

## 微卫星标记分析水稻地方品种30年的遗传变异

严红梅<sup>1</sup>, 董超<sup>2</sup>, 张恩来<sup>2</sup>, 汤翠凤<sup>2</sup>, 阿新祥<sup>2</sup>, 杨文毅<sup>2</sup>, 杨雅云<sup>2</sup>, 张斐斐<sup>2</sup>, 徐福荣<sup>2</sup>

1. 云南省农业科学院质量标准与检测技术研究所, 昆明 650223 2. 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 农业部西南作物基因资源与种质创制重点实验室, 昆明 650223

YAN Hong-Mei<sup>1</sup>, DONG Chao<sup>2</sup>, ZHANG En-Lai<sup>2</sup>, TANG Cui-Feng<sup>2</sup>, A Xin-Xiang<sup>2</sup>, YANG Wen-Yi<sup>2</sup>, YANG Ya-Yun<sup>2</sup>, ZHANG Fei-Fei<sup>2</sup>, XU Fu-Rong<sup>2</sup>

1. Institute of Agricultural Quality Standard and Testing Technology, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China 2. Key Lab of Southwestern Crop Gene Resources and Germplasm Innovation, Ministry of Agriculture, Institute of Biotechnology and Germplasm Resources, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China

- 摘要
- 参考文献
- 相关文章

Download: PDF (487KB) HTML (1KB) Export: BibTeX or EndNote (RIS) Supplementary data

**摘要** 为揭示水稻(*Oryza sativa*)地方品种30年的遗传变异状况,文章通过60个SSR标记,对元阳哈尼梯田农户在20世纪70年代种植的6个(简称“过去的品种”)和近10年间种植的对6个(简称“当前的品种”)代表性水稻地方品种进行检测。结果表明,共检测到159个等位基因(*Na*),等位基因数1~4不等,当前的品种较过去的品种减少7个等位基因。平均每个标记检测到的等位基因数(*Na*)、有效等位基因数(*Ne*)、基因型多样性(*H'*)和位点多态信息含量(*PIC*)4个指标均为过去的品种高于当前的品种,分别是(*Na*)为2.567>2.450, (*Ne*)为2.052>1.968, (*H'*)为0.768>0.722, (*PIC*)为0.469>0.439。基于60个SSR标记,过去6个品种间的遗传相似性系数(*GS*)平均值为0.437,变幅为0.117~0.667,而当前6个品种间平均值为0.473,变幅为0.200~0.700。总的说来,水稻地方品种经过30年自然和人工选择,遗传多样性降低,不同品种存在等位基因大小的差异程度不同。

**关键词:** 元阳哈尼梯田 SSR标记 遗传多样性 等位基因位点 水稻

**Abstract:** To reveal the genetic variation of rice paddy landraces across 30 years, we compared the genetic variation of between 6 paddy rice landraces grown in Yuanyang Hani's terraced fields in Yuanyang County, Yunnan Province in the 1970s (past-grown landraces) and 6 paired ones that have been grown during the past decade (current-grown landraces) using 60 SSR markers. The results showed that one to four alleles were amplified in 60 loci and 159 alleles in all the landraces tested. The number of alleles from the current-grown landraces decreased by 7 alleles compared to the past-grown landraces. The average number of alleles (*Na*), effective number of alleles (*Ne*), locus polymorphism information content (*PIC*), and genotype diversity (*H'*) of the past-grown landraces were higher than those of the current-grown landraces, with *Na* of 2.567>2.450, *Ne* of 2.052>1.968, *PIC* of 0.469>0.439, and *H'* of 0.768>0.722. The average genetic similarity coefficient (*GS*) of the past-grown landraces was 0.437 with a range from 0.200 to 0.700 based on the 60 SSR markers, and the average *GS* of the current-grown landraces was 0.473 with a range from 0.117 to 0.667. In conclusion, the genetic diversity in current-grown landraces was decreased compared to the past-grown landraces, and the degree of variation in some of the allele locus varied in different rice landraces as a result of 30 years' natural and artificial selection.

**Keywords:** Yuanyang Hani's terraced fields, SSR markers, genetic diversity, alleles, paddy rice landraces

收稿日期: 2011-04-10; 出版日期: 2012-01-25

基金资助:

科技部重大基础性研究专项(编号: 2006FY110700), 国家高技术研究发展计划项目(“863”计划)(编号: 2010AA101805), 云南省科技创新强省计划项目(编号: 2007C0219Z), 云南省社会发展科技计划项目(编号: 2010CC009)和云南省人才引项目(编号: 2008PY049)资助

通讯作者 徐福荣 Email: xfrong99@yahoo.com.cn

引用本文:

严红梅, 董超, 张恩来, 汤翠凤, 阿新祥, 杨文毅, 杨雅云, 张斐斐, 徐福荣. 微卫星标记分析水稻地方品种30年的遗传变异. 遗传, 2012, 34(1): 87-94.

YAN Hong-Mei, DONG Chao, ZHANG En-Lai, TANG Cui-Feng, A Xin-Xiang, YANG Wen-Yi, YANG Ya-Yun, ZHANG Fei-Fei, XU Fu-Rong. Analysis of genetic variation in rice paddy landraces across 30 years as revealed by microsatellite DNA markers. HEREDITAS, 2012, V34(1): 87-94.

链接本文:












http://www.chinagene.cn/Jwk\_yc/CN/10.3724/SP.J.1005.2012.00087 或 http://www.chinagene.cn/Jwk\_yc/CN/Y2012/V34/I11/87

### Service

- ▶ 把本文推荐给朋友
- ▶ 加入我的书架
- ▶ 加入引用管理器
- ▶ Email Alert
- ▶ RSS

### 作者相关文章

- ▶ 徐福荣

- [1] Maclean JL, Dawe DC, Hardy B, Hettel GP. Rice Almanac. Philippines: International Rice Research Institute, 2002. 
- [2] 程式华, 胡培松. 中国水稻科技发展战略. 中国水稻科学, 2008, 22(3): 223-226. 
- [3] 朱德峰, 程式华, 张玉屏, 林贤青, 陈惠哲. 全球水稻生产现状与制约因素分析. 中国农业科学, 2010, 43(3): 474-479.
- [4] Tilman D. The greening of the green revolution. *Nature*, 1998, 396(6708): 211-212.
- [5] Zhao WG, Chung JW, Ma KH, Kin TS, Kim SM, Shin DH, Kim CH, Koo HM, Park YJ. Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from Korea, China and Japan using SSR markers. *Genes Genomics*, 2009, 31(4): 283-292. 
- [6] Londo JP, Chiang YC, Hung KH, Chiang TY, Schaal BA. Phylogeography of Asian wild rice, *Oryza rufipogon*, reveals multiple independent domestications of cultivated rice, *Oryza sativa*. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2006, 103(25): 9578-9583. 
- [7] Normile D. Variety spices up Chinese rice yields. *Science*, 2000, 289(5482): 1122-1123.
- [8] Zhu YY, Chen HR, Fan JH, Wang YY, Li Y, Chen JB, Fan JX, Yang SS, Hu LP, Leung H, Mew TW, Teng PS, Wang ZH, Mundt CC. Genetic diversity and disease control in rice. *Nature*, 2000, 406(6797): 718-722.
- [9] 李海明. 中国水稻遗传构成与遗传多样性变化及其决定因素研究[学位论文]. 中国科学院研究生院, 2006: 3. 
- [10] Edwards K, Johnstone C, Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis. *Nucleic Acids Res*, 1991, 19(6): 1349. 
- [11] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1973, 70(12): 3321-3323. 
- [12] Nei M, Li WH. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1979, 76(10): 5269-5273. 
- [13] David T, Peter BR, Johannes MHK. Biodiversity and eco-system stability in a decade-long grassland experiment. *Nature*, 2006, 441(7093): 629-632.
- [14] Zhao WG, Chung JW, Ma KH, Kin TS, Kim SM, Shin DH, Kim CH, Koo HM, Park YJ. Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from Korea, China and Japan using SSR markers. *Genes and Genomics*, 2009, 31(4): 283-292. 
- [15] 魏兴华, 汤圣祥, 江云珠, 余汉勇, 袁宗恩, 颜启传. 中国栽培稻选育品种等位酶多样性及其与形态学性状的相关分析. 中国农业科学, 2003, 17(2): 123-128.
- [16] 庄杰云, 钱惠荣, 陆军, 林鸿宣, 郑康乐. 籼稻品种遗传变异性初探. 中国农业科学, 1996, 29(2): 17-22.
- [17] 齐永文, 张冬玲, 张洪亮, 王美兴, 孙俊立, 廖登群, 魏兴华, 袁宗恩, 汤圣祥, 曹永生, 王象坤, 李自超. 中国水稻选育品种遗传多样性及其近50年变化趋势. 科学通报, 2006, 51(6): 693-699. 
- [18] 张晓丽, 郭辉, 王海岗, 吕建珍, 袁筱萍, 彭锁堂, 魏兴华. 中国普通野生稻与栽培稻种SSR多样性的比较分析. 作物学报, 2008, 34(4): 591-597. 
- [19] 徐福荣, 汤翠凤, 余腾琼, 戴陆园, 张红生. 中国云南元阳哈尼梯田种植的稻作品种多样性. 生态学报, 2010, 30(12): 3346-3357.
- [20] 徐福荣, 张恩来, 董超, 戴陆园, 张红生. 云南元阳哈尼梯田两个不同时期种植的水稻地方品种表型比较. 生物多样性, 2010, 18(4): 365-372.
- [21] 徐福荣, 董超, 杨文毅, 汤翠凤, 阿新祥, 张恩来, 杨雅云, 张斐斐, 戴陆园, 张红生. 利用微卫星标记比较云南元阳哈尼梯田两个不同时期种植的水稻地方品种的遗传多样性. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 381-386.
- [22] 于萍, 李丽, 吕建珍, 袁筱萍, 徐群, 王一平, 余汉勇, 魏兴华. 太湖流域粳稻地方品种的微卫星分析. 中国水稻科学, 2009, 23(2): 148-152.
- [23] 李小湘, 詹庆才, 魏兴华, 段永红, 陈祖武, 刘勇. 湖南江永普通野生稻原位和异位保存种质的SSR多样性差异. 中国水稻科学, 2006, 20(4): 361-366. 
- [24] Hawkes JG. The Diversity of Crop Plants. Cambridge: Harvard University Press, 1983.
- [25] Plucknett DL, Smith NJH, Williams JT, Anishetty NM. Gene Banks and the World's Food. Princeton: Princeton University Press, 1987. 
- [26] 卢宝荣, 朱有勇, 王云月. 农作物遗传多样性农家保护的现状与前景. 生物多样性, 2002, 10(4): 409-414.
- [27] Peng SB, Huang JL, Cassman KG, Laza RC, Visperas RM, Khush GS. The importance of maintenance breeding: A case study of the first miracle rice variety-IR8. *Field Crops Res*, 2010, 119(2-3): 342-347. 
- [28] 高东, 何霞红, 朱有勇. 元阳水稻地方品种多样性变化及换种规律研究. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 311-313.

- [1] 黄益敏 夏梦颖 黄石. 遗传多样性上限假说所揭示的进化历程[J]. 遗传, 2013,35(5): 599-606
- [2] 杨韵龙 吴建国 周元飞 石春海. 一个新的水稻小穗梗弯曲突变体的形态特征及基因定位[J]. 遗传, 2013,35(2): 208-214
- [3] 傅建军, 李家乐, 沈玉帮, 王荣泉, 宣云峰, 徐晓雁, 陈勇. 草鱼野生群体遗传变异的微卫星分析[J]. 遗传, 2013,35(2): 192-201
- [4] 马志杰, 钟金城, 韩建林, 徐惊涛, 刘仲娜, 白文林. 牦牛分子遗传多样性研究进展[J]. 遗传, 2013,35(2): 151-160
- [5] 李铎, 柴志欣, 姬秋梅, 张成福, 信金伟. 西藏牦牛微卫星DNA的遗传多样性[J]. 遗传, 2013,35(2): 175-184
- [6] 温莹 逯晓萍 任锐 米福贵 韩平安 薛春雷. 高丹草EST-SSR标记的开发及其遗传多样性[J]. 遗传, 2013,35(2): 225-232
- [7] 杨德卫, 卢礼斌, 程朝平, 曾美娟, 郑向华, 叶宁, 刘成德, 叶新福. 一个水稻内颖退化突变体的形态特征及基因的精确定位[J]. 遗传, 2012,34(8): 1064-1072
- [8] 杨泽茂, 谢小芳, 黄显波, 王丰青, 童治军, 段远霖, 兰涛, 吴为人. 水稻“三明”显性核不育基因的定位[J]. 遗传, 2012,34(5): 615-620
- [9] 刘朝辉, 李小艳, 张建辉, 林冬枝, 董彦君. 一个新的水稻叶绿素缺失黄叶突变体的特征及基因分子定位[J]. 遗传, 2012,34(2): 223-229
- [10] 张春雨, 李宏宇, 刘斌. *hpt*与*bar*基因作为水稻转基因筛选标记的比较研究[J]. 遗传, 2012,34(12): 1599-1606

- [11] 区树俊, 汪鸿儒, 储成才. 亚洲栽培稻主要驯化性状研究进展[J]. 遗传, 2012,34(11): 1379-1389
- [12] 侯小改, 张曦, 郭大龙. 植物LTR类反转录转座子序列分析识别方法[J]. 遗传, 2012,34(11): 1491-1500
- [13] 李娟, 张克勤. 微生物的遗传多样性[J]. 遗传, 2012,34(11): 1399-1408
- [14] 于辉, 刘荣辉, 李华, 左启祯, 李岩, 吴珍芳. 猪5个群体SLA微卫星遗传多样性[J]. 遗传, 2012,34(11): 1427-1433
- [15] 杨昭庆, 褚嘉祐. 中国人类遗传多样性研究进展[J]. 遗传, 2012,34(11): 1351-1364