

山东省水稻品种(系)的遗传多样性分析

张全芳¹ 姜明松² 陈峰² 朱文银² 周学标² 杨连群¹ 徐建第²

(¹山东省农业科学院农作物种质资源研究所, 250100, 山东济南; ²山东省农业科学院湿地农业与生态研究所, 250100, 山东济南)

摘要 利用全自动DNA分析仪荧光SSR-PCR技术和农业行业标准《水稻品种鉴定技术规程SSR标记法(NY/T 1433-2014)》中公布的48对SSR引物,对山东省育成和审定的48个水稻品种(系)进行遗传多样性分析。结果表明,有40对SSR引物在48个品种(系)间表现多态性,多态率为83.3%。检测到等位基因133个,每对引物的等位基因数变幅为1~7个,平均3.32个。SSR引物的多态性信息量(PIC)变化范围为0.0384~0.7333,平均值0.2560。标记指数(MI)的变化范围在0.08~5.13,平均值0.93。48个水稻品种(系)间的遗传相似系数(GSC)在0.6390~0.9859之间,平均值0.7800,89.6%品种(系)的GSC在0.7189~0.9859之间,亲缘关系较近;以GSC为基础,按UPGMA方法在阈值0.75处将48个品种(系)划分为4大类群。由此可见,山东省育成和审定的水稻品种(系)遗传多样性不够丰富,品种(系)间的亲缘关系较近,需要进一步拓宽亲本选择范围,扩大遗传背景。

关键词 水稻; SSR标记; 遗传多样性; 聚类分析

山东水稻属华北单季稻作带,是重要的高产高效作物和生态作物,种植历史悠久。1949年以来,山东水稻品种大致经过4次大的更新^[1]。1949-1959年初种植紫皮旱稻和竹竿青等地方品种;1960-1979年主要种植引进的农垦57、桂花黄、农垦39和农垦40等品种;1980-1999年为引种和育种结合时期,主要种植金南风、京引119和日本晴等引进品种和鲁粳1号、临稻1号、临稻2号、鱼农1号和鲁香粳2号等自育品种;2000年至今种植自主选育品种,前期主要种植临稻10号、临稻11、圣稻301、香粳9407、阳光200和圣稻13等品种,近年来主要种植圣稻18、圣稻19、临稻16和润农11等品种。自20世纪90年代以来,山东省培育了一批水稻品种,这些品种无论是从产量还是抗性上,都较以前种植品种有了很大的提高。但目前在水稻育种工作中存在过分倚重核心亲本,造成品种遗传基础狭窄、同质化现象严重。因此,利用遗传多样性分析育种材料的遗传背景和亲缘关系,可拓宽水稻亲本的遗传基础,为合理利用优异亲本和培育新品种提供帮助,对种质创新和新品种选育具有重要意义。

SSR标记具有简便、稳定、多态性高和成本低

等优点,是目前在水稻种质资源遗传多样性研究中应用最广泛的分子标记,已被广泛应用于评价水稻的遗传多样性和亲缘关系。应用SSR标记技术对不同来源和年代育成的水稻品种资源进行遗传多样性研究的报道很多。赵庆勇等^[2]用64对SSR引物对江苏省育成以及引进的30个粳稻品种进行遗传多样性分析,结果表明江苏省育成的品种遗传多样性不够丰富,多数品种间亲缘关系较近。张燕红等^[3]利用63对引物对新疆维吾尔自治区育成品种及引进资源进行遗传多样性分析,发现育成品种的遗传背景相似性较高、多样性不够丰富。李小华等^[4]利用12对SSR引物对浙江省育成的46个常规粳稻品种进行了遗传多样性分析和指纹图谱构建。刘丹等^[5]利用45对SSR引物对黑龙江省不同育种单位育成的粳稻资源进行了遗传多样性分析。韩迎春等^[6]对河南省粳稻品种进行SSR指纹图谱构建及遗传差异分析的研究表明,推广的品种遗传基础较为狭窄。

水稻品种的遗传多样性决定着育种的发展前景^[7]。育种工作成效的大小很大程度上取决于所掌握种质材料的数量及其性状表现的深入了解,通过遗传背景分析可以进一步了解水稻品种间的亲缘关系,所以,为培育更多优质的水稻新品种,有

作者简介:张全芳,主要从事作物分子育种研究, E-mail: zhquanfang@163.com;姜明松为共同第一作者,主要从事水稻遗传育种研究, E-mail: sds2317831@163.com

徐建第为通信作者,研究方向为水稻遗传育种, E-mail: xjiandi79@163.com

基金项目:国家重点研发计划项目(2017YFD010050503);山东省农业良种工程项目(2019LZGC003);山东省水稻产业技术体系项目(SAIT-17-1);山东省农业科学院农业科技创新工程项目(CXGC2018B04, CXGC2016A11, CXGC2018E16);水稻生物学国家重点实验室开放课题(20190204)

收稿日期:2020-08-19;修回日期:2020-09-01;网络出版日期:2021-07-26

必要对山东省近年来育成和审定水稻品种的遗传多样性进行分析，明确其遗传差异程度。SSR 标记可以进一步了解水稻品种间的遗传距离和亲缘关系，避免仅依据表型选择亲本，减少育种工作中亲本选配的盲目性，从而提高育种效率。

因此，本研究选取山东省近年来审定和育成的 48 个水稻品种（系），利用 48 对 SSR 引物对其进行遗传多样性分析，探讨品种（系）间的亲缘关系及其变化趋势，为更有效地开展水稻育种提供理论

参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

选取 48 个自 2002 年以来通过山东省审定和完成生产试验的水稻品种（系）及山东省育种单位育成的国审水稻品种（系）作为试验材料，于 2018 年种植于山东省水稻研究所济宁试验基地。材料的名称和来源见表 1。

表 1 供试水稻品种（系）的名称和来源
Table 1 Name and origin of the rice varieties (lines)

编号 Number	品种（系） Variety (line)	来源 Origin	编号 Number	品种（系） Variety (line)	来源 Origin
1	圣稻 13 Shengdao 13	山东省水稻研究所	25	大粮 203 Daliang 203	临沂市大粮种业有限公司
2	圣稻 14 Shengdao 14	山东省水稻研究所	26	大粮 207 Daliang 207	临沂市大粮种业有限公司
3	圣稻 15 Shengdao 15	山东省水稻研究所	27	润农 303 Runnong 303	临沂市大粮种业有限公司
4	圣稻 16 Shengdao 16	山东省水稻研究所	28	大粮 306 Daliang 306	临沂市大粮种业有限公司
5	圣稻 17 Shengdao 17	山东省水稻研究所	29	阳光 600 Yangguang 600	郯城县种子
6	圣稻 18 Shengdao 18	山东省水稻研究所	30	阳光 800 Yangguang 800	郯城县种子
7	圣稻 19 Shengdao 19	山东省水稻研究所	31	阳光 900 Yangguang 900	郯城县种子
8	圣稻 20 Shengdao 20	山东省水稻研究所	32	阳光 958 Yangguang 958	郯城县种子
9	圣稻 22 Shengdao 22	山东省水稻研究所	33	润农 4 号 Runnong 4	山东润农种业科技有限公司
10	圣稻 23 Shengdao 23	山东省水稻研究所	34	润农早粳 1 号 Runnongzaojing 1	山东润农种业科技有限公司
11	圣稻 24 Shengdao 24	山东省水稻研究所	35	润农 11 Runnong 11	山东润农种业科技有限公司
12	圣稻 25 Shengdao 25	山东省水稻研究所	36	丰稻 4 号 Fengdao 4	山东省农业科学院生物技术研究中心
13	圣稻 26 Shengdao 26	山东省水稻研究所	37	临稻 10 Lindao 10	临沂市水稻研究所
14	圣糯 139 Shengnuo 139	山东省水稻研究所	38	临稻 15 Lindao 15	临沂市水稻研究所
15	圣香 136 Shengxiang 136	山东省水稻研究所	39	临稻 16 Lindao 16	沂南县水稻研究所
16	圣稻 2572 Shengdao 2572	山东省水稻研究所	40	临稻 18 Lindao 18	沂南县水稻研究所
17	圣稻 27 Shengdao 27	山东省水稻研究所	41	临稻 19 号 Lindao 19	临沂市水稻研究所
18	圣稻 1722 Shengdao 1722	山东省水稻研究所	42	临稻 20 Lindao 20	沂南县水稻研究所
19	圣稻 3466 Shengdao 3466	山东省水稻研究所	43	临稻 21 号 Lindao 21	临沂市农业科学院
20	香粳 9407 Xiangjing 9407	山东省水稻研究所	44	临稻 22 Lindao 22	临沂市农业科学院
21	圣稻 28 Shengdao 28	山东省水稻研究所	45	临稻 23 号 Lindao 23	临沂市农业科学院
22	圣香 66 Shengxiang 66	山东省水稻研究所	46	垦稻 88 Kendao 88	河北省农林科学院滨海农业研究所/ 郯城精华种业
23	圣香糯 1 号 Shengxiangnuo 1	山东省水稻研究所	47	南粳 505 Nanjing 505	江苏省农业科学院粮食作物研究所/ 山东省水稻研究所
24	圣武糯 0146 Shengwunuo 0146	山东省水稻研究所/ 江苏武进稻麦育种场	48	圣糯 1 号 Shengnuo 1	山东省水稻研究所

1.2 供试 SSR 引物

所用引物为农业行业标准《水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法（NY/T 1433-2014）》中公布的 48 对 SSR 引物。荧光引物由上海生工生物技术有限公司合成，正向引物加注 FAM（蓝）的荧光染料。

1.3 基因组 DNA 的提取、纯化和检测

采用 CTAB 结合 Glass Milk 法提取基因组

DNA，使用 Merinton SMA 1000 Nanodrop 分光光度计检测 DNA 浓度及纯度，保证 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 值 ≥1.8，浓度 ≥20ng/μL，同时分别取 2μL 进行琼脂糖凝胶电泳检测基因组 DNA 完整性。

1.4 PCR 扩增与产物多重荧光检测

采用 25.0μL 的 PCR 扩增反应体系，其中 10×PCR Buffer(含 2mmol/L Mg²⁺)2.5μL、2.5mmol/L

dNTP 2.0μL、5U *Taq* DNA 聚合酶 0.2μL、5μmol/L 正反向引物各 1.0μL、DNA 模板 2.0μL 和超纯水 16.3μL。取 20μL ROX500 内标加入 980μL 去离子甲酰胺中，涡旋混匀，离心，按 10μL/孔分装至新的 96 孔板内，取 1~2μL PCR 产物对应地加入各孔中，3000 转/min 离心 1min；于 PCR 仪上 95℃变性 5min，立即置于冰上。在 ABI 3730XL DNA 测序仪上进行荧光毛细管电泳；50cm 毛细管，使用 POP 7 液体分离胶，15kV 预电泳 18s，待毛细管洗涤完毕后，15kV 电泳 28min。使用 DNA Collection Software 软件收集原始数据。引物、荧光标记、*Taq* DNA 聚合酶和 dNTP 等试剂购自上海生工生物技术有限公司，POP 7 液体分离胶购自美国应用生物系统（Applied Biosystems）中国代理公司。

1.5 数据统计和分析

利用 Gene Mapper V3.2 进行图像分析与数据收集。利用 Power Marker V3.25 分析统计每对引物的等位基因数、基因型数、等位基因频率和多态性信息量 (PIC)，标记指数 (marker index, MI) 按公式 $MI=Allele \times PIC$ 计算，式中 Allele 为该引物的等位基因数。应用统计分析软件 NTSYS 2.10^[8]以共有片段比例（软件中 coefficient 参数选择 SM）为指标计算材料之间的遗传相似性系数（genetic similarity coefficient, GSC）。根据 GSC, 通过 NTSYS 2.10 用非加权类平均法 (UPGMA) 进行聚类分析，并绘制成树状图。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记多态性分析

结果（表 2）表明，所用 48 对引物中 RM71、RM85、RM119、RM267、RM274、RM278、RM424 和 RM443 8 个引物在供试的 48 个品种（系）中未检测到多态性位点；其余 40 对引物在供试的 48 个品种（系）中能够检测到多态性位点，占所用引物的 83.3%，共检测到 133 个等位基因，SSR 引物等位基因数变异范围为 1~7 个，平均值为 3.32。RM336 检测到的等位基因数最多，为 7 个。多态性信息量 (PIC) 是等位基因数和频率的函数，具有较高 PIC 值的 SSR 标记具有较高的检测效率，SSR 位点的 PIC 平均值为 0.2560，变幅范围为 0.0384~0.7333，RM336 的 PIC 值最高，为 0.7333。各 SSR 引物的 MI 变化范围在 0.08~5.13，平均值为 0.93。

表 2 SSR 引物、染色体位置、基因多样性、等位基因数、PIC 值和 MI
Table 2 Microsatellites primer, chromosome, gene diversity, number of Alleles, PIC value and MI for SSR markers

引物 Primer	染色体 Chromosome	基因多样性 Gene diversity	等位基因数 Number of alleles	PIC 值 PIC value	标记 指数 MI
OSR28	9	0.56	4	0.4723	1.89
RM17	12	0.18	3	0.1722	0.52
RM19	12	0.44	2	0.3444	0.69
RM21	11	0.45	6	0.4249	2.55
RM71	2	0.00	1	0.0000	0.00
RM72	8	0.46	5	0.3994	2.00
RM85	3	0.00	1	0.0000	0.00
RM119	4	0.00	1	0.0000	0.00
RM176	6	0.08	2	0.0739	0.15
RM190	6	0.11	2	0.1064	0.21
RM208	2	0.57	3	0.4750	1.42
RM209	11	0.67	4	0.5985	2.39
RM219	9	0.34	4	0.3216	1.29
RM224	11	0.57	3	0.5007	1.50
RM231	3	0.47	3	0.3927	1.18
RM232	3	0.28	4	0.2654	1.06
RM253	6	0.38	2	0.3047	0.61
RM258	10	0.04	2	0.0384	0.08
RM267	5	0.00	1	0.0000	0.00
RM274	5	0.00	1	0.0000	0.00
RM278	9	0.00	1	0.0000	0.00
RM289	5	0.11	2	0.1064	0.21
RM311	10	0.24	5	0.2308	1.15
RM316	9	0.49	2	0.3685	0.74
RM331	8	0.45	3	0.3679	1.10
RM332	11	0.42	3	0.3806	1.14
RM336	7	0.77	7	0.7333	5.13
RM339	8	0.04	2	0.0384	0.08
RM481	7	0.13	4	0.1294	0.52
RM423	2	0.11	2	0.1064	0.21
RM424	2	0.00	1	0.0000	0.00
RM432	7	0.42	2	0.3318	0.66
RM443	1	0.00	1	0.0000	0.00
RM471	4	0.32	2	0.2688	0.54
RM490	1	0.44	4	0.3917	1.57
RM493	1	0.11	2	0.1064	0.21
RM542	7	0.59	4	0.4996	2.00
RM551	4	0.54	3	0.4300	1.29
RM561	2	0.57	3	0.4824	1.45
RM567	4	0.67	4	0.5955	2.38
RM571	3	0.04	2	0.0384	0.08
RM583	1	0.62	6	0.5816	3.49
RM590	10	0.04	2	0.0384	0.08
RM598	5	0.04	2	0.0384	0.08
RM1195	1	0.57	4	0.5127	2.05
RM3331	12	0.45	2	0.3481	0.70
RM7102	12	0.27	2	0.2327	0.47
RM8277	3	0.04	2	0.0384	0.08
平均 Mean	—	0.29	3.32	0.2560	0.93

2.2 48 个粳稻品种（系）的遗传相似性分析

根据供试引物在 48 份供试品种（系）中所获得的 133 个等位基因，按 NTSYS 2.10 统计分析软件计算 GSC。48 个水稻品种（系）的 GSC 在 0.6390~0.9859 之间，平均值为 0.7800。其中，临稻 10（临 89-27-1/日本晴）和大粮 203（临稻 10/焦选 D2）、临稻 10 和临稻 23（临稻 10/盐粳 7 号）、临稻 23 和临稻 21（临稻 10/镇稻 88）、圣稻 17（圣稻 13/圣稻 15）与圣稻 20（圣稻 13/圣稻 15）4 组品种（系）间的 GSC 最大，均为 0.9859。根据系谱来看，大粮 203、临稻 21 和临稻 23 均是以临稻 10 号

为亲本选育而来，圣稻 17 与圣稻 20 均是以相同组合选育而来，这些品种（系）的遗传背景极为相近；圣稻 14 和临稻 15、圣稻 1722 与临稻 16 2 组品种（系）间的 GSC 最小，为 0.6390。根据计算所得的 1185 个 GSC，以 0.02 为组距进行次数分布分析，由图 1 可知，供试材料的 GSC 次数呈正态分布。GSC 在 0.7189~0.9859 之间的数量为 1062 个，占整个数据的 89.6%；0.8189~0.9859 之间的有 370 个，占总数的 31.2%，说明山东省育成的水稻品种（系）间遗传相似性高，遗传差异较大的品种（系）数量少。

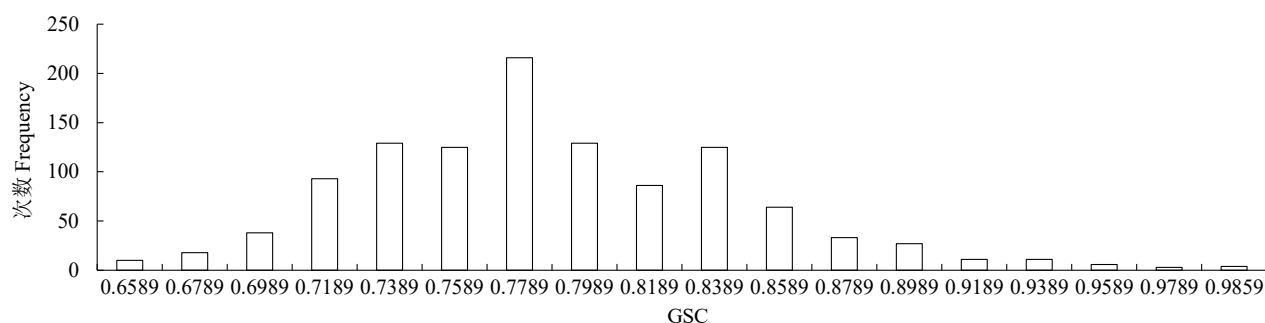


图 1 GSC 次数分布

Fig.1 The distribution of GSC frequency

2.3 基于 SSR 分析的聚类结果

由图 2 可知，供试品种（系）在 GSC 0.75 处可以被区分为 4 个类群，类群 I 包含圣稻 20、圣稻 17 等在内的 28 个品种（系）；类群 II 包含丰稻 4 号、阳光 958 等在内的 18 个品种（系）；类群 III 和类群 IV 分别只含有 1 个品种（系），分别为临稻 20 和圣香 136。类群 I 和类群 II 内品种（系）的 GSC 高，例如临稻 10 和大粮 203 等，GSC 达到 0.9850，这些品种（系）在田间也表现出一定的相似性，与聚类分析结果相吻合；类群 III 和类群 IV 的各 1 个品种（系）独立成群，与其他品种（系）的 GSC 为 0.7200 左右，说明与其他品种（系）的亲缘关系较远。以上结果表明，山东省近年育成的品种（系）之间整体遗传相似程度较高，品种（系）资源亲缘关系较近，遗传多样性较低。

3 讨论

3.1 SSR 标记

本研究所用的 48 对 SSR 引物覆盖了水稻 12 条染色体，每条 3~5 个等位基因。利用所选标记对 48 个水稻品种（系）进行遗传多样性分析，共检测

到 133 个等位基因，每对引物检测到 1~7 个等位基因。李小华等^[4]用 12 对 SSR 引物分析了 46 个浙江省粳稻品种的遗传多样性，共检测出 84 个等位基因，平均 7 个。张燕红等^[3]用 63 对引物分析新疆粳稻种质资源，共检测到 388 个有效等位基因，平均每对引物 6.158 个等位基因；何宇涵等^[9]用 13 对引物分析 22 份河南省粳稻资源共检测出 40 个等位基因，每个位点平均 3.1 个等位基因；徐大勇等^[10]用 33 对多态性引物在 136 个粳稻品种中共检测出 106 个等位基因，每个位点平均等位基因数为 3.2 个；孙健等^[11]用 42 对 SSR 标记分析黑龙江省主栽品种，检测到等位基因数平均为 3.31 个。本试验中的 40 对多态性引物平均每个位点检测出等位基因数为 3.32 个，该结果与河南省粳稻资源^[9]、黄淮稻区^[10]和黑龙江省^[11]研究结果相似，但稍低于 46 个浙江省粳稻品种^[4]和新疆种质资源^[3]，可能与选取的 SSR 标记和试验材料不同有关。供试引物的 PIC 平均值为 0.2560，变幅范围为 0.0384~0.7333，RM336、RM583、RM567 和 RM209 等引物的 PIC 值较高，这些引物可以用于山东省育成品种的指纹图谱构建和种子纯度的鉴定。

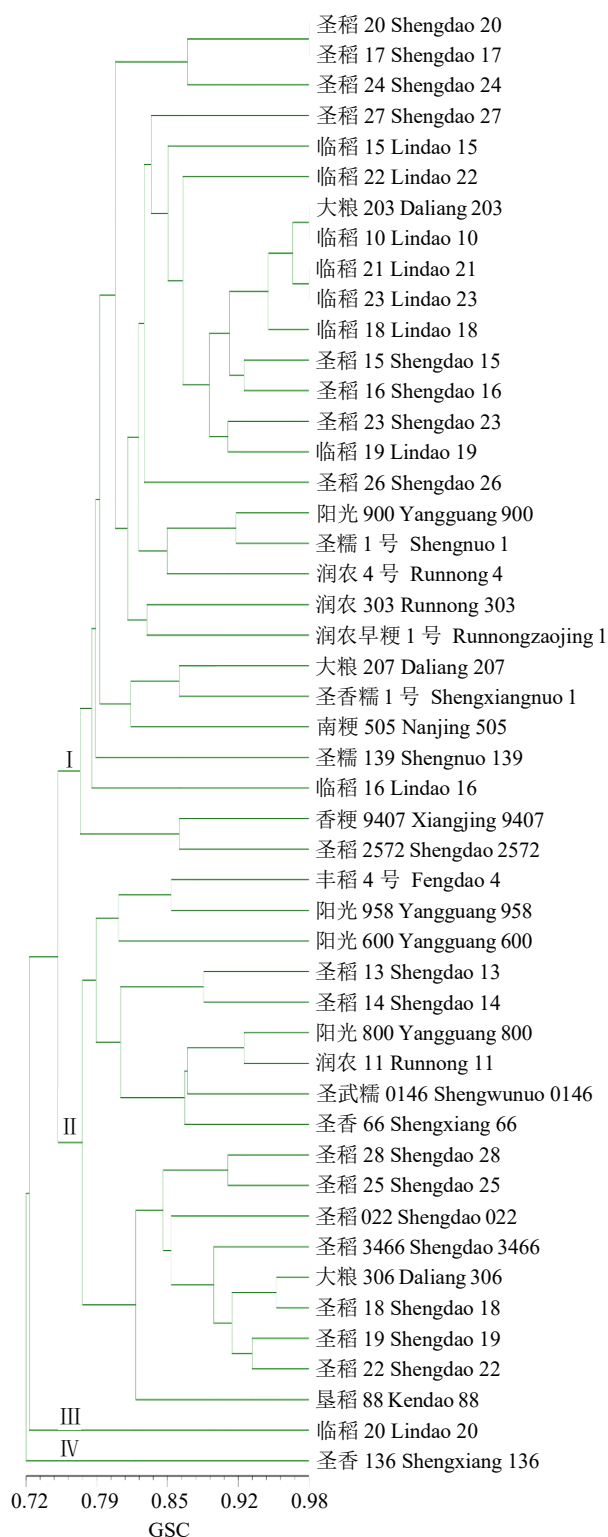


图 2 48 个水稻品种（系）的遗传相似性聚类图

Fig.2 Dendrogram of 48 rice varieties (lines) based on GSC

3.2 供试品种（系）亲缘关系

本研究供试品种（系）间的 GSC 变化范围在 0.6390~0.9850 之间，89.6%品种（系）的 GSC 在 0.7189~0.9859 之间，表明近年来山东省育成的水稻

品种（系）总体上遗传相似性高，多数品种（系）间遗传背景比较单一，大部分品种（系）间的遗传距离小。不仅是山东省，甚至是全国稻区都存在品种遗传基础不够广泛的现象。王胜军等^[12]比较分析了 1981~2002 年杂交水稻主要亲本，认为其遗传基础狭窄、背景单一；杨静等^[13]对黑龙江省育成的及日本引进的 54 个水稻品种进行遗传多样性分析，结果表明绝大多数供试品种的亲缘关系都很近；赵庆勇等^[2]、张燕红等^[3]、李小华等^[4]、李云海等^[14]、肖小余等^[15]和蒋晓英等^[16]也分别从 DNA 水平推断了我 国部分杂交稻或者常规稻品种的遗传背景比较单一，迄今已利用的遗传资源的遗传基础较狭窄。

根据树状聚类图，本研究选取的水稻品种（系）主要分为 2 大类，类群 I 包含圣稻 20、圣稻 17、圣稻 27、临稻 15、临稻 22 等 28 个品种（系），系谱分析表明，这 28 个品种（系）中大部分是以镇稻 88、临稻 10 号等为主要亲本直接或者衍生育成的品种（系），类群 II 包含圣稻 18、圣稻 19、圣稻 22、圣稻 25、圣稻 3466 等 18 个品种（系），其中除阳光 600 外全部为直穗型品种（系），系谱分析发现这一大类品种（系）是在圣稻 301、镇稻 88 等山东省原有主要种植品种（系）基础上为了改进遗传基础狭窄等问题，利用引进的直穗型“太湖粳”育成的一系列品种（系）^[17]，其中水稻品种阳光 600 组合为镇稻 88/旭梦，按系谱来看应该归为类群 I 中，可能在试验过程中取错种子或者叶片造成的。山东省水稻育种目前利用的资源主要来自江苏省、天津市等相邻生态区，东北粳稻和引进粳稻应用很少且效果不佳，这可能是山东省育成品种（系）遗传相似性高的主要原因。因此，在今后的育种工作中应注意利用遗传差异大的资源，如引进籼稻、国外水稻资源等，不断拓展遗传基础，进一步提高品种的产量、品质和抗性。

4 结论

48 个山东审定/育成水稻品种（系）的遗传相似系数在 0.6390~0.9859 之间，89.6%的品种（系）遗传相似系数在 0.7189~0.9859 之间，品种（系）的遗传多样性不够丰富，亲缘关系较近，在下一步的育种工作中，需进一步拓宽亲本选择范围，扩大遗传信息。

参考文献

- [1] 袁守江, 李广贤, 姜明松, 等. 山东主要水稻品种演变及系谱分析. 山东农业科学, 2008(4): 11-13.
- [2] 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. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2): 218-223.
- [3] 张燕红, 王奉斌, 布哈丽且木·阿不力孜, 等. 粳稻种质资源 SSR 指纹图谱构建及遗传多样性分析. 新疆农业科学, 2016, 53(11): 1961-1968.
- [4] 李小华, 叶胜海, 赵小燕, 等. 浙江省 46 个粳稻新品种 SSR 指纹图谱构建及遗传多样性分析. 浙江农业学报, 2014, 26(5): 1158-1163.
- [5] 刘丹, 王嘉宇, 刘进, 等. 黑龙江部分育成粳稻资源的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2019, 20(1): 60-68.
- [6] 韩迎春, 李俊周, 郭敏杰, 等. 河南粳稻品种 SSR 指纹图谱的构建及遗传差异分析. 农业生物技术学报, 2012, 20(12): 1378-1389.
- [7] 刘传光, 张桂权. 用 SSR 标记分析 1949-2005 年华南地区常规粳稻主栽品种遗传多样性及变化趋势. 作物学报, 2010, 36(11): 1843-1852.
- [8] Rohlf F J. NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, 1988.
- [9] 何宇涵, 刘李鑫哲, 炎会敏, 等. 河南粳稻新品系的遗传多样性分析. 分子植物育种, 2019, 17(11): 3746-3754.
- [10] 徐大勇, 钟环, 周峰, 等. 中粳稻品种资源的遗传多样性 II. 黄淮稻区近期育成品种的 SSR 多样性分析. 江苏农业学报, 2010, 26(1): 15-21.
- [11] 孙健, 王敬国, 刘化龙, 等. 黑龙江省主栽水稻品种的遗传多样性分析. 作物杂志, 2011(1): 63-67.
- [12] 王胜军, 陆作楣. 中国杂交粳稻遗传多样性演变及其分析. 江苏农业学报, 2006, 22(3): 192-198.
- [13] 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. 东北农业大学学报, 2008, 39(6): 1-10.
- [14] 李云海, 肖啥, 张春庆, 等. 用微卫星 DNA 标记检测中国主要杂交水稻亲本的遗传差异. 植物学报, 1999, 41(10): 1061-1066.
- [15] 肖小余, 王玉平, 张建勇, 等. 四川省主要杂交稻亲本的 SSR 多态性分析和指纹图谱的构建与应用. 中国水稻科学, 2006, 20(1): 1-7.
- [16] 蒋晓英, 王春萍, 林清, 等. 基于 SSR 标记的重庆市水稻区试新组合的遗传多样性研究. 中国农学通报, 2013, 29(18): 27-31.
- [17] 陈峰, 徐建第, 朱文银, 等. 圣稻系列水稻品种的育种实践与对策建议. 山东农业科学, 2020, 52(6): 17-21, 32.

Analysis of Genetic Diversity of Rice Varieties (Lines) in Shandong Province

Zhang Quanfang¹, Jiang Mingsong², Chen Feng², Zhu Wenying²,
Zhou Xuebiao², Yang Lianqun¹, Xu Jiandi²

(¹Institute of Crop Germplasm Resource, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, Shandong, China; ²Institute of Wetland Agriculture and Ecology, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, Shandong, China)

Abstract Genetic diversity of 48 rice varieties (lines) in Shandong were analyzed with 48 pairs of SSR primers published in the agricultural industry standard (NY/T 1433-2014) and fluorescent SSR-PCR technology was used in automatic DNA analyzer. The results indicated that a total of 40 pairs of SSR primers performed polymorphism and the polymorphism rate was 83.3%. One hundred and thirty-three alleles were detected with an average of 3.32, ranged from one to seven alleles per locus. The value of PIC ranged from 0.0384 to 0.7333 with an average of 0.2560 per SSR marker. The value of marker index (MI) ranged from 0.08 to 5.13, with an average of 0.93 per SSR marker. The genetic similarity coefficients (GSC) of 48 varieties (lines) ranged from 0.6390 to 0.9859, with an average of 0.7800, and GSCs of 89.6% tested materials ranged from 0.7189 to 0.9859 which showed they had closer genetic relationship. On the basis of GSCs, 48 varieties (lines) were divided into four groups at the threshold of 0.75 by UPGMA method. The results showed that the rice varieties (lines) in Shandong province had closer genetic relationship with each other and the genetic diversity was not enough. It was necessary to explore the genetic resources and enlarge the genetic background in order to increase the yield in current rice breeding.

Key words Rice; SSR markers; Genetic diversity; Cluster analysis