

文章编号: 1674-8085(2016)06-0100-07

# 基于 InDel 分子标记的 20 个水稻品种的 籼粳属性分析

孙惠敏, 夏 米, 陈清玲, 张凯歌, 司二杰, \*郑 卓

(井冈山大学生命科学学院, 江西, 吉安 343009)

**摘 要:** 水稻品种的籼粳属性分析是培育高产优质杂交水稻亲本选择的重要依据之一。本研究以 93-11 与日本晴分别为籼粳稻参考标准, 利用均匀分布于水稻基因组 12 条染色体并具有较高籼粳特异性的 37 对 InDel 分子标记, 对 20 份水稻育种材料进行 InDel 标记的籼粳属性分析。结果表明: 所选取的 20 份水稻材料中, 有 8 份为典型籼稻, 3 份为典型粳稻, 4 份为偏籼类型, 另有 5 份为偏粳类型。NTsys 聚类分析结果显示, 在遗传相似系数为 0.43 处, 20 份水稻材料被分为两大类群; 在遗传相似数为 0.70 处, 所有水稻材料则被分为 4 个类群。

**关键词:** 籼粳分化; InDel 标记; 水稻

中图分类号: S511.2/Q943

文献标识码: A

DOI:10.3969/j.issn.1674-8085.2016.06.021

## INDICA-JAPONICA COMPOSITION ANALYSIS OF 20 RICE VARIETIES BASE ON INDEL MOLECULAR MARKERS

SUN Hui-min, XIA Mi, CHEN Qing-ling, ZHANG Kai-ge, SI Er-jie, \* ZHENG Zhuo

(School of Life Sciences, Jinggangshan University, Ji'an, Jiangxi, 343009, China)

**Abstract** Rice indica-japonica composition analysis is one of the important basis for selecting parents to foster high quality hybrid rice varieties. In this study, 93-11 and Nipponbare were used as reference standards of indica and japonica rice, the 37 InDel molecular markers which evenly distributed on 12 chromosomes of rice genome with high indica japonica specificity were used in the indica-japonica composition analysis of 20 rice varieties. Results showed that in the selected 20 rice varieties, 8 varieties were typical indica, 3 varieties were typical japonica, 4 varieties were partial indica type, 5 varieties were partial japonica type. NTsys clustering analysis results showed that 20 rice varieties were divided into two groups in the 0.43 genetic similarity coefficient, and all rice materials were divided into four groups in the 0.70 genetic similarity coefficient.

**Key words:** indica-japonica differentiation; InDel markers; *Oryza sativa*

水稻原产于中国后来逐渐地传播到世界各地, 是世界主要粮食作物之一, 全球一半以上的人口以之为主食。提高水稻产量对于保障粮食安全和社会

稳定有举足轻重的作用<sup>[1-2]</sup>。我国是世界人口第一大国, 也是水稻生产和消费大国。水稻种植面积占我国粮食作物总种植面积的三分之一, 其产量占我国

收稿日期: 2016-07-06; 修改日期: 2016-10-18

基金项目: 中国博士后面上资助项目(2015M571987); 国家自然科学基金项目(31460340); 江西省科技厅科技支撑项目(2015ACF60011); 江西省博士后研究人员科研项目择优资助项目(2015KY24); 江西省教育厅科技落地计划项目(KJLD12033); 江西省科技厅科技支撑计划项目(20112BBF60008)

作者简介: 孙惠敏(1985-), 女, 河北唐山人, 在站博士后, 博士, 主要从事水稻分子标记开发与育种应用研究(E-mail:huiamin729@163.com);

夏 米(1997-), 女, 贵州威宁人, 井冈山大学生命科学学院生物科学专业 2014 级本科生(E-mail:1903942956@qq.com);

陈清玲(1999-), 女, 云南威信人, 井冈山大学生命科学学院生物科学专业 2014 级本科生(E-mail:705843901@qq.com);

司二杰(1995-), 男, 河南项城人, 井冈山大学生命科学学院生物科学专业 2014 级本科生(E-mail:1609388812qq.com);

张凯歌(1993-), 男, 河南漯河人, 井冈山大学生命科学学院生物科学专业 2014 级本科生(E-mail:zhkaige@163.com);

\*郑 卓(1973-), 男, 湖北竹溪人, 副教授, 博士, 主要从事水稻遗传育种研究(E-mail:zhengzhuodai@126.com).

粮食作物总产量40%以上,因此,水稻具有其他粮食作物所不可替代的地位<sup>[3-4]</sup>。在长时间的栽培驯化的发展过程中,水稻形成了丰富的遗传多样性和显著的遗传分化,产生了适应于热带和亚热带低纬度地区种植的生态型的籼稻和适应于高纬度和高海拔冷环境种植的生态型的粳稻,它们在形态特征、农艺性状和生理生化特性等方面存在很明显的差异。籼稻一般植株高茎秆较软,叶片宽,色泽淡绿,谷粒细长而稍偏平且易脱落,较耐湿、耐热和耐强光,但不耐寒;粳稻茎秆矮,叶较宽,深绿色,出米粒高,米粒短而粗,籽粒强度高耐压性较好,加工时不易产生碎米<sup>[5]</sup>。大量研究表明,籼粳亚种间有着较远的遗传关系,两者之间互相杂交的杂种后代比品种内杂种具有更为强大的优势,如果能够成功地利用其亚种间的杂种优势,预计理论产量可以超过现有的高产品种30%~50%<sup>[6-7]</sup>,因此,利用籼粳亚种间的杂种优势一直是杂交水稻育种家们研究的战略重点<sup>[8-9]</sup>。然而,在实际的育种工作中,亲缘关系太远的籼稻和粳稻杂交容易产生不育或育性较低的后代,因而成为了限制籼、粳稻杂种优势利用的瓶颈,所以,准确高效的鉴定出水稻材料的籼粳属性对于开展水稻籼粳亚种间杂种优势利用有着重要意义<sup>[10-11]</sup>。本研究采用InDel标记对20份水稻育种中间材料进行籼、粳属性分析,为种质资源的有效利用提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

供试水稻育种中间材料由浙江大学作物研究

所提供,分别为:钱优1号、钱优2号、内5优8015、Y两优689、中浙优1号、中浙优8号、中浙优10号、两优培九、钱优930、钱江3号A、浙恢930、甬优9号、甬优15号、甬优17、甬优538、春优618、浙优18、秀水09、浙粳22、嘉优2号。籼稻标准样9311和粳稻标准样日本晴由中国水稻研究所提供。

### 1.2 基因组DNA提取

播种后待幼苗发育至三叶一心的时候,每份材料随机的选取10株叶片,采用CTAB法分别提取各单株基因组DNA,具体操作步骤参照Song等<sup>[12]</sup>的描述进行提取。

### 1.3 PCR扩增与电泳

参考Shen等<sup>[13]</sup>开发的标记,选择均匀分布于12条染色体且具有较高籼粳特异性的37对InDel引物,由上海桑尼生物科技有限公司合成,各InDel标记在水稻染色体上的具体位置,InDel引物的核苷酸序列见表1。

每份材料取1个单株基因组DNA进行PCR扩增。PCR扩增体系参考丁晓华等<sup>[14]</sup>的方法,选择15 μL反应体系,其中含1.5 μL 10×buffer (Mg<sup>2+</sup>)、0.3 μL 1U Taq Enzyme、0.3 μL 10Mm dNTP、0.19 μL 5 μM Primer 5'、0.19 μL 5 μM Primer 3'、0.3 μL模板DNA、余量为ddH<sub>2</sub>O。PCR扩增程序:预变性94℃5 min;变性94℃30 s,退火55℃(可根据不同的引物进行调节)30 s,延伸72℃30 s,35个循环;72℃延伸10 min,保存于4℃冰箱备用。PCR产物经过8%非变性聚丙烯酰胺凝胶(PAGE)进行电泳分离,电泳缓冲液为1×TBE,250 V,150 A,电泳时间1 h。电泳完毕硝酸银染色后作带型分析。

表1 本研究采用的Indel Marker 引物序列信息

Table 1 The Indel Marker primers sequence information in this research

| 染色体 | 标记名   | 物理位置(kb) | 正向引物序列(5'—3')          | 反向引物序列(5'—3')            | 9311与日本晴片段差异(bp) |
|-----|-------|----------|------------------------|--------------------------|------------------|
| 1   | R1M7  | 10,609   | CGCCTCACTAGAATATCGGA   | ATTCTGGTTCTACATTACTTA    | 37               |
| 1   | R1M30 | 24,760   | TGTTTACTTTGTTCTTGGACTG | AAGGGGCCCTAATTTATCTA     | 49               |
| 1   | R1M47 | 36,799   | GCCCGTTACCGCTTATGT     | AATAGAATTACTGATGAAACCTTA | 51               |
| 2   | R2M10 | 6,437    | GAATGTATTTCAGTTCAGTAAG | CCCAGTCTGCTGCCATCT       | 48               |
| 2   | R2M24 | 11,339   | AGGGAATAAGGCGATACGG    | GGGCAACAACGGCTCTG        | 31               |
| 2   | R2M50 | 30,393   | GTTTGTATGCTCTTCACTTGTC | CCTGAAGGAAATGATAGCAATAG  | 42               |
| 2   | R2M37 | 23,920   | ACGTGCACCTACTACAGAAA   | ACTGTTACCCAAACGCTA       | 65               |

续表 1 本研究采用的 Indel Marker 引物序列信息  
Table 1 The Indel Marker primers sequence information in this research

| 染色体 | 标记名    | 物理位置 (kb) | 正向引物序列 (5'—3')         | 反向引物序列 (5'—3')           | 9311 与日本晴<br>片段差异 (bp) |
|-----|--------|-----------|------------------------|--------------------------|------------------------|
| 3   | R3M10  | 6,097     | CTGCCATAGTTACTGCTCTGTT | CCGAGTACCATTGCTTTC       | 37                     |
| 3   | R3M23  | 15,685    | GGAGGTGCCTACCAAGAG     | TGCTTACAAGGGTCCAAT       | 36                     |
| 3   | R3M30  | 19,762    | CTCCGTATTACTACTGGTTG   | AGGCTAAGTGAAGAAATAAAG    | 24                     |
| 4   | R4M13  | 8,150     | ATGATTTAACCGTAGATTGG   | TACACGGTAGACATCCAACA     | 32                     |
| 4   | R4M17  | 11,652    | GTCAGATAAATTGATGGATGTA | AGTGCTCGTTTTGTTTTTC      | 51                     |
| 4   | R4M43  | 24,432    | CGATGAAAATGATGTCTA     | CTTGAACCTGAGTGAGTGG      | 34                     |
| 4   | R4M30  | 18,220    | AAAATAGGGAGGCAGATAGAC  | GCTTCTCTGGTTGTATGC       | 40                     |
| 5   | R5M13  | 5,993     | AGTATCGTCAGGAGGGTC     | GAGAAAGAGTGAAGGAG        | 32                     |
| 5   | R5M30  | 21,467    | CGCTCCGTCTCCAACCTC     | CTCAATTCACCCATCCC        | 46                     |
| 5   | R5M43  | 25,960    | ATGACTTCCACCGTAT       | AGCGTGACTTGAGTTCCA       | 31                     |
| 6   | R6M14  | 7,483     | CATGTGTGGAATGTGGTTG    | AAATGTCCATGTGTTTGCTTC    | 34                     |
| 6   | R6M44  | 25,839    | TTACCGTTAATAGGTGGAA    | TTAGGAATAAAGGCTGGATA     | 34                     |
| 7   | R7M7   | 6,717     | AACTTGGTCTCTGTTTTATTG  | ACCTTCCCTCCCTTTTGTAT     | 67                     |
| 7   | R7M37  | 23,618    | ACGTTGAGACAGGCGAGG     | CAGCCTAAATCTAAATACCC     | 36                     |
| 7   | R7M20  | 11,680    | TTTATGACATTTTGACCG     | GTTTTGTGCATTCCTTTAC      | 66                     |
| 8   | R8M23  | 13,496    | GTTTAGTTCCTCTGCTTT     | CCTATTCCTCTACCGACAT      | 36                     |
| 8   | R8M33  | 20,794    | CGAAAACGAGAAACAAATA    | CGAAAGAGGAGAGGGGTAGT     | 38                     |
| 8   | R8M46  | 28,138    | GCATAAGATGGCGAGTGA     | CAGCAGAGTCCAGAGAAGAT     | 30                     |
| 9   | R9M42  | 19,239    | GAAAACCATGTGTCAGTGA    | CTATAAGACCAAAACGAAAAC    | 48                     |
| 9   | R9M30  | 14,940    | CCACCCAAATCTGATACTG    | CTCACCTACCTAAAACCCAAC    | 32                     |
| 10  | R10M17 | 9,089     | CCCTTTATCCCTCCTTG      | TGAACAATAAACCACAGAAGCA   | 31                     |
| 10  | R10M30 | 17,038    | ACCCATAATACTACCAATCAAC | CCCTAAAAATAGAGCAACCT     | 19                     |
| 10  | R10M40 | 19,398    | GCGAATAGGGGTGGACAG     | GTCCCTAGGCCATCTCTTG      | 33                     |
| 11  | R11M23 | 19,674    | TCGCAGGAATGGATAAAA     | AAGGTTGACAAGGACAGAAG     | 42                     |
| 11  | R11M40 | 24,377    | GGAGGACCATAAATGACGG    | AAGAAAAATATCTATTGAGGAGTG | 41                     |
| 11  | R11M17 | 14,370    | CGATCAGCAGCAACAGGT     | TGAGACGTTGGGAGCAT        | 52                     |
| 12  | R12M10 | 4,203     | AGCTTAATAGGGGGGACG     | ATCATTTAGCCTGTGCC        | 47                     |
| 12  | R12M27 | 17,370    | GTAATCTTCTATCCGTTCA    | ATTTTCATTGCCATCAGTT      | 33                     |
| 12  | R12M33 | 20,080    | AGATAGTGTGCGGCGGTGG    | TTGATGATAGTATTGCTGATG    | 42                     |
| 12  | R12M43 | 26,053    | CCCAAGAACAGGATTACA     | CCGCCGAGAAGAAACAAAG      | 30                     |

#### 1.4 数据处理

根据 Anderson 等<sup>[15]</sup>的方法计算多态信息含量 (PIC) 的值。

参考杨慧等<sup>[16]</sup>的方法进行等位基因频率分析, 具体步骤是: 以籼稻 93-11 和粳稻日本晴为标准对照, 对不同品种水稻的扩增条带进行读取。把与 93-11 扩增条带相同的作为籼稻特异性条带, 标记

为  $ii$  基因型; 把与日本晴扩增条带相同的为粳稻特异性条带, 标记为  $jj$  基因型; 如果与 93-11 和日本晴扩增条带均相同的为籼-粳杂合条带, 就标记为  $ij$  基因型。

用下列公式计算出每个样本籼型等位基因频率  $F_i$  和粳型等位基因  $F_j$  频率。

$$F_i = \left[ 2 \sum_1^N X_{ii} + \sum_1^N X_{ij} \right] / 2N \quad (1)$$

$$F_j = \left[ 2 \sum_1^N X_{ij} + \sum_1^N X_{ij} \right] / 2N \quad (2)$$

公式式中,  $X_{ii}$ 、 $X_{jj}$  和  $X_{ij}$  分别表示某一位点的纯合粳型基因型、纯合籼型基因型和粳-籼杂合基因型,  $N$  为位点数。根据被检测糯稻样品在多个位点上的粳型或籼型等位基因频率来确定被检测样品的粳籼性(表 2)。

表 2 按照籼型 (Fi) 或粳型(Fj)基因频率鉴定粳籼属性的 InDel 分类标准

Table 2 The InDel classification standards based on Indica gene frequencies or Japonica gene frequencies

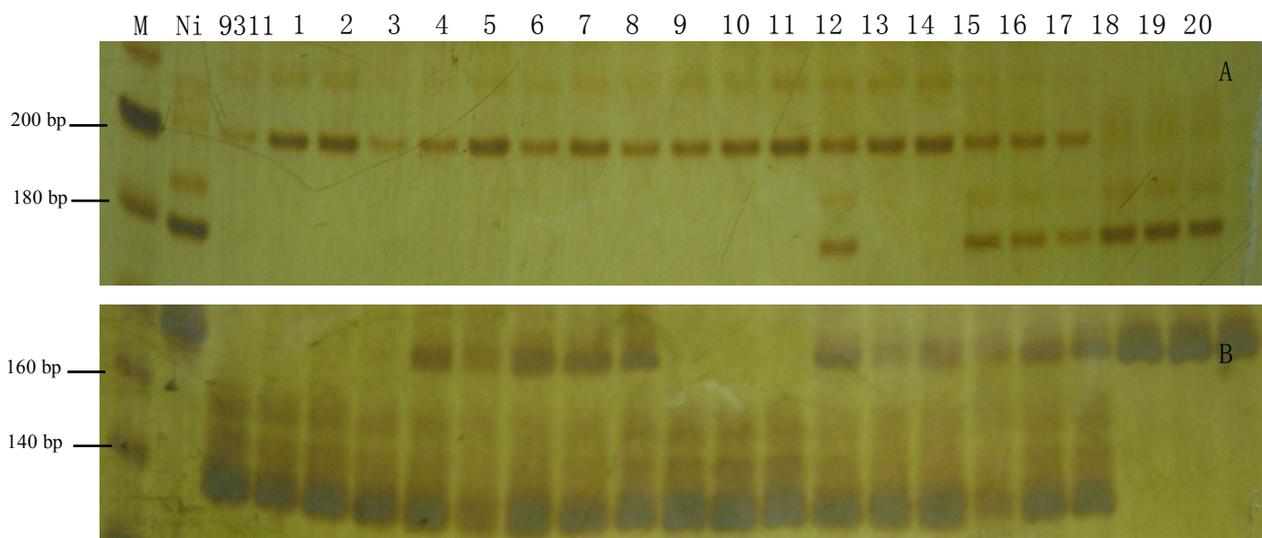
| 籼型的等位基因频率 (Fi) | 粳型的等位基因频率 (Fj) | 鉴定的栽培稻类型                    |
|----------------|----------------|-----------------------------|
| > 0.75         | < 0.25         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 0.50-0.75      | 0.25-0.50      | 偏籼 <i>Partial Indica</i>    |
| 0.25-0.50      | 0.50-0.75      | 偏粳稻 <i>Partial Japonica</i> |
| < 0.25         | > 0.75         | 粳稻 <i>Japonica</i>          |

按 UPGMA 法<sup>[18]</sup>进行聚类, 具体方法是: 以每对引物作为一个位点, 视每一扩增条带为一个等位基因, 有此带记为 1, 没有的记为 0。采用质量性状聚类分析软件 NTsys2.10<sup>[17]</sup>进行分析, 运行“Qualitative”子程序, 选 Dice 方法计算粳、籼相似系数。

## 2 结果与分析

### 2.1 InDel 标记多态性分析结果

用 37 对 InDel 引物对 20 份材料进行 PCR 扩增, 每对引物均获得了扩增产物, 每对引物均检测到了 2 条特异条带, 即籼稻特异条带 (*ii*) 和粳稻特异条带 (*jj*), 通过全基因组 DNA 序列对比获得的 37 个 InDel 位点的差异真实存在于水稻 9311、日本晴以及其它待检测水稻育种材料中(图 1)。表明 InDel 标记具有很好的标记多态性。



A: R3M30; B: R7M37; Ni: 日本晴; 1-20: 待检测的 20 份水稻育种材料, 分别为: 钱优 1 号、钱优 2 号、内 5 优 8015、Y 两优 689、中浙优 1 号、中浙优 8 号、中浙优 10 号、两优培九、钱优 930、钱江 3 号 A、浙恢 930、甬优 9 号、甬优 15 号、甬优 17、甬优 538、春优 618、浙优 18、秀水 09、浙粳 22、嘉优 2 号

图 1 InDel 分子标记 R3M30 和 R7M37 在 20 份水稻材料中的 PCR 扩增  
Fig.1 The PCR amplification of molecular markers R3M30 and R7M37 in 20 rice materials

### 2.2 多态信息含量指数 (PIC) 分析结果

多态信息含量指数 (PIC) 是用来衡量某个基因位点等位变异程度的高低的的标准。本试验中所用标记的 PIC 均值为 0.79, 其中标记 RM12M10 的 PIC 最小为 0.70, R10M40 的 PIC 最大为 0.93。说明所

选标记均为高度多态位点, 可作为粳、籼稻的鉴定。

### 2.3 粳籼鉴定结果

从表 3 中可以看出, 20 份育种材料中, 籼型等位基因频率  $F_i > 0.75$  的典型籼稻品种有钱优 1 号、钱优 2 号、内 5 优 8015、Y 两优 689、中浙优

1号、中浙优10号、两优培九、钱江3号A; 籼型等位基因频率  $0.50 < F_i < 0.75$ , 粳型等位基因频率  $0.25 < F_j < 0.5$  的偏籼品种有中浙优8号、钱优930、浙恢930、甬优15号; 籼型等位基因频率  $0.25 < F_i < 0.50$ ,

粳型等位基因频率  $0.50 < F_j < 0.75$  的偏粳品种有甬优9号、甬优17、甬优538、春优618、浙优18; 其余三个品种秀水09、浙粳22、嘉优2号粳频率  $F_j > 0.75$  为典型粳稻。

表3 籼粳等位基因分析  
Table 3 Indica-japonica alleles analysis

| 供试材料    | 籼频率 ( $F_i$ ) | 粳频率 ( $F_j$ ) | 分类                          |
|---------|---------------|---------------|-----------------------------|
| 钱优1号    | 0.821         | 0.179         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 钱优2号    | 0.854         | 0.146         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 内5优8015 | 0.846         | 0.154         | 籼 <i>Indica</i>             |
| Y两优689  | 0.821         | 0.179         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 中浙优1号   | 0.786         | 0.214         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 中浙优8号   | 0.746         | 0.254         | 偏籼 <i>Partial Indica</i>    |
| 中浙优10号  | 0.779         | 0.221         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 两优培九    | 0.783         | 0.217         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 钱优930   | 0.743         | 0.257         | 偏籼 <i>Partial Indica</i>    |
| 钱江3号A   | 0.813         | 0.187         | 籼 <i>Indica</i>             |
| 浙恢930   | 0.634         | 0.366         | 偏籼 <i>Partial Indica</i>    |
| 甬优9号    | 0.471         | 0.529         | 偏粳稻 <i>Partial Japonica</i> |
| 甬优15号   | 0.515         | 0.485         | 偏籼 <i>Partial Indica</i>    |
| 甬优17    | 0.478         | 0.522         | 偏粳稻 <i>Partial Japonica</i> |
| 甬优538   | 0.371         | 0.629         | 偏粳稻 <i>Partial Japonica</i> |
| 春优618   | 0.292         | 0.708         | 偏粳稻 <i>Partial Japonica</i> |
| 浙优18    | 0.429         | 0.571         | 偏粳稻 <i>Partial Japonica</i> |
| 秀水09    | 0.095         | 0.905         | 粳稻 <i>Japonica</i>          |
| 浙粳22    | 0.061         | 0.939         | 粳稻 <i>Japonica</i>          |
| 嘉优2号    | 0.122         | 0.878         | 粳稻 <i>Japonica</i>          |

#### 2.4 聚类分析结果

根据37对InDel引物扩增条带的数据库存, 得到各研究材料的遗传相似系数, 利用UPGMA法对其进行遗传相似性聚类(图2)。由图分析可知, 在遗传相似系数为0.43处, 20份研究材料可以被分为I、II两大主群, I主群为籼稻区, II主群为粳稻区; 在遗传相似数为0.70处, 所有研究材料被分为

4个亚群, 即属于I主群(籼稻区)的i、ii和II主群的(粳稻区)的iii、iv。i亚群包括钱优一号、钱优二号、内5优8015、Y两优689、中浙优1号、中浙优10号、两优培九、钱江3号A; ii亚群的有中浙优8号、钱优930、浙恢930、甬优15号; iii亚群的有甬优9号、甬优17号、甬优538、春优618、浙优18; iv亚群有秀水09、浙粳22、嘉优2号。

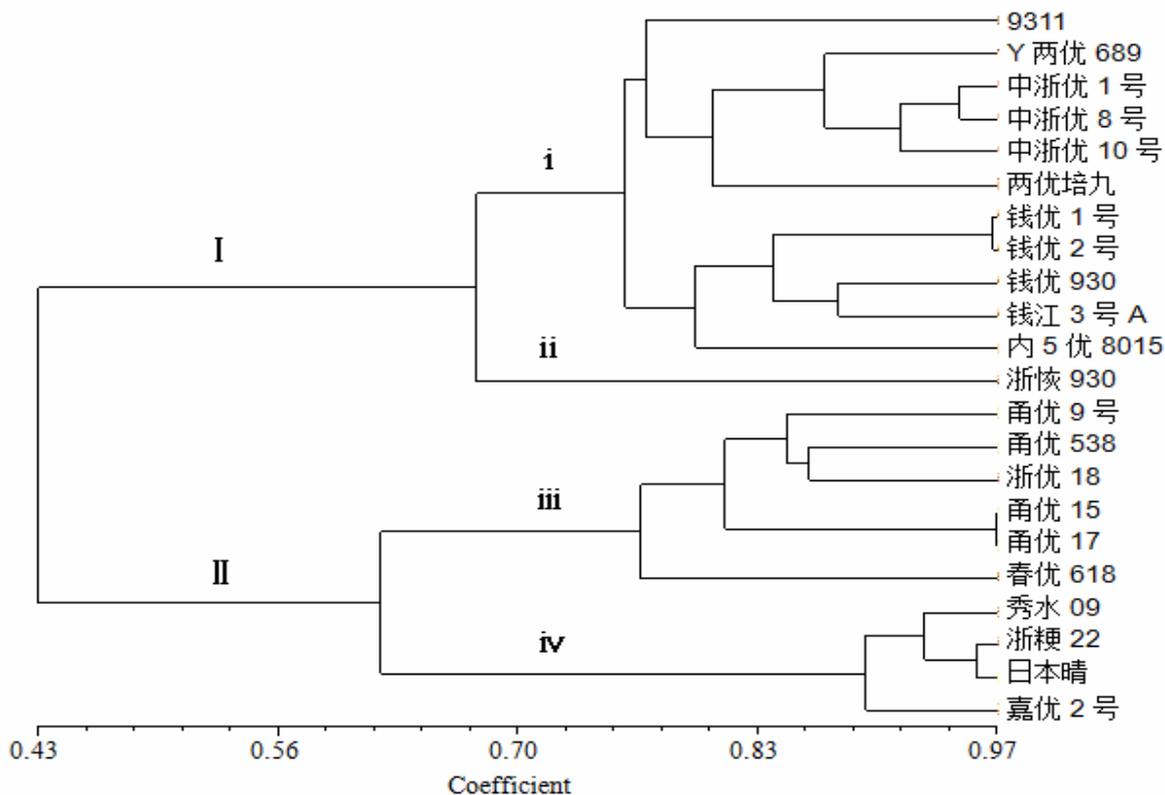


图2 基于 InDel 遗传相似系数 20 份研究材料的聚类分析

Fig.2 The clustering analysis 20 rice materials based on genetic similarity coefficient of InDel markers

## 4 讨论

程式指数法是农业生产上用于籼粳品种的主要方法,该方法以穗节长、籽粒长宽比、抽穗壳色等性状指标判断水稻的籼粳属性<sup>[19]</sup>,而且水稻的籼粳分化是一个非常缓慢的进化过程,在许多地方水稻品种中存在着典型的籼稻或典型的粳稻,但同时也存在着籼、粳分化不明显的中间类型,对于这些类型很难用程式指数法准确高效的鉴定出籼稻和粳稻品种,所以更难用这种传统的方法来研究水稻的籼粳分化程度。随着分子生物学技术的迅速发展,DNA 分子标记称为鉴定籼稻和粳稻,研究水稻的遗传分化的有利工具<sup>[20-21]</sup>。SSR 分子标记是应用最广的 DNA 分子标记,陈晓军等人<sup>[22]</sup>利用 SSR 分子标记技术对宁粳 28 籼粳属性分析得出宁粳 28 为典型的粳稻,并且精确得出宁粳 28 中籼粳属性只占被调用位点的 9.56%。陈芬<sup>[23]</sup>等,陈雨<sup>[24]</sup>等,崔莹莹<sup>[25]</sup>等人利用 SSR 标记技术分别对粤北普通野生稻、海南普通野生稻籼粳分化进行分析,研究结果表明 SSR 标记能有效的区分籼粳亚种。SSR 标

记具有遗传方式简单,共显性、多态性好等特点。同时,因为 SSR 技术在品种间也缺乏通用的特异性标记,所以不是针对栽培稻的籼-粳差异特意开发的,对区分籼粳属性的特异性较弱。随着水稻基因组测序的完成,Shen 等<sup>[13]</sup>根据水稻籼粳亚种特性开发和设计出一系列 InDel 标记,以日本晴和 9311 为典型的粳稻和籼稻,二者基因组序列上的 InDel 片段差异更能真实的反映籼稻和粳稻两种生态型基因组序列的差异,利用 InDel 标记将大大提高水稻籼粳属性鉴定的精确性和可信度<sup>[26-28]</sup>。本研究选用均匀分布在水稻基因组 12 条染色体上的 InDel 标记进行水稻材料的籼粳分析,实验结果具有较高的可信度,对育种工作具有重要的参考价值。

籼、粳稻为亚洲栽培稻的两个亚种,其亚种间杂种 $F_1$ 代具有很强的杂种优势,研究水稻品种的籼粳分化,通过利用不同籼型或粳型基因频率选配籼稻和粳稻的亲本组合,能够改善籼稻和粳稻亚种间杂交亲和性及杂种结实率状况<sup>[29-30]</sup>。对水稻材料进行聚类分析,通过了解种质资源的遗传多样性,根据品种间的遗传距离选择优势杂交组合,可提高育

种工作的效率。本研究通过利用InDel分子标记对20个水稻育种中间材料的籼粳属性进行了分析,结果显示所选取的20个水稻育种中间材料存在籼型、粳型、偏籼型、偏粳型4种表现类型,研究结果将为杂交水稻育种实践中亲本材料的选择提供重要参考依据。

#### 参考文献:

- [1] 程式华. 中国超级稻育种研究的创新与发展[J]. 沈阳农业大学学报, 2007, 38(5): 647-651.
- [2] 王智权,刘喜,江铃,等. 控制水稻穗形相关性状的 QTL 定位[J]. 江苏农业学报, 2011, 27(1): 5-12.
- [3] 郑卓,孙惠敏,王安萍,等. 小粒野生稻型细胞质雄性不育系的创建及其恢保关系鉴定[J]. 井冈山大学学报:自然科学版, 2015, 36(4): 101-106.
- [4] 李任华,徐才国,何予卿,等. 水稻亲本遗传分化程度与籼粳杂种优势的关系[J]. 作物学报, 1998, 24(5): 564-576.
- [5] 王晓玲,周治宝,余传元,等. 籼粳稻米食味品质差异的相关研究[J]. 江西农业大学学报, 2011, 33(4): 643-649.
- [6] 王友林,张礼霞,勾晓霞,等. 利用 InDel 标记鉴定水稻育种材料的籼粳属性[J]. 核农学报, 2013, 27(7): 913-921.
- [7] 曾研华,张玉屏,王亚梁,等. 籼粳杂交稻枝梗和颖花形成的播期效应[J]. 中国农业科学, 2015, 48(7): 1300-1310.
- [8] 陆徐忠,从夕汉,刘海珍,等. 杂交水稻亲本分子身份证及杂种指纹数据库的建立[J]. 核农学报, 2012, 26(6): 853-861.
- [9] 郑卓,张蓓玲,段世华,等. 水稻新资源温敏核不育系长 S 的遗传学研究[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(6): 979-983.
- [10] 罗小金,贺浩华,彭小松,等. 利用 SSR 标记分析水稻亲本间遗传距离与杂种优势的关系[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(2): 209-214.
- [11] 吴明国,林建荣,宋昕蔚,等. 籼粳亚种间高产杂交水稻新组合春优 658[J]. 杂交水稻, 2009, 24(5): 84-85.
- [12] Song Z P, Xu X, Wang B, et al. Genetic diversity in the northern most *Oryza rufipogon* populations estimated by SSR markers[J]. Theoretical and applied genetics, 2003, 107(1): 1492-1499.
- [13] Shen Y J, Jiang H, Jin J P, et al. Development of genome-wide DNA polymorphism database for map-based cloning of rice genes[J]. Plant Physiology, 2004, 135(1): 1198-1205.
- [14] 丁晓华,陈跃进,杨长寿,等. 水稻粳型亲籼系粳型性的辨别[J]. 中国水稻科学, 2003, 17(1): 21-24.
- [15] Anderson J A, Churchill C A, Sutriquet J E, et al. Optimizing parental selection for genetic linkage maps[J]. Genome, 1993, 36(1): 181-186.
- [16] 杨慧,王云月,陆春明,等. 云南糯稻籼粳分化与遗传变异研究[J]. 西北植物学报, 2010, 30(8): 1565-1572.
- [17] 马红勃,许旭明,韦新宇,等. 基于 SSR 标记的福建省若干水稻品种 DNA 指纹图谱构建及遗传多样性分析[J]. 福建农业学报, 2010, 25(1): 33-38.
- [18] 白雪. 聚类分析中的相似性度量及其应用研究[D]. 北京:北京交通大学, 2012.
- [19] 吴明国,林建荣,宋昕蔚,等. 籼粳亚种间超高产杂交水稻新组合春优 58 的选育[J]. 杂交水稻, 2007, 22(5): 17-19.
- [20] 李亚莉,杨晓曦,赵丰萍,等. 云南元江普通野生稻 (*Oryzarufipogon*) 群体籼粳分化的 SSR 分析[J]. 中国水稻科学, 2006, 20(2): 137-140.
- [21] Temnykh S, Park WD, Ayres N, et al. Mapping and genome organization of microsatellite sequence in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theoretical and applied genetics, 2000, 100(1): 697-712.
- [22] 陈晓军,李琦,王敬东,等. 基于 SSR 分子标记的宁粳 28 成分分析[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(8): 4433-4435.
- [23] 陈芬,陈雨,曲延英,等. 粤北普通野生稻籼粳分化的 SSR 分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2009, 28(1): 51-56.
- [24] 陈雨,杨庆文,潘大建,等. 用 SSR 标记初步分析高州普通野生稻的籼粳分化[J]. 分子植物育种, 2008, 6(2): 263-267.
- [25] 崔莹莹,郭安平,王晓玲,等. 海南普通野生稻籼粳分化的 SSR 分析[J]. 江苏农业科学, 2009, 66(4): 56-58.
- [26] 蔡星星,刘晶,仇吟秋,等. 籼稻 9311 和粳稻日本晴 DNA 插入缺失差异片段揭示的水稻籼-粳分化[J]. 复旦学报:自然科学版, 2006, 45(3): 309-315.
- [27] 赵伟,夏寒冰,章淑杰,等. 籼-粳稻特异插入缺失分子标记揭示的稻属植物遗传分化[J]. 复旦学报:自然科学版, 2008, 47(3): 309-315.
- [28] 王明军,王云月,陆春明. 利用籼粳稻特异 InDel 标记分析云南糯稻品种的籼粳特性[J]. 云南农业大学学报, 2010, 25(3): 333-337.
- [29] 杨慧,陆春明,贾亦飞,等. 云南糯稻遗传多样性的 SSR 分析[J]. 分子植物育种[J]. 2008, 6(6): 1068-1074.
- [30] 倪先林,张涛,蒋开锋,等. SSR 分子标记与水稻杂种优势的相关性研究[J]. 安徽农业科学, 2009, 37(23): 10913-10916.