

东北地区水稻种质资源遗传多样性分析

陈英华, 李红宇, 侯昱铭, 徐正进, 袁媛, 李茂柏

(沈阳农业大学 水稻研究所, 辽宁省北方粳稻育种重点开放实验室, 农业部作物生理生态遗传育种重点开放实验室, 辽宁 沈阳 110161)

摘要:以能够代表东北地区水稻当前育种动态的区域试验品种(系)为试材,利用 SSR 标记分析了东北稻区水稻种质资源地区间和品种间的遗传多样性差异以及亲缘关系。结果表明,东北稻区整体的遗传多样性狭窄,明显低于国内其他稻区水平。在 103 个多态性位点上共检测到 303 个等位基因,平均每个位点只有 2.94 个,并且等位基因分布也极不均匀。不同染色体间的遗传多样性分析结果表明,Chr. 6、Chr. 9、Chr. 11 三条染色体的多态性位点分布较均匀且多态性信息含量也较多,整体遗传多样性丰富程度高于其他染色体。结果还发现,三个省份中黑龙江地区的品种整体纯合程度最高的,吉林次之,辽宁最低。东北三省水稻遗传多样丰富程度排序是:黑龙江 > 吉林 > 辽宁。通过遗传聚类分析显示,吉林与黑龙江的整体亲缘关系较近,相对地与辽宁较远。

关键词:水稻;东北地区;种质资源;SSR 标记;遗传多样性

中图分类号:S511.03 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-7091(2009)03-0165-09

Genetic Diversity of Rice Germplasm Resources in Northeast Region of China

CHEN Ying-hua, LI Hong-yu, HOU Yu-ming, XU Zheng-jin,
YUAN Yuan, LI Mao-bai

(Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology, Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture, Key Laboratory of Northern Japonica Rice Breeding of Liaoning Province, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161, China)

Abstract: The rice cultivars and lines which attended regional trials and represented the current situation of rice breeding in Northeast Region of China were selected as material to analyze genetic diversity and genetic relationship between different provinces and cultivars on rice by SSR markers. As a result, only 303 alleles were detected in 103 polymorphic loci with the average number of 2.94 and the distribution of alleles was uneven. So the genetic diversity of rice in Northeast Region of China was narrow, significantly lower than others rice regions. The analysis of genetic diversity between different chromosomes showed that the polymorphic loci distribution of Chr. 6, Chr. 9 and Chr. 11 was even and the polymorphism information content was also more than others chromosomes. The homozygosity of three provinces, Heilongjiang was highest, Jilin was secondary and Liaoning was lowest. The degree of genetic diversity was in order of Heilongjiang > Jilin > Liaoning. The result of genetic cluster analysis indicated that there was the closer genetic relationship between Heilongjiang and Jilin, correspondingly Liaoning was more different.

Key words: Rice; The Northeast region; Germplasm resources; Simple-sequence-repeat; Genetic diversity

20 世纪 70 年代以来,杂种优势的利用对我国水稻生产的发展起到巨大推动作用。在国家的支持下,东北地区成立了北方杂交粳稻研究中心,充实了技术力量和物质装备,科研力量不断加强,扩大了引种与选育工作,开始了三系、两系杂交稻的并列研究。其中涌现出一些生产潜力高的优势组合如屈优

418(屈锦 A/C418)、辽优 3325(326A/C253),尤其是屈优 418 不但品质比较好,而且曾经大面积推广过^[1]。但进入 20 世纪 80 年代后,北方杂交粳稻育种开始走入低谷,产量徘徊不前,种植面积逐年减少。阻碍北方杂交粳稻发展的主要因素是双亲亲缘关系较近和制种产量偏低。为了提高产量,改变这

收稿日期:2009-02-16

基金项目:国家自然科学基金(30871468)

作者简介:陈英华(1983-),男,辽宁沈阳人,在读硕士,主要从事东北水稻遗传多样性研究。

通讯作者:徐正进(1958-),男,辽宁营口人,教授,博士,博士生导师,主要从事水稻产量生理与遗传基础研究。

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取及 SSR 产物扩增 每份材料分别取 2~3 片新鲜幼嫩的叶片,用剪刀剪碎后经液氮磨碎,CTAB 法^[8]提取 DNA 冷冻保存。PCR 反应体系为 10 μL,含 10 ×Buffer 1.0 μL(含 Mg²⁺),2 mmol/L dNTPs 1.0 μL,10 μmol/L 正、反向 SSR 引物各 0.75 μL,Taq 聚合酶(2.5 U/μL)0.1 μL,20 ng 模板 DNA。使用基因公司 PCR System 9700 进行扩增,反应程序为:94 模板 DNA 预变性 5 min 后,94 变性 1 min,55 退火 1 min,72 延伸 2 min,30 个循环,最后 72 延伸 7 min。扩增产物在 6%非变性聚丙烯酰胺凝胶中恒压电泳,最后银染显色^[9]。

1.2.2 数据分析 数据采取人工读带的方式,每对 SSR 引物检测 1 个位点,每条多态性带为 1 个等位基因,建立原始的 0-1 矩阵和字母矩阵。用 Pop Gene ver1.32^[10]计算各地区的多态性位点数量、多态性位点百分率、每个多态性位点的等位基因数量、基因频率、实际杂合度、Nei 基因多样性指数^[11]($He = 1 - \sum_{j=1}^n P_{ij}^2$, P_{ij} 为第 i 个标记的第 j 个等位基因的基因频率, n 为第 i 个标记的等位基因的数量)、Shannon-Weiner 多样性指数^[12]($I = -\sum_{j=1}^n P_{ij} \ln P_{ij}$, P_{ij} 为第 i 个标记的第 j 个等位基因的基因频率, n 为第 i 个标记的等位基因的数量)、固定指数^[13]以及 F 统计量(F

statistics ,Fst)^[14]。用 ARLEQUIN ver 3.0 软件^[15]进行分子方差分析,用 NT-SYSPc 2.0^[16]根据 Nei 遗传距离,按类平均法(UPGMA)进行聚类分析,绘制地区间和品种间的遗传聚类树状图。

2 结果与分析

2.1 微卫星位点的多样性分析

对来自东北地区的 79 个水稻区试品种进行 SSR 标记多态性检测,结果显示,所用的 170 对 SSR 标记有 103 对检测出多态性,多态性位点百分率为 60.59%。在 103 个多态性位点上共检测到 303 个等位基因,平均每个位点为 2.9 个,变化范围 2~8(表 2)。Shannon 信息指数的变化范围 0.067 9~1.737 8,平均杂合度 0.644 5。Nei 基因多样性指数的值介于 0.025 0~0.788 6,平均值 0.375 3。其中,中度多态性位点(0.25 He 0.5)41 个,高度多态性位点(He 0.5)30 个。多样性程度最高的位点是 RM400,最低的是 RM413、RM344。杂和度(Ho)最高位点的是 RM400 杂合度为 0.077 9,所有位点整体的平均值为 0.007 7;如果将数据做反转化处理,就能够利用 POPGENE 软件算出每个品种的杂合程度。经上述方法测得 79 个区试品种中,杂合程度最高的品种是开 408,在 103 个多态性位点上共检测到 10 个杂合位点。

表 2 103 个多态性位点的等位基因数、实际杂合度、Shannon-Weiner 多样性指数、Nei 基因多样性指数以及 F 统计量

Tab.2 Number of alleles,observed heterozygosities,Nei s genetic diversity index and F-statistics of 103 SSR loci						
位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基因数 Number of alleles	实际杂合度 Observed heterozygosities	Shannon-Weiner 多样性指数 Shannon s information index	Nei 基因 多样性指数 Nei's genetic diversity index	F 统计量 F-statistics
RM297	1	2	0	0.603 2	0.412 8	0.250 8
RM580	1	4	0.025 3	1.065 4	0.605 0	0.060 8
RM283	1	2	0	0.691 8	0.498 7	0.078 8
RM583	1	3	0	0.729 7	0.407 3	0.199 8
RM495	1	2	0.012 7	0.284 3	0.151 0	0.014 0
RM113	1	2	0	0.118 1	0.049 4	0.050 6
RM488	1	2	0	0.467 1	0.291 6	0.026 1
RM449	1	3	0	0.560 6	0.316 0	0.250 0
RM9	1	2	0	0.663 9	0.471 1	0.069 2
PSM348	1	3	0	0.272 8	0.122 8	0.080 7
PSM370	1	3	0.013 0	0.464 7	0.241 3	0.106 6
RM486	1	3	0.013 2	0.954 3	0.586 5	0.142 8
RM5	1	3	0	1.063 7	0.644 6	0.027 5
RM446	1	3	0.050 6	1.064 3	0.645 4	0.117 7
RM259	1	3	0	0.854 3	0.542 9	0.022 7
RM29	2	2	0	0.200 4	0.096 1	0.103 9
RM279	2	2	0.012 7	0.313 8	0.171 8	0.033 8
RM145	2	3	0	0.791 3	0.451 2	0.036 6
RM207	2	4	0	1.171 1	0.671 7	0.070 1
RM525	2	3	0.063 3	0.788 7	0.470 0	0.161 4
PSM376	2	3	0	0.927 9	0.573 9	0.072 7
RM424	2	2	0	0.163 0	0.074 0	0.026 3
RM250	2	2	0	0.663 9	0.471 1	0.085 8
PSM116	2	3	0	0.185 6	0.073 7	0.008 6

续表 2

位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基因数 Number of alleles	实际杂合度 Observed heterozygosities	Shannon-Weiner 多样性指数 Shannon's information index	Nei 基因 多样性指数 Nei's genetic diversity index	F 统计量 F statistics
RM327	2	3	0.013 2	0.892 8	0.536 3	0.239 5
PSM378	3	3	0	0.616 1	0.362 1	0.243 4
RM7	3	3	0.012 8	0.450 6	0.220 8	0.147 7
PSM132	3	5	0	1.161 4	0.639 4	0.193 5
RM218	3	2	0	0.669 8	0.476 8	0.181 0
RM563	3	2	0	0.118 1	0.049 4	0.012 7
PSM428	3	3	0.038 0	0.968 0	0.593 7	0.050 2
RM571	3	2	0.012 8	0.370 5	0.213 9	0.077 9
RM471	4	3	0	0.681 7	0.374 9	0.049 9
RM335	4	4	0	0.798 4	0.460 8	0.061 3
PSM360	4	5	0	0.808 1	0.475 1	0.110 6
PSM323	4	2	0.012 7	0.140 4	0.061 3	0.019 5
PSM384	5	3	0.025 3	0.320 3	0.143 2	0.041 0
RM598	5	2	0	0.354 6	0.201 9	0.075 4
PSM362	5	2	0	0.474 1	0.297 5	0.306 3
RM430	5	3	0	0.775 1	0.484 9	0.162 3
PSM363	5	6	0.025 3	1.574 4	0.772 6	0.155 5
RM413	5	2	0	0.067 9	0.025 0	0.027 0
RM405	5	4	0.013 0	0.864 8	0.454 1	0.173 3
RM274	5	2	0	0.118 1	0.049 4	0.050 6
PSM386	5	3	0	0.862 6	0.524 9	0.184 0
RM161	5	2	0.025 3	0.565 8	0.378 1	0.036 7
RM528	6	3	0	0.792 9	0.523 6	0.045 9
RM439	6	2	0	0.235 9	0.118 6	0.076 2
RM527	6	2	0	0.579 1	0.390 3	0.101 7
RM589	6	2	0	0.594 9	0.405 0	0.199 9
PSM137	6	2	0	0.614 0	0.423 0	0.176 5
PSM138	6	2	0	0.235 9	0.118 6	0.004 4
RM204	6	5	0	1.407 1	0.740 4	0.184 6
RM494	6	2	0	0.682 9	0.489 8	0.294 2
RM253	6	4	0.025 3	0.911 4	0.553 4	0.041 4
RM549	6	2	0	0.120 5	0.050 6	0.013 2
PSM349	6	3	0.013 0	0.830 9	0.505 9	0.106 9
RM400	6	8	0.077 9	1.737 8	0.788 6	0.041 3
RM469	6	2	0	0.406 8	0.242 3	0.030 1
RM10	7	3	0.012 7	0.351 1	0.173 9	0.039 9
RM505	7	2	0.050 6	0.565 8	0.378 1	0.077 5
RM172	7	3	0	0.485 2	0.247 4	0.244 3
RM418	7	4	0.012 7	0.664 4	0.320 4	0.028 2
PSM390	7	3	0	0.715 5	0.396 1	0.017 6
RM214	7	3	0	0.601 6	0.335 5	0.189 5
PSM142	7	3	0.013 3	0.979 6	0.597 6	0.185 3
RM458	8	2	0	0.161 5	0.073 1	0.076 9
RM344	8	2	0	0.067 9	0.025 0	0.025 0
RM339	8	3	0	0.303 0	0.142 0	0.055 8
RM284	8	3	0	0.639 3	0.366 3	0.162 7
RM408	8	2	0	0.354 6	0.201 9	0.108 8
RM477	8	2	0	0.447 1	0.275 0	0.013 6
RM531	8	5	0	0.808 5	0.385 1	0.044 7
RM515	8	4	0.025 3	1.087 7	0.635 2	0.260 7
PSM153	8	3	0.025 3	0.908 3	0.530 8	0.055 6
PSM150	8	2	0.013 2	0.401 6	0.238 1	0.136 8
PSM158	9	2	0	0.520 8	0.337 8	0.160 1
PSM337	9	2	0	0.657 4	0.464 7	0.013 4
PSM338	9	3	0.012 7	0.992 7	0.603 7	0.039 7
PSM156	9	2	0	0.579 1	0.390 3	0.072 6
RM215	9	3	0	0.994 8	0.598 0	0.039 7
RM160	9	4	0.038 5	0.978 5	0.554 0	0.094 5

续表 2

位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基因数 Number of alleles	实际杂合度 Observed heterozygosities	Shannon-Weiner 多样性指数 Shannon's information index	Nei 基因 多样性指数 Nei's genetic diversity index	F 统计量 F statistics
PSM397	9	4	0	0.738 5	0.397 4	0.124 5
RM566	9	3	0	0.861 4	0.547 1	0.198 5
PSM406	10	3	0.013 0	1.091 6	0.662 1	0.032 9
PSM344	10	2	0	0.403 6	0.239 7	0.003 6
RM474	10	2	0	0.276 2	0.145 4	0.015 1
RM224	11	6	0.025 3	0.754 4	0.333 7	0.029 7
RM286	11	4	0	0.754 7	0.406 7	0.047 4
RM21	11	4	0	1.089 5	0.630 0	0.082 0
PSM176	11	2	0	0.161 5	0.073 1	0.025 6
RM4	11	2	0	0.426 0	0.257 7	0.010 3
PSM173	11	3	0	0.267 6	0.119 9	0.118 6
PSM409	11	3	0.025 3	0.689 2	0.426 2	0.067 1
RM206	11	3	0	0.748 8	0.508 5	0.150 8
PSM415	11	6	0	1.176 0	0.561 4	0.155 4
RM202	11	2	0	0.689 2	0.496 1	0.065 0
RM247	12	5	0.038 0	0.651 5	0.301 3	0.028 9
RM235	12	4	0	0.905 7	0.538 7	0.010 0
PSM183	12	3	0	0.573 1	0.346 2	0.145 8
PSM419	12	3	0	0.875 2	0.526 3	0.123 7
RM415	12	2	0	0.327 9	0.182 0	0.027 7
RM270	12	3	0	0.787 6	0.495 9	0.083 9
Mean	-	2.94	0.007 7	0.644 5	0.375 3	0.105 9

2.2 染色体间的遗传多样性分析

将全部 170 对 SSR 引物按所属的染色体不同进行分组,并统计每条染色体的整体多态性信息。在 12 条染色体中多态性位点数量最多是 Chr. 1 共 15 个,最少的是 Chr. 10 共 3 个(表 3)。多态性位点数

百分率最高的是 Chr. 9,最低的是 Chr. 4。平均等位基因数最多是 Chr. 4 和 Chr. 11,都是 3.50 个,最低的是 Chr. 10,为 2.33 个。Nei 基因多样性指数最大的是 Chr. 9,最少的是 Chr. 8。

表 3 水稻不同染色体间的遗传多样性比较

Tab.3 Comparison of rice genetic diversity between different chromosomes

染色体 Chromosome	多态性位点数 Number of polymorphic loci	多态性位点百分率/ % Percentage of polymorphic loci	平均等位基因数 Number of alleles	Nei 基因多样性指数 Nei's genetic diversity index
1	15	71.43	2.67	0.399 1
2	10	66.67	2.70	0.359 0
3	7	36.84	2.86	0.365 2
4	4	26.67	3.50	0.343 0
5	10	71.43	2.90	0.333 2
6	13	76.47	3.00	0.411 5
7	7	58.33	3.00	0.344 9
8	10	71.43	2.80	0.287 3
9	8	80.00	2.88	0.486 6
10	3	33.33	2.33	0.349 1
11	10	76.92	3.50	0.381 3
12	6	54.55	3.33	0.398 4

按照引物的来源不同将引物分为 RM 系列与 PSM 系列,对不同系列引物进行分析比较,结果显示, RM 系列引物与 PSM 系列引物的多态性信息含量差异不大, PSM 系列的引物稍高一些(表 4)。按引物的简单重复序列不同,将引物分为 2-bp、3-bp、4-bp 和复合型 4 种类型。其中, 2-bp 类型的引物数量最多,而 2-bp 类型中又以 (GA)_n 类型居多共 20 个。4 种类型引物中平均等位基因数最多的是复合

型为 3.06 个,最少的是 4-bp 类型 2.83 个;Nei 基因多样性指数最高的是 4-bp 类型为 0.484 9,最低的是复合类型为 0.330 6。从上述结果看出,基因多样性指数并没有随着等位基因数的增加而增加。因为基因多样性指数受两个因素的制约,一个是等位基因的数量,还有一个是基因频率。如果等位基因分布不均匀,也同样会造成基因多样性指数低下。

表 4 SSR 标记的类型、数目、平均等位基
因数、Nei 基因多样性指数

Tab. 4 Types, number, alleles and Nei s genetic
diversity index of SSR markers

引物分类 Types of SSR markers	引物数目 Number of markers	平均等位基因数 Number of alleles	Nei 基因多样性指数 Nei s genetic diversity index
RM	70	2.90	0.368 7
PSM	33	3.03	0.389 1
2-bp	59	2.88	0.388 6
3-bp	22	3.05	0.344 2
4-bp	6	2.83	0.484 9
Complex	16	3.06	0.330 6
Total	103	2.94	0.375 3

2.3 地区间遗传差异分析

根据地域不同将材料分成 3 个地理组,即辽宁、吉林、黑龙江,进行地区间遗传差异的比较。结果显示,吉林的多态性位点数量最多有 94 个,多态性位点百分率为 55.29 % (表 5)。相对地,辽宁的多态性位点数量最少有 91 个,多态性位点百分率为 53.53 %。在平均等位基因数方面,黑龙江最多为 2.50 个,辽宁最少为 2.37 个。Nei 基因多样性指数 (He) 也是黑龙江最高为 0.360 8,辽宁最低 0.301 0。

表 5 不同地区间的遗传多样性比较

Tab. 5 Comparison of rice genetic diversity between different regions

地区 Region	多态位点个数 Number of polymorphic loci	多态性位 点百分率/ % Percentage of polymorphic loci	平均等位 基因数 Number of alleles	Nei 基因多 样性指数 Nei s genetic diversity index	Shannonr-Weiner 多样性指数 Shannon s information index	固定系数 Fixation index
黑龙江 HLJ	93	54.71	2.50	0.360 8	0.596 6	0.979 9
吉林 JL	94	55.29	2.41	0.346 6	0.572 8	0.978 9
辽宁 LN	91	53.53	2.37	0.301 0	0.510 6	0.970 6
Total	103	60.59	2.94	0.375 3	0.644 5	0.979 0

表 6 地区间的分子方差分析

Tab. 6 Analysis of molecular variance among different regions

变异来源 Source of variation	自由度 d.f.	平方和 Sum of squares	方差分量 Variance components	变异百分比 Percentage of variation	P
地区间 Between the regions	2	297.27	2.51	13.22	<0.001
地区内品种间 Among cultivars within a region	155	2 554.11	16.48	86.78	<0.001
Total	157	2 851.37	18.99		

2.4 遗传聚类分析

按照 Nei 氏遗传距离^[20,21]计算各参试材料间的遗传距离和地区间的遗传距离,采用 UPGMA 方法进行聚类。从图 1 可以看出全部材料被分成四个大的亚群。第 1 个亚群包括 17 个品种,除了三个吉林品种吉 03-3326、通院 11 号、通禾 835 以外,其余品种皆来自黑龙江。第 2 个亚群有 18 个品种大多数来自吉林,除此之外还有 6 个黑龙江品种牡 99-1693、Q02、Q07、藤系 138、Q04、Q10 和一个辽宁品种沈稻 6 号。第 3 个亚群包括 30 个品种,除了 6 个吉林品种吉 02-2534、通 35、J25、农大 30 号、吉大 2004-

三个地区的 Shannonr-Weiner 多样性指数分别为:辽宁 0.510 6、吉林 0.572 8、黑龙江 0.596 6。

固定指数 F 是群体遗传学里用来衡量群体基因型的实际频率是否偏离 Hardy-Weinberg 平衡的参数,除此之外它还能用于评价群体的纯合程度^[17]。借助固定指数 F 来评价三个地理组内品种的整体纯合程度,结果显示,黑龙江品种的整体纯合程度最高,吉林次之,辽宁稍差 (表 5)。此外,也可以用地理组内各品种纯合程度的平均值来估算地区整体的纯合程度,公式为 $P = 1 - \sum_{i=1}^n H^2/n$,其中, P 为地区整体的纯合程度, H 为组内品种的杂合程度, n 为组内品种的数量。经计算,黑龙江的平均纯合程度最高为 99.48 %,吉林次之为 99.30 %,辽宁最低为 98.92 %,这与用固定指数 F 分析的结果完全一致。

AMOVA 分析结果表明,地区间的遗传变异对总体遗传变异的贡献度为 13.22 %,而地区内品种间的遗传变异对总体遗传变异的贡献度为 86.78 % (表 6)。根据三个地区的 Fst 值来估算基因流大小,算出的结果为 2.111 7 即每代地区间迁移数目大约为 2^[18,19]。

2、农大 22-0021 以外其余品种皆来自辽宁。第 4 个亚群包括 7 个吉林品种通禾 837、丰育 107、通系 929、吉 2003L93、亨丰 056、松辽 05-3、吉农大 31 号,5 个黑龙江品种哈 03T4、Q13、龙洋 236、Q08、Q16,还有 2 个辽宁的品种仙 S38、茂洋 1 号。图 2 为 3 个地区间的遗传聚类图,辽宁与吉林的遗传距离为 0.077 4;辽宁与黑龙江的遗传距离为 0.136 5;吉林与黑龙江的遗传距离为 0.068 3。3 个地区间的亲缘关系是:吉林与黑龙江整体的亲缘关系较近,相对地与辽宁较远。

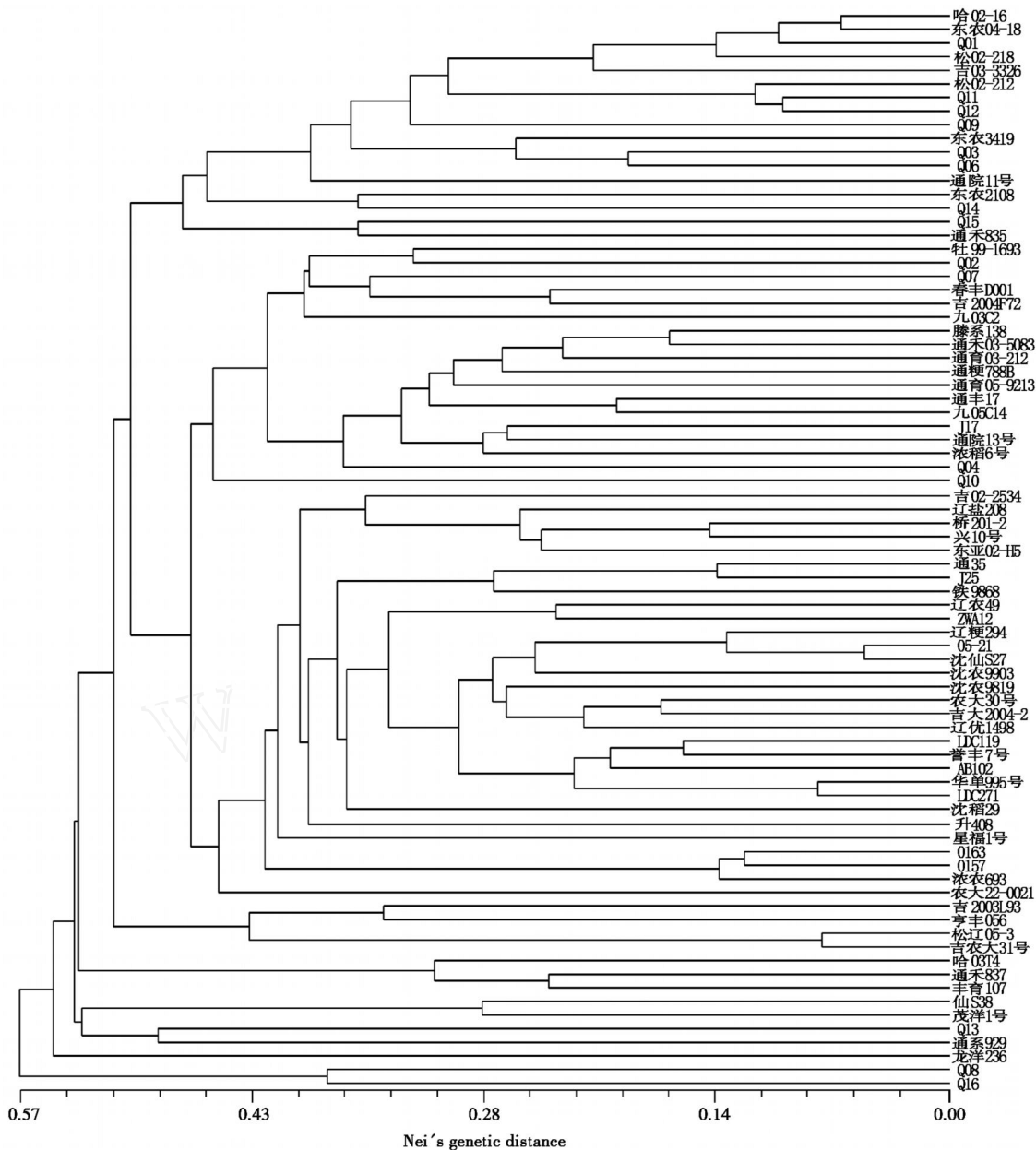


图 1 79 个品种的遗传聚类图(UPGMA)

Fig. 1 Dendrogram of 79 cultivars based on polymorphisms of 103 SSR loci by UPGMA

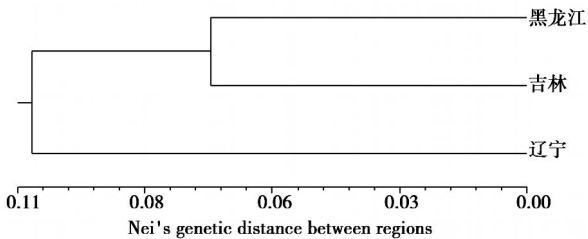


图 2 3 个地区间的遗传聚类图(UPGMA)

Fig. 2 Dendrogram of 3 regions based on polymorphisms of 103 SSR loci by UPGMA

3 结论与讨论

3.1 染色体间的遗传多样性评价方法

由于水稻 12 条染色体的长短不一,所以不能单纯的用多态性位点数目多少来衡量不同染色体的遗传

多样性高低程度。而且在有些染色体上多态性位点分布比较密集,大多集中在染色体的一个或几个区域内,而染色体其他的大范围区域内并没有多态性位点分布。这时如果不把多态性位点分布情况考虑进去,只是盲目的用多态性位点的数量、平均等位基因数、Nei 基因多样性指数等多态性信息参数进行比较的话,可能会得不到正确的客观评价结果。正确的评价方法应该是首先对多态性位点在染色体上的分布情况进行统计,然后将染色体按照多态性位点的分布情况划分出等级。将处在同一等级上的染色体根据多态性位点百分率、平均等位基因数、Nei 基因多样性指数等多态性信息参数的差异,进行遗传多样性丰富程度的评价。从本研究的分析结

果来看,Chr. 3、Chr. 4、Chr. 10、Chr. 12 这四条染色体的多态性位点分布较集中,其中虽然有个别染色体所含多态性信息较丰富,但也只能说明该染色体的局部遗传变异性较大,并不能代表染色体整体的遗传变异性。相反的,Chr. 6、Chr. 9、Chr. 11 这三条染色体上的多态性位点分布较均匀,并且所含多态性信息也较丰富,所以认为这三条染色体整体的遗传多样性丰富程度高。

3.2 地区间遗传差异的探讨

地区间由于不同的地理环境、自然条件、市场需求在选育作物品种时,对性状的选择方向会有所不同。作物品种明显的性状差异较容易辨认,而遗传背景的差异则需要借助分子标记、生化标记、染色体标记等技术手段来揭示。本研究的结果显示,东北三省水稻遗传多样丰富程度排序是:黑龙江 > 吉林 > 辽宁。其中,基因多样性指数黑龙江比辽宁高出 20 % 左右。3 个地理组各自的多态性信息参数均显著低于整体水平,这说明各地区内存在有地域性的特有等位基因。三省当中黑龙江品种的整体纯合程度最高的,吉林次之,辽宁最低。遗传聚类分析结果显示,辽宁品种的聚类分布相对集中,黑龙江的品种次之,而吉林品种的分布就相对分散,在 4 个亚群中都夹杂着吉林品种。研究还发现,有些品种虽然不属于同一个地区,但是亲缘关系却很近,如藤系 138 和通禾 03-5083。相反地,有些品种虽然属于同一地区,但是亲缘关系却很远,如沈仙 S27 和沈稻 6 号。造成这种现象的原因应该有很多,比如频繁的异地引种、品种之间具有共同的亲本、生长条件和自然选择条件相仿等等,可能由上述一种或多种因素共同作用而致。地区间的遗传聚类结果显示,三个地区之间的遗传距离都普遍偏低最远的遗传距离也仅为 0.136 5,所以其实三个地区的亲缘关系都比较近。但相对而言,吉林与黑龙江的亲缘关系更近一些,而辽宁与黑龙江的亲缘关系最远。分子方差分析结果显示,地区间的遗传变异对总体遗传的变异贡献度仅为 13.22 %,这说明变异的主要来源是品种间遗传变异而非地区间的遗传变异。通过 F_{st} 计算出的基因流值为 2.111 7,大于 1,这反映出地区间的隔离程度较低,有人为的引种行为,增加了不同地域间的基因交流。

3.3 东北稻区遗传多样性的总体评价

全部 79 份材料在大多数位上都达到纯合,只有少数品种在一些位点上出现杂合带型。103 个多态性位点上共检测到 303 个等位基因,平均每个位点只能检测到 2.9 个等位基因,而程平义等^[4]对南

方稻区国家水稻区域试验品种进行了微卫星标记分析,用 12 对 SSR 引物对 178 个籼稻品种进行遗传多样性检测,共检测到 1 302 个等位基因,平均每个位点为 7.31 个,远远超过了本研究在东北地区区域试验品种中所检测到的位基因数。对基因频率的统计结果显示,基因频率大于 0.3 而小于 0.7 的等位基因数量只占总数的 21.12 %,这说明等位基因的分布情况是两头多中间少的不均分布,这些都说明了东北稻区整体的遗传多样性是狭窄的。齐永文等^[22]对中国水稻近 50 年的变化趋势的研究结果显示,全国稻区水稻遗传多样性丰富程度大小排序依次是华中稻区 > 西南稻区 > 华南稻区 > 华北稻区 > 西北稻区 > 东北稻区,同样也指出了东北稻区整体的遗传多样性程度偏低,明显低于国内其他稻区。造成这种结果的原因可能是由于东北稻区气候类型单一,种植的品种类型也相对单一,以单季常规粳稻种植为主,而且品种之间亲缘关系也较近。据统计,从 20 世纪 50 年代到 80 年代的 40 多年间,整个北方稻区大面积推广的 212 个早粳品种中 97.2 % 的选育品种都具有日本品种的血缘^[23]。此外根据 Mackill 等^[24]的研究发现粳稻的遗传变异性要远低于籼稻,这也可能是东北稻区遗传多样性低于以种植籼稻为主的南方稻区的原因之一。种质资源的遗传基础狭窄会给农业生产造成巨大危害,相反地提高种质资源的遗传多样性能够为育成产量高、品质好、抗性强的品种提供遗传条件。因此东北稻区育种家们应该充分利用不同地域的优异种质资源,丰富育种途径,增加亲本来源从而拓宽遗传基础,提高本地水稻品种的遗传多样性。

参考文献:

- [1] 徐正进,李雪梅,张文忠. 杂交粳稻后代经济性状变化规律及其相关性研究[J]. 沈阳农业大学学报, 2003, 34 (5): 328 - 331.
- [2] 邱福林,庄杰云,华泽田. 北方杂交粳稻骨干亲本遗传差异的 SSR 标记检测[J]. 中国水稻科学, 2005, 19 (2): 101 - 104.
- [3] 夏 铭. 遗传多样性研究进展[J]. 生态学杂志, 1999, 18 (3): 59 - 65.
- [4] 程本义,施勇烽,沈伟峰. 南方稻区国家水稻区域试验品种的微卫星标记分析[J]. 中国水稻科学, 2007, 21 (1): 7 - 12.
- [5] 王一平,魏兴华,华 蕾. 不同地理来源旱稻种质资源的遗传多样性[J]. 作物学报, 2007, 12: 2034 - 2040.
- [6] 陈先红,徐利远,彭正松. 中国西南地区小麦品种(系)遗传多样性的 SSR 分析[J]. 麦类作物学报, 2008, 28 (1): 6 - 1.

[7] 黄朝锋. 水稻 PSM 标记的发展及抗虫基因的分子定位 [D]. 广州: 华南农业大学, 2003.

[8] Murray M G, Thompson W F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA [J]. Nucl Acids Res, 1980, 8: 4321 - 4325.

[9] 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: 597 - 607.

[10] Yeh F C, Yang R. Popgene v 1. 32. [http: www. ualberta. ca](http://www.ualberta.ca), 2003.

[11] Nei M. Molecular Evolutionary Genetics [M]. New York: Columbia University Press, 1987.

[12] Shannon C E. A mathematical theory of communication [J]. Bell Syst Technol, 1948, 27: 379 - 423.

[13] Wright S. Variability within and among natural populations [M]. Vol 4. Chicago: The Univ of Chicago Press, 1978.

[14] Hartl D L, Clark A G. Principles of population genetics. 2nd ed. Sinauer Associates, Sunderland, MA, 1989.

[15] Excoffier L, Laval L G, Schneider S. Arlequin ver. 3. 0: An integrated software package for population genetics data analysis [J]. Evol Bioinform Online, 2005, 1: 47 - 50.

[16] Rohlf F J. NTSYSpc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system [M]. Exeter Software, Applied Biostatistics Inc New York, USA, 2000.

[17] 南宮自艷, 高宝嘉, 刘军侠. 四种松毛虫不同地理种群遗传多样性的等位酶分析 [J]. 昆虫学报, 2008, 51 (4): 417 - 423.

[18] Hamrick J L, Godt M J W. Allozyme diversity in plant species [M] // Brown A H D, Clegg M T, Kaher A L, et al. Plant population genetics, breeding and genetic resources. Sunderland: Sinauer, 1989: 43 - 63.

[19] 王一平, 魏兴华, 袁筱萍. 海南普通野生稻自然居群间遗传多样性的微卫星分析 [J]. 中国水稻科学, 2007, 21 (6): 573 - 578.

[20] Nei M. Genetic distance between populations [J]. Am Nat, 1972, 106: 283 - 292.

[21] Nei M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals [J]. Genetics, 1978, 89: 583 - 590.

[22] 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 [J]. 科学通报, 2006, 51: 693 - 699.

[23] 熊振民, 蔡洪法. 中国水稻 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1990: 50 - 200.

[24] Mackill D J. Classifying japonica rice cultivars with RAPD makers [J]. Crop Sci, 1995, 35: 889 - 894.