引入最少的结果相似。1990 年至 2010 年, 黑龙江育成的品种主要以五优稻 1 号、上育 397、藤系 138 和富士光为骨干亲本, 形成了适应于不同积温带的品种系列<sup>[3]</sup>, 其中上育 397、藤系 138 和富士光均由与黑龙江省生态条件相近的日本北部地区引进。

本研究追溯了 1994 - 2014 年黑龙江省审定的供试水稻品种的系谱, 发现上述 4 个骨干亲本及其衍生品种仍然是近几年当地育种中高频使用的亲本, 仅第三积温带的部分品种引入了源于日本北海道的空育 131/空育 150<sup>[16]</sup> 的血缘。基于 SSR 标记遗传多样性, 供试水稻品种形成 6 个类群, 类群之间的差异来源主要是育种亲本和品种生育期, 这与黑龙江省水稻品种具有明显的地域性的特点相吻合。此外, 本研究发现黑龙江省水稻品种的等位变异较低,

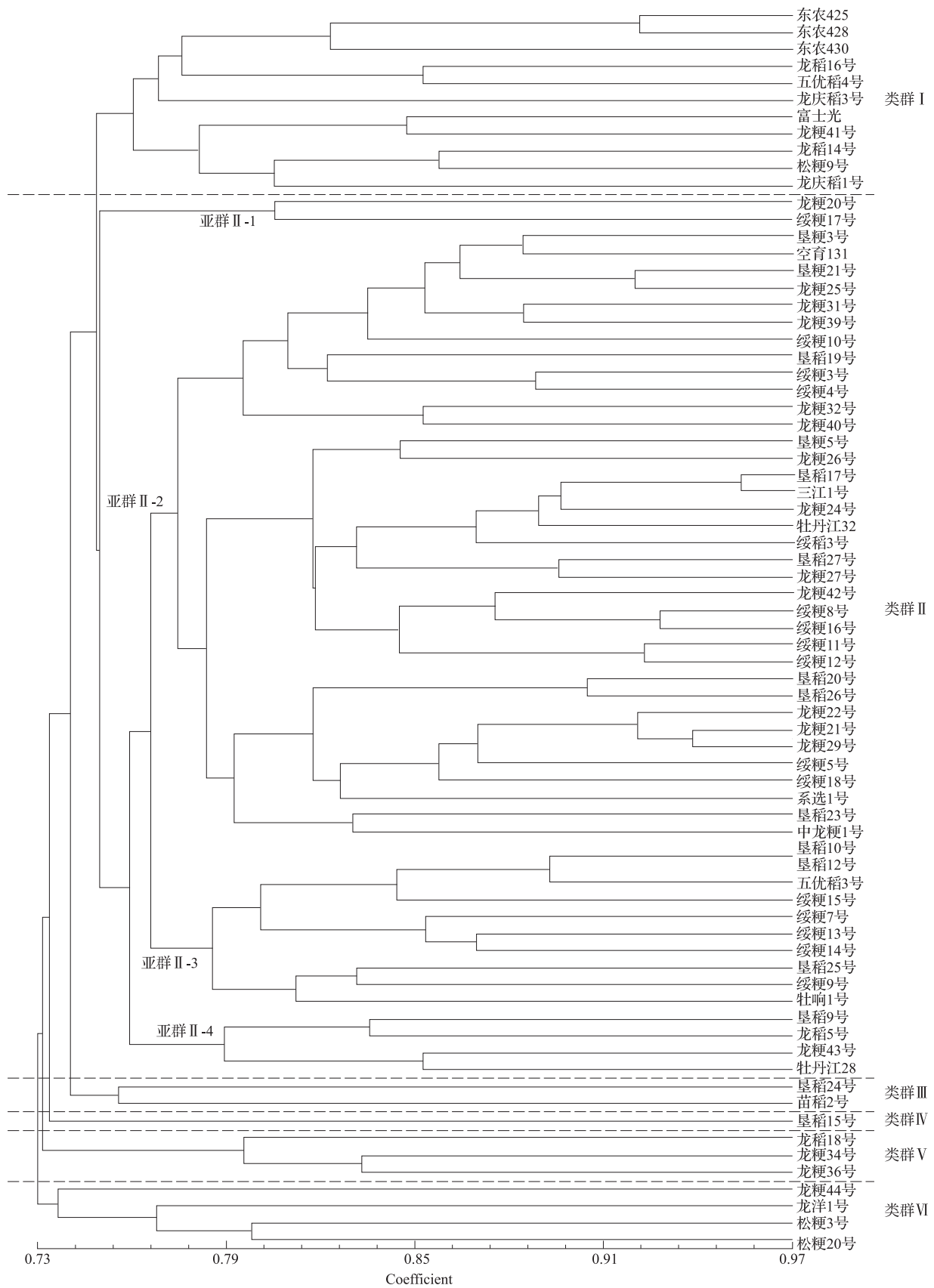


图3 73个黑龙江省水稻品种基于62个SSR标记的聚类结果

Fig. 3 Cluster analysis of 73 registered rice varieties in Heilongjiang province by 62 SSR markers

供试的 62 个 SSR 标记位点中,18 个标记在 73 个水稻品种中不存在等位基因多态性,其中包括 5 个水稻品种 DNA 指纹鉴定数据库所使用标记(RM274、RM18、RM337、RM209 和 RM17),96.4% 的品种间遗传相似系数在 0.66 ~ 0.86 之间。上述结果表明由于黑龙江省水稻育种中可利用的亲本资源较少,一些具有优良性状的骨干亲本被反复利用,育成的新品种群体遗传基础越来越狭窄。

生产中大规模种植遗传背景单一的品种,增加了稻瘟病暴发流行和冷害引起严重危害的风险<sup>[17-18]</sup>。此外,随着干旱等环境问题日益突出以及水稻种植区不断向北推进,迫切需要拓宽水稻品种的遗传基础,发掘有利基因。因此,加强国内外水稻种质资源的评价以及加速种质创新是黑龙江水稻育种研究中亟待重视和解决的问题之一。

#### 参考文献

- [1] 邓华凤. 中国杂交粳稻[M]. 北京:中国农业出版社,2008: 92-94
- [2] 孙松岩. 从寒地水稻育种实践看骨干亲本的作用[J]. 作物品种资源,1993 (1):7-9
- [3] 刘化龙,王敬国,赵宏伟,等. 黑龙江水稻育种骨干亲本及系谱分析[J]. 东北农业大学学报,2011,42 (4):18-21
- [4] Thomson M J, Septiningsih E M, Suwardjo F, et al. Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers[J]. Theor Appl Genet, 2007, 114 (3): 559-568
- [5] 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
- [6] 马作斌,王昌华,王辉,等. 不同国家水稻品种的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2014,15 (3):540-545
- [7] 邓宏中,王彩红,徐群,等. 中国水稻地方品种与选育品种的遗传多样性比较分析[J]. 植物遗传资源学报,2015,16 (3):433-442
- [8] 杨静,刘海英,钱春荣,等. 黑龙江省水稻品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 东北农业大学学报,2008,39 (6):1-10
- [9] 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
- [10] 刘化龙,王敬国,刘华招,等. 基于 SSR 标记的寒地水稻品种骨干亲本分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12 (6): 865-871
- [11] 卢扬江,郑康乐. 提取水稻 DNA 的一种简易方法[J]. 中国水稻科学,1992,6 (1):47-48
- [12] 施勇烽,应杰政,王磊,等. 鉴定水稻品种的微卫星标记筛选[J]. 中国水稻科学,2005,19 (3):195-201
- [13] Rohlf F J. NTSYS-pc: Microcomputer programs for numerical taxonomy and multivariate analysis [J]. Am Stat, 1987, 41 (4):330
- [14] 徐正进,陈温福,张文忠,等. 北方粳稻新株型超高产育种研究进展[J]. 中国农业科学,2004,37 (10):1407-1413
- [15] 高虹,李飞飞,吕国依,等. 粳稻杂交对中国东北粳稻品质的影响[J]. 作物学报,2013,39 (10):1806-1813
- [16] 孙淑红. 从空育 131 的试种成功看寒地粳稻种质资源的创新[J]. 中国农学通报,2005,21 (2):134-135
- [17] 王倩,周永力,王疏,等. 我国东北稻区稻瘟病的研究进展[J]. 植物遗传资源学报,2012,13 (1):143-147
- [18] 李祥晓,王倩,罗生香,等. 黑龙江省稻瘟病菌无毒基因分析及抗病种质资源筛选[J]. 作物学报,2012,38 (12): 2192-2197