

李茂柏,姚丹青,王杰,等.上海近年主推秀水系列水稻品种遗传多样性研究[J].上海农业学报,2019,35(6):6-10

上海近年主推秀水系列水稻品种遗传多样性研究

李茂柏,姚丹青,王杰,刘建

(上海市种子管理总站,上海 201103)

摘要:为评估上海市近年主推秀水系列水稻品种的遗传背景,利用均匀分布于水稻12条染色体上的48对SSR分子标记对5个秀水系列水稻品种进行遗传多样性研究。结果表明:48对SSR分子标记共检测出81个等位基因,每个位点等位基因变幅为1—4个,平均1.69个,其中有22对SSR分子标记仅检测出1个等位基因。有效等位基因数(N_e)变幅为1.0000—2.9412,香农指数(I)变幅为0.0000—1.1935。UPGMA聚类分析表明,参试品种在遗传相似系数为0.74处可划分为两大类群,第I类为‘秀水128’和‘秀水134’,第II类为‘秀水123’‘秀水114’和‘秀水121’,其中‘秀水114’和‘秀水123’相似系数达到0.96,表明秀水系列水稻品种亲缘关系较近。

关键词:水稻;秀水系列;遗传多样性

中图分类号:S511.03 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-3924(2019)06-006-05

Genetic diversity of Xiushui series rice varieties promoted in Shanghai in recent years

LI Mao-bai, YAO Dan-qing, WANG Jie, LIU Jian

(Shanghai Seed Management Station, Shanghai 201103, China)

Abstract: In order to evaluate the genetic background of Xiushui series rice varieties promoted in Shanghai in recent years, genetic diversity of 5 Xiushui series rice varieties was studied by 48 pairs of SSR molecular markers evenly distributed on 12 chromosomes of rice. The results showed that 81 alleles were detected by 48 pairs of SSR molecular markers, with an average of 1.69 alleles per locus, ranging from 1 to 4, and only one allele was detected for each pair of 22 pairs of SSR molecular markers. The effective number of alleles (N_e) and Shannon's Information index (I) were 1.0000—2.9412 and 0.0000—1.1935 respectively. Cluster analysis showed that the tested varieties could be divided into two groups at the genetic similarity coefficient of 0.74. ‘Xiushui 128’ and ‘Xiushui 134’ were clustered into group I, ‘Xiushui 123’, ‘Xiushui 114’ and ‘Xiushui 121’ were clustered into group II. The similarity coefficient of ‘Xiushui 114’ and ‘Xiushui 123’ was 0.96, indicating that the relationship between Xiushui series rice varieties was close.

Key words: Rice; Xiushui series; Genetic diversity

水稻是上海种植面积最大的农作物,全市水稻常年种植面积在10万 hm^2 左右,其中常规粳稻品种种植面积约占60%,杂交粳稻品种种植面积约占40%^[1-2]。嘉兴市农业科学研究院选育的秀水系列品种株高一般低于100 cm,株型紧凑,叶片挺直,耐肥,抗倒力强,田间稻瘟病、纹枯病等病害发生轻,灌浆速度较快,熟期转色较好,穗型直立或半直立,丰产、稳产性较好,稻米外观品质较好,深受上海市郊农户欢迎^[3]。2007—2017年间,秀水系列品种在上海累计推广面积58.8万 hm^2 ,其中2010年推广面积最大,‘秀水128’‘秀水123’‘秀水114’等3个品种共推广7万 hm^2 ,占全市水稻种植面积的70.2%。近年来,随着农业供给侧结构性改革的推进,绿色、优质、高效水稻品种推广面积大幅增加,秀水系列水稻品种种植面积有所下降,但仍是上海市郊主推水稻品种。由于长期大面积推广秀水系列品种,导致上海水稻品

收稿日期:2018-06-20

基金项目:上海市农委项目[沪农科种字(2015)第5号]

作者简介:李茂柏(1981—),男,硕士,农艺师,主要从事农作物品种管理工作。E-mail:limaobai@163.com

种单一化、同质化现象严重。

简单重复序列(Simple sequence repeats, SSR)标记具有共显性、重复性好、分辨率高、揭示的多态性高、操作相对简单等优点,在群体遗传结构和遗传多样性分析、物种进化、遗传图谱构建、基因定位及分子标记辅助育种等研究领域有着广泛应用^[4-5]。本研究采用SSR分子标记对上海近年主推的5个秀水系列水稻品种进行遗传多样性分析,旨在研究上海近年主推秀水系列品种的遗传多样性,为今后水稻基因发掘、水稻新品种选育及更替提供遗传背景参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

参试材料为浙江省嘉兴市农业科学研究院选育的5个秀水系列品种,分别于2006—2015年通过上海市农作物品种审定委员会审定(表1)。

表1 参试水稻品种审定及推广情况
Table 1 Registration and extension of rice varieties in the test

品种	审定年份	适宜区域	亲本来源	累计推广面积/万 hm ²
‘秀水 128’	2006 年	上海市	丙 98101/R9936//HK21	17.56
‘秀水 123’	2007 年	上海市	HK21/R9941	11.96
‘秀水 114’	2009 年	上海市	‘秀水 09’/‘秀水 123’	12.92
‘秀水 134’	2011 年	上海市	丙 95-59//测 212/RHT///‘秀水 123’	16.38
‘秀水 121’	2015 年	上海市	‘秀水 134’//‘秀水 134’/GF6	0.61

1.2 基因组 DNA 提取及 SSR 扩增

每样本取 20 粒种子,采用美国 QIAGEN 公司 DNeasy Plant Mini Kit 试剂盒提取基因组 DNA。DNA 纯度和浓度利用 NanoDrop 2000c 紫外可见光谱仪(Thermo 公司)进行测定,DNA 稀释至 50 ng/μL 的工作液备用,4 °C 冰箱储藏。

采用原农业部颁布的行业标准《水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法》中的 48 对 SSR 引物(表 2)对 5 个秀水系列水稻品种进行 PCR 扩增及基因型鉴定^[6]。PCR 扩增为 12 μL 反应体系,包括 1 × Buffer, 2.5 mmol/L MgCl₂, 0.15 mmol/L dNTP, 0.25 μmol/L 正、反向引物,0.1 U *Taq* 聚合酶,30 ng DNA。反应程序为:94 °C 预变性 5 min;94 °C 变性 40 s,55—60 °C 退火 35 s,72 °C 延伸 45 s,共 36 个循环;72 °C 延伸 10 min,4 °C 保存。

表 2 SSR 引物和遗传多样性检测结果
Table 2 SSR primers and genetic diversity test results

引物名称	染色体位点	等位基因观察值	有效等位基因数	香农指数	引物名称	染色体位点	等位基因观察值	有效等位基因数	香农指数
RM583	1	1.0000	1.0000	0.0000	RM336	7	1.0000	1.0000	0.0000
RM1195	1	1.0000	1.0000	0.0000	RM481	7	2.0000	1.4706	0.5004
RM493	1	1.0000	1.0000	0.0000	RM432	7	1.0000	1.0000	0.0000
RM443	1	1.0000	1.0000	0.0000	RM567	7	2.0000	1.4706	0.5004
RM71	2	1.0000	1.0000	0.0000	RM72	8	3.0000	2.1739	0.8979
RM208	2	2.0000	1.4706	0.5004	RM339	8	2.0000	1.4706	0.5004
RM561	2	3.0000	2.9412	1.0889	RM331	8	2.0000	1.4706	0.5004
RM490	2	1.0000	1.0000	0.0000	RM289	8	1.0000	1.0000	0.0000
RM85	3	3.0000	2.7778	1.0549	RM219	9	1.0000	1.0000	0.0000
RM232	3	2.0000	1.4706	0.5004	RM278	9	2.0000	1.4706	0.5004
RM8277	3	1.0000	1.0000	0.0000	OSR28	9	2.0000	1.7241	0.6109
RM424	3	1.0000	1.0000	0.0000	RM542	9	2.0000	1.4706	0.5004
RM471	4	2.0000	1.4706	0.5004	RM311	10	4.0000	2.9412	1.1935
RM119	4	2.0000	1.4706	0.5004	RM258	10	3.0000	2.6316	1.0297
RM551	4	2.0000	2.0000	0.6931	RM590	10	2.0000	1.9231	0.6730
RM423	4	2.0000	1.9231	0.6730	RM316	10	2.0000	1.9231	0.6730
RM274	5	1.0000	1.0000	0.0000	RM209	11	3.0000	2.6316	1.0297
RM267	5	2.0000	1.4706	0.5004	RM224	11	1.0000	1.0000	0.0000
RM598	5	1.0000	1.0000	0.0000	RM21	11	1.0000	1.0000	0.0000
RM571	5	2.0000	1.9231	0.6730	RM332	11	1.0000	1.0000	0.0000
RM190	6	2.0000	1.4706	0.5004	RM19	12	1.0000	1.0000	0.0000
RM253	6	2.0000	1.2195	0.3251	RM17	12	1.0000	1.0000	0.0000
RM176	6	2.0000	1.4706	0.5004	RM3331	12	1.0000	1.0000	0.0000
RM231	6	1.0000	1.0000	0.0000	RM7102	12	1.0000	1.0000	0.0000

1.3 DNA 指纹图谱的采集及数据分析

所有数据分析基于 QIAxcel ScreenGel 1.4 版软件,通过软件系统自动对指纹的原始数据进行分析,确定每个位点的等位基因。利用 POPGENE 3.2 软件计算等位基因观察值(Observed number of alleles, N_a)、有效等位基因数(Effective number of alleles, N_e)和香农指数(Shannon's Information index, I)^[7]。利用 NTSYS-pcv 2.11 软件中的 SAHN 计算品种间 Nei's 遗传距离,用非加权类平均法(Unweighted pair-group method with arithmetic means, UPGMA)对各群体进行聚类分析,再由 TreePlot 模块生成聚类图^[8]。

2 结果与分析

2.1 秀水系列水稻品种农艺性状比较

由表 3 可见,5 个水稻品种全生育期均在 161 d 以内,其中‘秀水 128’和‘秀水 114’全生育期 156 d 左右,比‘秀水 134’早熟 4 d 左右。‘秀水 128’‘秀水 123’和‘秀水 114’的株高相对较高,在 97 cm 左右,‘秀水 121’株高最矮,为 85.7 cm。‘秀水 134’为大穗型品种,每穗粒数最多,平均每穗为 141.1 粒,但有效穗数最少,为 283.5 万/hm²;‘秀水 114’和‘秀水 128’穗型较小,‘秀水 114’每穗粒数最少,平均每穗为 121.7 粒,有效穗数为 320.3 万/hm²。‘秀水 121’结实率最高,为 93.4%,‘秀水 123’结实率最低,为 90.0%。5 个品种米质都比较好,达到国家优质稻谷标准 3 级以上,其中‘秀水 121’达国家优质稻谷标准 1 级,其主要米质指标为整精米率 74.0%,垩白粒率 8%,垩白度 0.6%,碱消值 7.0 级,胶稠度胶长 74 mm,直链淀粉含量 15.0%^[9-10]。

表 3 秀水系列水稻品种主要农艺性状比较
Table 3 Comparison of main agronomic traits of Xiushui series rice varieties

品种	全生育期 /d	株高 /cm	穗长 /cm	有效穗数 / (万穗·hm ⁻²)	穗粒数	结实率 /%	千粒重 /g	产量 / (kg·hm ⁻²)	稻米品质
‘秀水 128’	156.4	97.1	14.7	327.6	126.6	90.1	26.4	9 361.5	2 级
‘秀水 123’	158.2	97.2	16.7	292.5	134.2	90.0	26.5	9 057.0	3 级
‘秀水 114’	156.6	98.0	16.1	320.3	121.7	92.1	25.6	9 324.0	3 级
‘秀水 134’	160.1	94.2	16.4	283.5	141.1	91.8	25.9	9 184.5	2 级
‘秀水 121’	158.6	85.7	14.8	314.3	127.0	93.4	25.7	9 304.5	1 级

注:数值来自上海单季晚粳品种试验总结

2.2 秀水系列水稻品种亲本来源

由表 1 可知,5 个水稻品种之间有 1 个以上共同的亲本来源,如‘秀水 128’和‘秀水 123’选育过程中利用了共同亲本 HK21,‘秀水 114’和‘秀水 134’选育过程中利用了共同亲本‘秀水 123’,‘秀水 121’亲本中有‘秀水 134’血缘,说明这 5 个品种在一定程度上有共同的亲本来源,亲缘关系较近。

2.3 秀水系列水稻品种 SSR 分子标记多态性分析

利用 48 对 SSR 引物对 5 个秀水系列水稻品种进行遗传多样性参数分析(表 2),共检测到 81 个等位基因,每对引物检测到的等位基因变幅为 1—4 个,平均每对引物检测到 1.69 个等位基因位点,其中有 22 对引物仅检测到 1 个基因位点,20 对引物检测到 2 个基因位点,5 对引物检测到 3 个基因位点,1 对引物检测到 4 个基因位点。有效等位基因数(N_e)变幅为 1.0000—2.9412,其中 RM311 的 N_e 值最高,为 2.9412。香农指数(I)变幅为 0.0000—1.1935,其中 RM311 的 I 值最高,为 1.1935。

通过比较不同品种间差异位点数,发现 5 个秀水系列水稻品种位点差异位点为 4—22 个(表 4),其中‘秀水 123’和‘秀水 114’之间差异位点数最少,仅有 4 个,‘秀水 128’和‘秀水 114’之间位点差异数为 22 个。

表 4 秀水系列水稻品种间差异位点数
Table 4 Number of different loci among Xiushui series rice varieties

	‘秀水 128’	‘秀水 123’	秀水‘114’	秀水‘134’	‘秀水 121’
‘秀水 128’		20	22	7	20
‘秀水 123’			4	17	10
‘秀水 114’				20	9
‘秀水 134’					15
‘秀水 121’					

2.4 秀水系列水稻品种的聚类分析

基于 Nei's 遗传相似系数构建 5 个秀水系列水稻品种的聚类图(图 1),在相似系数为 0.74 处被聚为两大类,‘秀水 128’和‘秀水 134’为第 I 类,‘秀水 123’‘秀水 114’和‘秀水 121’为第 II 类,其中‘秀水 114’和‘秀水 123’相似系数达到 0.96。

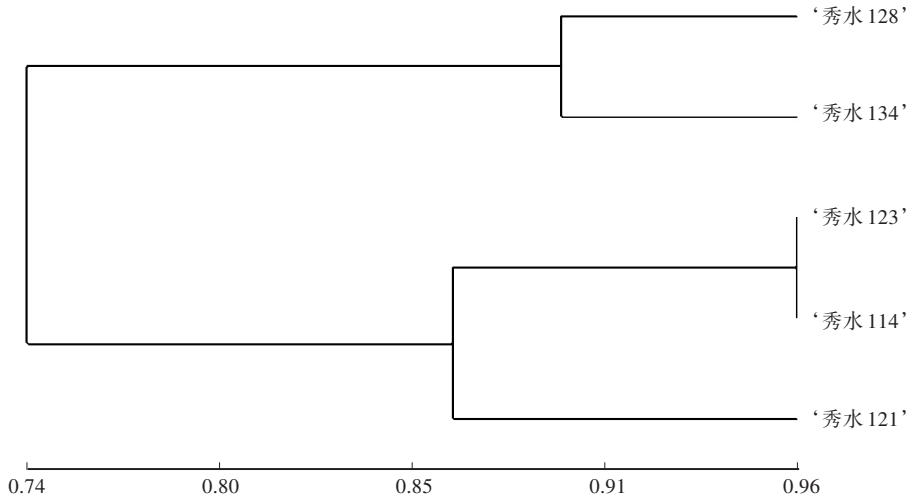


图 1 基于 48 对 SSR 引物的秀水系列水稻品种聚类分析
Fig. 1 Cluster analysis of Xiushui series rice varieties based on 48 pairs of SSR primers

3 讨论

3.1 秀水系列水稻品种农艺性状和亲本来源

自 2006 年‘秀水 128’通过上海市农作物品种审定委员会审定以来,浙江省嘉兴市农业科学院选育的‘秀水 123’‘秀水 114’‘秀水 134’‘秀水 121’等品种陆续通过审定。近年来,育种单位在株高、穗长、穗粒数、结实率、千粒重等农艺性状进行了改良,但也保留了株型紧凑,叶片挺直,穗型均为直立或半直立等秀水系列品种区别于上海主推其他水稻品种的独特农艺性状。

从亲本来源看,‘秀水 128’和‘秀水 123’选育过程中都用到亲本 HK21,‘秀水 114’和‘秀水 134’选育过程中都用到亲本‘秀水 123’,‘秀水 121’选育过程中用到亲本‘秀水 134’,说明这 5 个水稻品种选育过程中都直接或者间接用到了亲本 HK21。

3.2 秀水系列水稻品种 SSR 标记多态性和遗传多样性

利用 48 对 SSR 引物对 5 个秀水系列水稻品种进行多态性分析,发现平均每对引物仅能检测到 1.69 个等位基因位点,有 22 对引物仅检测到 1 个位点,20 对引物仅检测到 2 个位点,表明 87.5% 的引物仅能检测到 2 个以下位点,说明这 5 个品种遗传差异较小。

样品间差异位点数是反应品种是否为近似品种的一个重要指标^[6]。根据原农业部发布的水稻品种鉴定技术规程,当样品间差异位点数 ≥ 2 ,判定为不同品种。本研究中的 5 个水稻品种间位点差异数为 4—22 个,‘秀水 123’和‘秀水 114’之间差异位点数最少为 4 个,超过了 2 个,按照此规程判定为不同品种,但差异位点数较少,品种间亲缘关系较近。

利用 NTSYS-pcv 2.11 软件基于遗传相似系数进行聚类分析发现,供试的 5 个水稻品种在遗传相似系数 0.74 处分为两大类,特别是‘秀水 123’和‘秀水 114’遗传相似系数达 0.96,也说明这 5 个秀水系列水稻品种亲缘关系较近。

长期以来,秀水系列水稻品种一直是上海市郊主推水稻品种,生产中大面积使用单一品种,可能增加水稻大规模爆发病虫害的风险^[11]。因此,今后上海水稻育种上应进一步加强引进和利用国内外优异种质资源,同时深入发掘地方品种中的有利基因,改良关键农艺性状,选育绿色、优质、高效水稻品种,满足农业供给侧结构性改革对优良品种的需求。

参 考 文 献

- [1] 中国农业年鉴编辑委员会. 中国农业统计年鉴[M]. 北京:中国农业出版社,2012.
- [2] 中国农业年鉴编辑委员会. 中国农业统计年鉴[M]. 北京:中国农业出版社,2013.
- [3] 李茂柏,陈银华,杜兴彬. 上海市近 10 年审定水稻品种分析及育种发展探讨[J]. 中国稻米,2016,22(3):49-51.
- [4] TEMNYKH S, PARK W D, AYRES N, et al. Mapping and genome organization of microsatellite sequence in rice(*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2000, 100:697-712.
- [5] 曾生元,李闯,杜灿灿,等. 江苏主推粳稻品种的遗传多样性及产量优势分析[J]. 分子植物育种,2018,16(9):3024-3038.
- [6] 徐群,魏兴华,庄杰云,等. NY/T 1433—2014 水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法[S]. 北京:中华人民共和国农业部,2014.
- [7] YEH F C, YANG R C, BOYLE T. POPGENE version 1.31 quick user guide. Centre for International Forestry Research [M]. Edmonton: University of Alberta, 1999.
- [8] ROHLF FJ. NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1 [M]. New York: Exeter Publications, 2000.
- [9] 刘康,龙萍,陈海荣,等. 上海市农作物审定品种 1984—2006[M]. 上海:上海教育出版社,2007.
- [10] 刘康,陈银华,杜兴彬,等. 上海市农作物审定品种 2007—2013[M]. 上海:上海教育出版社,2014.
- [11] 卫月益. 浅谈同一地区种植品种单一化的危害及对策建议[J]. 安徽农学通报,2010,16(24):152-153.

(责任编辑:闫其涛)