

太湖地区水稻地方品种品质性状多样性研究进展

敖雁¹ 吴启^{2*} 薛萍¹ 朱志强¹ 陆豪杰¹

(¹ 苏州健雄职业技术学院, 江苏 苏州 215411; ² 中国科学院南京土壤研究所, 南京 210008; 第一作者: 350685056@qq.com;

* 通讯作者: 1621632569@qq.com)

摘要:太湖地区种稻历史悠久, 积累了丰富的水稻地方品种资源, 水稻地方品种的遗传多样性研究可为优质资源的保护利用以及选育新品种提供一些参考。本文从遗传多样性的概念、研究方法、太湖地区水稻地方品种品质性状多样性研究进展等方面进行了综述, 总结了太湖流域水稻地方品种资源的相关利用价值。

关键词:太湖稻区; 地方品种; 品质; 遗传多样性

中图分类号:S511 **文献标识码:**A **文章编号:**1006-8082(2016)05-0027-04

世界上近一半的人口以稻米为食, 我国的南方尤其是太湖流域更是以稻米为主食。随着生活水平的提高, 人们对稻米品质也提出了更高的要求, 研究水稻品质性状的遗传机制, 将有利于水稻品质的改善和现代农业的发展^[1]。目前已经明确, 淀粉合成酶基因(*Wx*)、可溶性淀粉合成酶基因(*Sss1*)、异淀粉酶基因(*Isa*)、分支酶基因(*Sbe1*、*Sbe3*)和极限糊精酶或 R 酶基因(*Pull*)等与水稻品质有关^[2]。然而, 近几十年来水稻的遗传基础变得越来越狭窄^[3]。因此, 研究水稻尤其是地方品种资源品质性状的遗传多样性, 对于保护和拓宽水稻的遗传背景具有重要意义。

据史料记载, 太湖流域早在 8 000 年前就已开始稻作生产^[4], 长时间的自然选择和人工筛选使该地区积累了丰富的水稻遗传资源。本文以太湖地区水稻地方品种资源为研究对象, 对其品质性状遗传多样性的研究进展进行了综述, 以为今后太湖地区水稻品质研究和资源保护提供依据。

1 遗传多样性的研究方法

广义的遗传多样性是指地球上所有生物所携带的遗传信息的总和, 包括不同物种间以及物种内的遗传变异。狭义的遗传多样性主要指生物种内不同群体或同一群体内不同个体的遗传变异的总和。种内遗传多样性越丰富, 其物种进化的潜力越大, 对环境变化的适应能力也越大^[5]。

随着分子生物学和生物化学等研究技术的发展, 研究生物遗传多样性的方法已经从最初的形态学水平, 经历了细胞水平(也称为染色体水平)、生理生化水平后, 逐步发展到当今的分子水平。为了探讨水稻种质资源的遗传多样性特征, 前人曾利用 SRAP^[6]、AFLP^[7]、

RFLP^[8]、RAPD^[9]、SSR^[10]、SNPs^[11]和同功酶^[12]等标记, 从多态位点比率、等位基因的有效数目、平均期望杂合度、各个座位的多态信息量(Polymorphism information content, PIC)、品种(系)之间的遗传相似系数(Genetic Similarity, GS)、Shannon 信息指数等方面进行多样性研究。近年来, 随着杂交育种和种间基因漂流的频繁发生, 育成水稻品种的遗传多态性显著降低。因此, 探索大规模、高通量的水稻遗传多样性的研究方法、深入了解水稻遗传多样性形成机制和濒危机制, 对于未来水稻的研究方向具有重要指导作用^[13]。

针对水稻的遗传多样性研究, 分子生物学家研发出一系列的计算机评估软件, 更先进功能更强大的软件也在研发当中, 其中, 应用比较广泛的有 POPGENE、STRUCTURES、NTSYSpc、PowerMarker、GenAlEx 等软件, 这些软件的可计算的一些遗传学参数见表 1。

2 太湖地区水稻地方品种品质性状的多样性研究

太湖地区稻作历史悠久, 因受太湖小气候影响, 地理生态条件独特, 加上水资源丰富, 所以该地区存在着一系列的水生条件下的稻作与较好的植物多样性^[14]。经过长期的自然选择和人工选择, 形成了丰富的地方稻种资源, 蕴藏着许多优质、高产和高光效种质资源。其中, 粳稻地方品种具有丰富的多态性, 可为今后选育优质粳稻品种提供更多的形态基础^[15]。自 20 世纪 50、

收稿日期: 2016-05-17

基金项目:国家自然科学基金(30800603); 太仓市科技计划项目(TC2014YY03); 健雄职业技术学院科技创新团队建设(2013CX02)

表 1 利用分子标记衡量遗传多样性的常用统计学软件

常用软件	遗传学参数
POPGENE	基因频率、基因型频率、多态性位点百分率、等位基因数、等位基因有效数、平均期望杂合度、基因多样性、多态信息含量、Shannon's 指数、固定系数、F 检验、同质化检验、基因流、Nei's 遗传距离、构建树形图、多位点连锁平衡的检验、中性检验、Hardy-Weinberg 平衡检验等
NTSYS	等位基因数、有效等位基因数、等位基因频率、多态信息含量、多态性位点百分率、遗传距离、基因多样性指数、遗传相似系数、多态信息含量、遗传聚类图、主成分分析等
PowerMaker	等位基因频率、基因多样性指数、平均期望杂合度、多态信息含量、基因型频率、单倍型频率、Hardy-Weinberg 平衡检验、连锁不平衡距离、多位点连锁平衡检验、Nei's 遗传距离、构建 UPGMA 树和 NJ 树等
GenAlex	等位基因数、等位基因频率、平均期望杂合度、F 统计检验、Nei's 遗传距离和地理距离的同一性检验以及偏性分布的检验、AMOVA 分析、相关性 PCA 分析、Mantel 检验、群体间的分子变异度、群体结构统计、基于双等位基因的连锁不平衡检验 (LD)等
STRUCTURES	聚类分析、遗传群体结构分析、等位基因频率、等位基因频率变异度分析、等位基因数、基因型频率、Hardy-Weinberg 平衡检验、连锁遗传平衡检验、多态信息含量、基因流、Nei's 遗传距离等

60 年代以来,矮宁黄、老来青和乌嘴糯等太湖地方品种通过单系选择和人工育种利用,已经成为我国粳稻资源的重要亲本。近年来,为了充分挖掘和利用太湖地区水稻资源中的优异基因,拓展该地区育成品种的遗传基础,许多研究者对太湖流域地方品种的多样性作了研究^[16-18]。

表型是基因的表达与所处环境交互作用的综合结果,是生物体受制于环境的一种形态学反应,由表型性状所显示出来的差异即为表型多样性。王建平等^[19]以 161 份太湖地区粳稻地方品种为材料,对 10 个食味品质性状进行了表型多样性分析,发现不同水稻品系的稻米之间 RVA 谱曲线存在着较大的差异,表明不同水稻品种间的食味品质是不同的。陈培峰等^[20]采用表型主成分分析法,对 44 份太湖地区香稻品种主要品质指标进行了相关聚类分析,发现影响稻米品质的主成分因子之间具有一定的相关性,这些特征可为今后香稻的品质育种提供依据。姚月明等^[21]对 494 份太湖地区早籼稻、糯稻、晚粳稻的 RVA 谱进行分析,认为不同品种间的 RVA 谱特征值差异明显,因此,籼稻至粳稻可以分为 3 种不同的类型。沈新平等^[22-23]对太湖地区粳稻和糯稻种质资源进行了遗传多样性评价,发现稻米 RVA 谱差异明显,因此认为种质材料的植株及品质性状也具有较高的遗传多样性。

目前对太湖地区水稻品质性状的多样性研究已发展到分子水平。金伟栋^[24]等利用微卫星标记,对 129 个太湖流域粳稻地方品种资源核心种质进行了 DNA 分子水平的多态性分析,发现太湖流域粳稻地方品种种质不仅具有丰富的遗传变异,同时保留了大量的稀有等位变异。于萍等^[25]采用 45 对 SSR 引物对 224 份太湖流域粳稻地方品种进行遗传多样性分析,得出太湖流域粳稻地方品种 SSR 多样性较低,稀有类型等位基因

较多的结论。罗兵等^[19]利用 SSR 引物对太湖地区的 42 份粳稻品种进行遗传多样性分析,结果表明,供试材料间的遗传相似系数平均为 0.6100,相似度高,每个多态位点的 PIC 值平均为 0.4966。但以上这些研究所选的标记是随机的,与品质性状没有发生关联。

淀粉作为稻米中最主要的有机物,占糙米组成的 90%左右,淀粉的理化性质影响着稻米品质的许多指标,因此,稻米品质主要是指淀粉的品质^[26]。在前人研究的基础上构建基因遗传平衡网络来探索基因之间的互作效应。在测定与淀粉合成相关基因序列的基础上,对各基因 SNP 特异性结合位点进行选择性标记设计,其中共检测到 22 个标记, *AGPsm1-1*、*Wx-2*、*Wx-3*、*GBSSII-1*、*SSI-1*、*SSI-2*、*SSII1-t1*、*SSII2-t2*、*SSII3-1*、*SSII3-2*、*SSIII1-1*、*SSIII1-t2*、*SSIV1-2*、*SSIV2-1*、*SSIV2-t1*、*Sbe1-1*、*Sbe1-t3*、*Sbe3-t1*、*Sbe4-1*、*Pul-3*、*Isa-t1*、*Isa-t2* 在淀粉品质形成过程中存在遗传互作效应,这些互作既包括在编码不同类酶的基因之间,又存在于编码同类酶的不同基因之间。刘燕清等^[27]利用分子标记检测的方法,对不同水稻品种间的淀粉合成相关基因的基因型进行了系统筛选,发现淀粉合成相关基因在籼粳亚种间表现出较好的多态性。一般来说,地方品种和育成品种的基因多态性也是有着明显不同的。敖雁等^[17-18]利用 22 个淀粉合成相关基因的内部标记对 115 份太湖地区水稻地方品种和 87 份育成品种进行了检测,发现水稻地方品种的平均遗传多样性和 PIC 值均略高于育成品种。同时明确了每个水稻品种的与淀粉合成相关基因内部标记的等位基因,并根据国家对米质的评价标准,对该地区的水稻进行了评价,找出在各品质性状上表现优异的品种。崔小芬^[28]以太湖地区 549 份水稻地方品种为供试材料,选用 23 个与淀粉合成相关的基因内分子标记对其淀粉品质基因型进行检测,发

现地方品种基因多样性平均为 0.2104, 平均 PIC 值为 0.1847。由于前人所选的材料不同, 因此研究结果也存在一定的差异。

3 太湖地区水稻地方品种的利用价值

太湖稻区历史悠久, 自古以来就是著名的“天下粮仓”, 为我国古代农耕文明做出了巨大贡献。20 世纪 50、60 年代兴起的杂交育种和远缘杂交技术就是以太湖稻区种质资源为亲本, 创造了大量的遗传变异, 改良了种质的遗传特性, 培育出许多优良水稻品种, 对缓解当时粮食危机起到了积极作用。近年来, 随着分子生物学和遗传学技术的发展, 科学家开始在分子水平上进行育种, 因此, 太湖流域的地方品种资源将逐步引起重视并加以利用。研究也表明, 太湖流域的地方品种仍具有丰富的遗传多样性, 仍然能够为我国水稻种质的研究和利用提供良好的资源^[19]。杂交粳稻的育种工作是继杂交籼稻以后杂种优势的又一次大规模利用, 太湖地区丰富的粳稻资源, 成为育种家们关注的重点区域之一。但是, 传统育种因为周期长、耗人力、优良性状难以观察等缺点而逐渐被人们所放弃。为了提高筛选效率, 许多研究者也提出利用细胞质作为鉴别是否可育的遗传工具, 通过回交选育, 使得具有不同生态型的亲本之间自由交配, 这样就会使杂种优势的作用更加明显^[29]。

前人检测到太湖地区存在着一些优异的与淀粉合成相关的品质基因和水稻品种^[17]。其中, 蜡质基因(Wx)控制着稻米中直链淀粉的合成, 是影响稻米蒸煮品质与食味品质的最重要基因。朱霁晖等^[30]总结了水稻 Wx 基因的不同等位变异的类型和效益, 利用分子标记技术将优异的 Wx 等位基因成功应用于育种工作, 从而达到改善稻米品质的效果。从目前来看, 除 Wx 基因外, 更多的太湖地区水稻地方品种的优质基因或品种可进一步用于水稻品质育种中。也就是说, 太湖地区的大多数地方品种中还有许多优异的基因没有被挖掘和利用, 地方品种仍然具备了许多遗传学优势。但是, 近年来因为受全球气候变化以及人类活动的影响, 使得水稻地方品种种质资源的原生境遭到了严重破坏, 遗传多样性也在加速消失, 某些稻种资源甚至到了濒危灭绝的地步。因此, 对水稻地方品种种质资源多样性的保护就显得尤为重要。吴永才^[31]提出, 国家应健全监管体系, 依法加强监督管理, 各地方政府也应该建设水稻生态环境保护区并加强异位保护工作, 努力建立分子

水平的保存保护体系。当然, 传统的水稻资源保护方法如种植保存、低温贮藏保存、立档保存等也是我们值得关注和借鉴的^[32]。

综上所述, 只有采用科技立项, 设立专项经费支持各个层次的水稻资源保护工作, 才能满足科研工作对种质资源的不断需求, 才能做到资源整合、建立共享利用的平台^[33]。相信在不久的将来, 水稻优质基因与分子标记辅助选择技术相结合, 将极大地改善水稻品种的品质、提高稻米的营养功能, 一定会成为未来育种工作者工作的重点。

参考文献

- [1] 代明笠, 邵丽明, 胡慧, 等. 水稻加工品质及其遗传基础研究进展[J]. 长江大学学报: 自然科学版, 2015, 12(9): 5-8.
- [2] 严长杰, 田舜, 张正球, 等. 水稻栽培品种淀粉合成相关基因来源及其对品质的影响[J]. 中国农业科学, 2005, 39(5): 865-871.
- [3] Shah S M, Arif M, Aslam K, et al. Genetic diversity analysis of Pakistan rice (*Oryza sativa*) germplasm using multiplexed single nucleotide polymorphism markers[J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2015(19): 1-14.
- [4] 王才林, 邹江石, 汤陵华, 等. 太湖流域新石器时期的古稻作[J]. 江苏农业学报, 2000, 16(3): 129-138.
- [5] 胡丹东. 玉米自交系的遗传多样性及群体结构分析[D]. 北京: 首都师范大学, 2009.
- [6] 石玲艳, 侯建华, 张永虎, 等. 基于 SRAP 标记的玉米自交系遗传多样性与群体结构分析[J]. 作物杂志, 2015(3): 57-63.
- [7] 笄逢刚, 应雄美, 吴才文, 等. 98 份甘蔗种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中国农业科学, 2015, 48(5): 1 002-1 010.
- [8] 陈亮, 梁春阳, 孙传清, 等. AFLP 和 RFLP 标记检测水稻亲本遗传多样性比较研究[J]. 中国农业科学, 2002, 35(6): 589-595.
- [9] 肖猛, 李群, 郭亮, 等. 四川西部濒危植物桃儿七遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 生态学报, 2015, 35(5): 1 488-1 495.
- [10] Teshome A, Bryngelsson T, Dagne K, et al. Assessment of genetic diversity in Ethiopian field pea (*Pisum sativum* L.) accessions with newly developed EST-SSR markers[J]. *BMC Genetics*, 2015, 16(1): 1-12.
- [11] 史亚兴, 卢柏山, 宋伟, 等. 基于 SNP 标记技术的糯玉米种质遗传多样性分析[J]. 华北农学报, 2015, 30(3): 77-82.
- [12] 段中岗, 郑枫, 梁成邨. 不同亲和性水稻材料的同工酶遗传多样性分析[J]. 热带亚热带植物学报, 2006, 14(6): 366-373.
- [13] 杨庆文, 黄娟. 中国普通野生稻遗传多样性研究进展[J]. 作物学报, 2013, 39(4): 580-588.
- [14] 王建革. 太湖东部湖田生态[J]. 社会科学, 2012(1): 142-151.
- [15] 黄志城, 张新明, 唐浩, 等. 基于 DUS 测试的上海粳稻地方品种遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(3): 451-159.
- [16] 罗兵, 徐港明, 孙海燕, 等. 利用简单重复序列(SSR)标记分析太湖稻区现代粳稻品种的遗传多样性[J]. 农业生物技术学报,

2014,22(12) 1 502-1 513.

[17] 敖雁,崔小芬,刘巧泉,等.太湖地区水稻品种中淀粉合成相关基因的多样性研究[A].见:江苏省遗传学会.江苏省遗传学会第八届会员代表大会暨学术研讨会论文集[C].南京:江苏省遗传学会,2010.

[18] Ao Y, Xu Y, Cui X F, et al. A genetic diversity assessment of starch quality traits in rice landraces from the Taihu Basin, China [J]. *J In-tegr Agri*, 2016, 15(3): 493-501.

[19] 王建平,乔中英,敖雁,等.太湖流域粳稻地方品种食味品质分析[J].江苏农业学报,2012,28(4):691-696.

[20] 陈培峰,王建平,黄健,等.太湖地区香稻品种稻米品质性状相关和聚类分析[J].江苏农业学报,2013,29(1):1-7.

[21] 姚月明,沈新平,沈明星,等.太湖流域水稻地方种的稻米品质 RVA 谱多样性[J].江苏农业学报,2009, 25(6):1 213-1 218.

[22] 沈新平,沈明星,顾丽,等.太湖流域糯稻地方种质稻米 RVA 谱多样性的研究[J].中国农业科学,2008, 41(8):2 513-2 519.

[23] 沈新平,沈明星,龚丽萍,等.太湖地区晚粳地方种稻米 RVA 谱特征多样性分析[J].作物学报,2006,32(12):1 902-1 908.

[24] 金伟栋.太湖流域粳稻杂种优势及品种资源遗传多样性研究[D].南京:南京农业大学,2006.

[25] 于萍,李丽,吕建珍,等.太湖流域粳稻地方品种的微卫星分析[J].中国水稻科学,2009,23(2):148-152.

[26] 犹书金.水旱条件下稻米品质性状比较 [J].现代农业科技,2011,14(6):2-8.

[27] 刘燕清,强新涛,赵春芳,等.水稻淀粉合成相关基因分子标记的筛选与利用[J].江苏农业学报,2015,31(3):471-476.

[28] 崔小芬.太湖地区水稻地方品种品质基因多样性及部分淀粉品质性状与 SSR 标记的关联研究[D].扬州:扬州大学,2011.

[29] 洪德林,杨开晴,潘恩飞.粳稻不同生态类型间 F₁ 的杂种优势及其亲本的配合力分析[J].中国水稻科学,2002,16(3):216-220.

[30] 朱霖晖,张昌泉,顾铭洪,等.水稻 W_x 基因的等位变异及育种利用研究进展[J].中国水稻科学,2015,29(4):431-438.

[31] 吴永才.广西象州县野生稻资源现状及保护对策 [J].农业与技术,2015,35(6):120.

[32] 周建明,朱正斌,曹敏旭,等.太湖流域水稻种质资源保存技术规程[J].中国种业,2015(8):14-16.

[33] 魏兴华.浙江省稻种资源的保护与利用 [J].浙江农业科学,2015,56(5):727-729.

Research Progresses on Diversity of Quality Traits of Landrace Rice in Taihu Lake Region

AO Yan¹, WU Qi^{2*}, XUE Ping¹, ZHU Zhiqiang¹, LU Haojie¹
(¹ Suzhou Chien-Shiung Institute of Technology, Suzhou, Jiangsu 215411, China; ² Institute of Soil Sciences, CAS, Nanjing 210008; 1st author: 350685056@qq.com; *Corresponding author: 1621632569@qq.com)

Abstract: It has a long history of rice cultivating in Taihu lake region, with abounds landrace rice resources. The research on genetic diversity of landrace rice resources can provide some reference for the protection and utilization of high-quality germplasm resources and breeding of new variety. In this study, the author reviewed the concepts of genetic diversity, research methods, genetic diversity of quality traits of landrace rice in Taihu lake region and summarized the relevant utilization value of the landrace rice from Taihu lake region.

Key words: Taihu lake region; landrace; quality; genetic diversity

·综合信息·

海南省 2015 年审定通过的水稻新品种

审定编号	品种名称	类型	选育单位(个人)	品种来源	全生育期 (d)	区试产量 (kg/667m ²)	生试产量 (kg/667m ²)
2015001	深优 95-669	籼型三系杂交稻	中国科学院遗传与发育生物学研究所、海南大学、国家杂交水稻工程技术研究中心 清华深圳龙岗研究所、海南广陵投资管理有限公司	深 95A × R669	101~126	432.19	374.50
2015002	博 II 优 33	籼型三系杂交稻	海南海亚南繁种业有限公司	博 II -A × 红恢 SR33M	110~128	396.95	372.83
2015003	博 II 优 818	籼型三系杂交稻	海南省农业科学院粮食作物研究所	博 II -A × 海恢 818	115~132	424.33	390.97
2015004	龙两优 750	籼型两系杂交稻	中国种子集团有限公司三亚分公司、湖南农业大学、海南广陵高科实业有限公司	龙 S × 中恢 750	106~124	382.84	360.14
2015005	花 2 优 86	籼型三系杂交稻	福建农林大学作物科学学院	花 2A × 明恢 86	116~137	471.39	479.22
2015006	Y 两优 7 号	籼型两系杂交稻	湖南杂交水稻研究中心	Y58S × R163	120~140	523.10	477.95
2015007	明两优 143	籼型两系杂交稻	国家杂交水稻工程技术研究中心	明 S × P143	124~140	493.82	508.60
2015008	野香优 2998	籼型三系杂交稻	广西绿海种业有限公司	野香 A × R2998	120~139	512.74	490.46
2015009	海亚香糯	籼型常规糯稻	海南海亚南繁种业有限公司	万冲农家香糯 //HN23(昌江农家糯稻 / 雷州农家糯稻)	125~137	417.24	
2015010	金 18S	籼型不育系	王建龙、徐叔云、龚德华、吴立群	湘陵 628S//GDS-1/C815SF1	82 ~ 92		
2015011	海丰 3A	籼型不育系	海南省农业科学院粮食作物研究所	秋 A// 粤丰 B/ 博 II B	69 ~ 86		

不育系为播始历期。(中稻宜)