

华南地区常规籼稻主栽品种间亲缘系数分析

刘传光¹, 周新桥¹, 陈达刚¹, 周汉钦¹, 冯道基¹, 李丽君¹, 李巨昌¹, 张桂权², 陈友订¹

(1 广东省农业科学院 水稻研究所, 广东省水稻育种新技术重点实验室, 广东 广州 510640;

2 华南农业大学 农学院, 广东 广州 510642)

摘要: 品种间亲缘系数是研究作物品种间遗传关系和遗传多样性的重要方法. 对华南地区不同年代育成的常规籼稻主栽品种的亲缘系数进行了分析. 结果显示, 近 50 年来华南地区基于亲缘系数的水稻品种遗传多样性呈“W”型变化, 3 个高点分别出现在 1957 年前、1970—1979 年和 2000—2008 年, 3 个低点分别出现在 1957—1969 年和 1980—1989 年. 基于亲缘系数的品种聚类结果较直观地反映了近 50 年来华南地区籼稻品种的遗传关系及其品种演变特点, 与该地区不同时期主要围绕着少数几个骨干亲本进行品种改良的特点相吻合. 本研究获得的华南地区近 50 年来水稻品种遗传多样性呈“W”型变化这一结果说明, 基于品种间亲缘系数的华南地区品种遗传多样性未经历持续的下降或上升, 而是在一定范围内波动.

关键词: 华南地区; 常规籼稻; 亲缘系数

中图分类号: S511

文献标志码: A

文章编号: 1001-411X(2012)03-0277-05

Analysis of Coefficient of Parentage Among Major Commercial Inbred *Indica* Rice Cultivars in South China

LIU Chuan-guang¹, ZHOU Xin-qiao¹, CHEN Da-gang¹, ZHOU Han-qin¹, FENG Dao-ji¹,
LI Li-jun¹, LI Ju-chang¹, ZHANG Gui-quan², CHEN You-ding¹

(1 Guangdong Key Laboratory of New Technology in Rice Breeding, Rice Research Institute,

Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640, China;

2 College of Agriculture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

Abstract: Coefficient of parentage among crop cultivars is one of major methods for evaluating genetic relationship and genetic diversity among crop cultivars. Coefficient of parentage was analyzed among the inbred *indica* rice cultivars which were released in different eras in South China. The result showed that the genetic diversity among the cultivars released in the past 50 years changed as a “W” shape. Three summits happened in pre-1957, 1970 – 1979, and 2000 – 2008, and two lowest happened in 1957 – 1969 and 1980 – 1989. The result of cultivars clustering analysis based on coefficient of parentage indicated the genetic relationships among the inbred *indica* rice cultivars and the characteristics of the cultivars evolution in South China. It was coincident with the characteristic of the cultivars improvement based on a few core parents in different eras. These indicated that the genetic diversity in the inbred *indica* rice cultivars changed as coefficient of parentage among inbred *indica* cultivars in South China and the genetic diversity had not increased or fall continuously in the past 50 years, but fluctuated in a limited range.

Key words: South China; inbred *indica* rice; coefficient of parentage

收稿日期: 2011-06-25

作者简介: 刘传光 (1968—), 副研究员, 博士; 通信作者: 张桂权 (1958—), 教授, 博士, E-mail: gqzhang@scau.edu.cn;
陈友订 (1962—), 研究员, 博士, E-mail: chenyou@21cn.com

基金项目: 广东省重大科技专项 (2006A20202004, 2007A020400003)

亲缘系数 (Coefficient of parentage, COP) 的概念首先由 Kempthorne^[1] 于 1969 年提出, Delannay 等^[2] 第 1 次应用亲缘系数研究大豆品种间的亲缘关系. 随后 Cox 等^[3]、Cui 等^[4] 对大豆, Dilday 等^[5]、Wang 等^[6] 对水稻, Martynov 等^[7]、Dobrotvorskaya 等^[8]、王江春等^[9] 对小麦品种, 都采用亲缘系数法进行了品种间遗传关系及遗传多样性分析.

亲缘系数分析法是基于孟德尔经典遗传学原理创立的, 根据 Delannay 等^[2] 的描述, 其原理是基于以下假设: 1) 每一次杂交子一代获得双亲各 50% 的基因数, 亲本品种的遗传贡献相当于理论上亲本的基因在后代品种中的比例, 其数值计为 r ; 2) 在某个地区而言, 某作物所有品种视为一个基因池, 在这个基因池内, 所有品种对基因池的遗传贡献是相等的; 3) 每对品种间 r 值表示 2 个品种间遗传组成的一致性, 某个品种与其他所有品种的平均 r 值相当于这个品种对所有这些品种构成的一个基因池的贡献率. 基于以上原理, 亲缘系数方法反映的是基因池内的基因流向和基因型 (品种) 间遗传相似度, 是在基因组水平上的宏观分析. 对于系谱清晰的自花授粉作物而言, 亲缘系数分析是一种最简便易行的评价作物遗传多样性的方法.

本研究选用华南地区 1950—2008 年大面积推广的常规籼稻品种及相关亲本共 103 个品种为研究对象, 应用亲缘系数分析法研究华南地区籼稻品种间的遗传多样性及其演变, 为以后的水稻遗传育种提供理论参考.

1 材料与方法

1.1 材料

本研究选用华南地区 1950—2008 年大面积推广的常规籼稻品种, 包括矮化育种以前推广的高秆品种、矮化育种以来育成的矮秆品种、IRRI 引进矮秆品种及相关亲本, 共 103 个品种为研究对象. 其中 1957 年以前原始亲本品种 11 个: 矮仔占 4 号, 2150, 中山一号, 南特号, 东秋播, 绞盘矮, 中山红, 塘埔矮, 广场 13, 秋长 3 号, 鸡对伦; 1957—1969 年育成品种 16 个: 矮脚南特, 广场矮 4182, 广场矮 3784, 青小金早, 珍珠矮 11, 广秋矮, 广二矮 5 号, 广解 9 号, 饶平矮, 双竹占, 红梅早, 广陆矮 4 号, 广农矮 1 号, 秋二矮, 江二矮, 木新占; 1970—1979 年育成 (引进) 品种 18 个: 秋白早 3 号, 平广 2 号, IR24, IR22, IR20, 青丰矮, IR8, 协作 69, 窄叶青 8 号, 朝阳早 18 选, 朝

阳早 18, 青二矮, 广二 104, 桂阳矮 49, 桂朝 2 号, 桂朝 13, 桂阳矮 C17, 广二石; 1980—1989 年育成品种 14 个: 丛桂 314, 叶青伦, 晚华矮 1 号, 双丛 169, 三二矮, 特青 2 号, 桂山矮, 七加占, 七桂早 25, 粤桂 146, 陆青早 1 号, 双桂 1 号, 双桂 36, 紧粒新四占; 1990—1999 年育成品种 21 个: 青六矮, 三阳矮, 胜优 2 号, 丰矮占 1 号, 绿黄占, 澳青占, 珍桂矮 1 号, 七山占, 粳籼 89, 籼小占, 七秀占, 七袋占, 华籼占, 南丰糯, 特三矮 2 号, 丰矮占 5 号, 特籼占 13, 特籼占 25, 粤香占, 丰澳占, 胜泰 1 号; 2000—2008 年育成品种 23 个: 华粳籼 74, 马坝银占, 粤丰占, 中二软占, 丰八占, 华航 1 号, 茉莉新占, 丰华占, 矮秀占, 齐粒丝苗, 桂农占, 野籼占 8 号, 丰美占, 玉香油占, 茉莉丝苗, 粤二占, 黄华占, 野丝占, 粤晶丝苗 2 号, 银晶软占, 黄丝占, 合美占, 美香占 2 号.

1.2 方法

根据已经整理的品种系谱图, 计算品种间亲缘系数, 具体计算方法参照 Cox 等^[3] 的方法, 并按以下规则计算: 1) 子代品种分别从其双亲获得一半的基因; 2) 所有祖先品种间的亲缘系数为 0; 3) 所有祖先品种和亲本及后代品种都是同质的和纯合的; 4) 混合花粉授粉育成品种授粉亲本提供给子代品种的基因数相等, 例如, A 品种作母本与 B、C 品种的混合花粉授粉杂交育成品种 D, 则 D 品种与 A 品种的亲缘系数是 0.5, D 品种与 B、C 品种的亲缘系数相等, 为 $1/(2 \times 2) = 0.25$; 5) 通过系统选育、诱变、自然突变途径育成的品种与母系品种间的亲缘系数为 0.75, 从同一个母系品种系选育成的 2 个品种间亲缘系数为 $(0.75)^2 = 0.5625$; 6) 含有相同亲本的 2 个品种间亲缘系数按下面公式计算:

$$COP_{XY} = \sum [(1/2)^n],$$

式中, COP_{XY} 表示 X 和 Y 品种间的亲缘系数, n 为 X 和 Y 品种间某共同亲本与 X 品种的之间世代数和与 Y 品种间世代数之和; 7) 亲本与其衍生品种间的亲缘系数可以表示其遗传物质的传递比率, 即遗传贡献率.

将品种间的亲缘系数组成 COP 矩阵 (103×103), 年代内和年代间品种间亲缘系数平均值的计算根据 COP 矩阵计算, 品种间遗传距离用 $(1 - COP)$ 矩阵计算, 以欧氏距离平方为参数, 采用组间连接法进行聚类分析. 所有统计分析应用 SPSS 16.0 软件进行.

2 结果与分析

2.1 不同年代内和年代间品种的 COP 值

对 103 个供试品种的 COP 值计算组成一个 COP 矩阵 (103 × 103), 共 5 253 对组合, COP 值介于 0 ~ 0.75 之间, 平均值 0.046 5。用 COP 矩阵计算不同年代内和年代间品种间 COP 值, 获得一个新的 COP 矩阵 (表 1)。

不同年代内育成品种 COP 值 (表 1 对角线上数值) 显示: 1957 年以前育成的 (或农家品种) 品种 COP 平均值为 0.057 1; 1957—1969 年育成品种 COP 平均值为 0.146 8, 比 1957 年以前品种间 COP 大幅增大; 1970—1979 年育成 (或引进) 品种 COP 平均值为 0.068 8, 较前一时期的 0.146 8 大幅降低;

1980—1989 年育成 COP 平均值为 0.128 4, 较 1970—1979 年育成 (或引进) 品种大幅上升; 1990—1999 年育成品种 COP 平均值为 0.093 7, 比上一时期大幅下降; 2000—2008 年育成品种 COP 平均值为 0.086 2, 比上一时期品种有所下降。以上结果显示, 2008 年以前的各时期内育成的品种间平均 COP 值存在较大的波动。

比较不同年代间品种 COP 值发现, 总体来讲, 某一时品种与其后各时期品种间的平均 COP 值逐期下降, 比如 1957 年以前的品种与以后各时期品种的平均 COP 值分别为 0.081 1、0.033 4、0.026 3、0.013 7 和 0.004 7, 这说明某一时育成的品种, 对其后育成品种的遗传贡献率随时间推移而逐渐下降 (表 1)。

表 1 不同年代内和年代间品种的平均 COP 值

Tab. 1 Average cultivar COP in and between different eras

年代	—1957	1957—1969	1970—1979	1980—1989	1990—1999	2000—2008
—1957	0.057 1	0.081 1	0.033 4	0.026 3	0.013 7	0.004 7
1957—1969		0.146 8	0.062 7	0.040 4	0.016 3	0.004 6
1970—1979			0.068 8	0.073 6	0.036 5	0.011 2
1980—1989				0.128 4	0.066 3	0.031 8
1990—1999					0.093 7	0.064 2
2000—2008						0.086 2

2.2 基于 COP 的不同年代品种间遗传距离

用 (1 - COP) 矩阵计算品种间遗传距离, 利用遗传距离矩阵计算不同年代品种间遗传距离, 并绘成坐标图 (图 1)。从图 1 可以看出, 华南地区籼稻品种间遗传距离年代间波动很大, 从趋势上来看呈“W”型波动, 3 个高点分别出现在 1957 年前、1970—1979 年和 2000—2008 年代, 2 个低点分别出现在 1957—1969 年和 1980—1989 年, 这一结果说明, 华南地区常规水稻品种基于 COP 值的遗传多样性, 未经历持续的下降或上升, 而是在一定范围内波动。

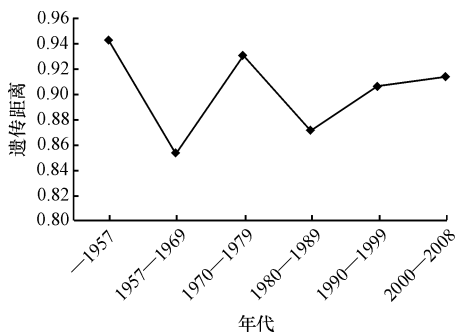
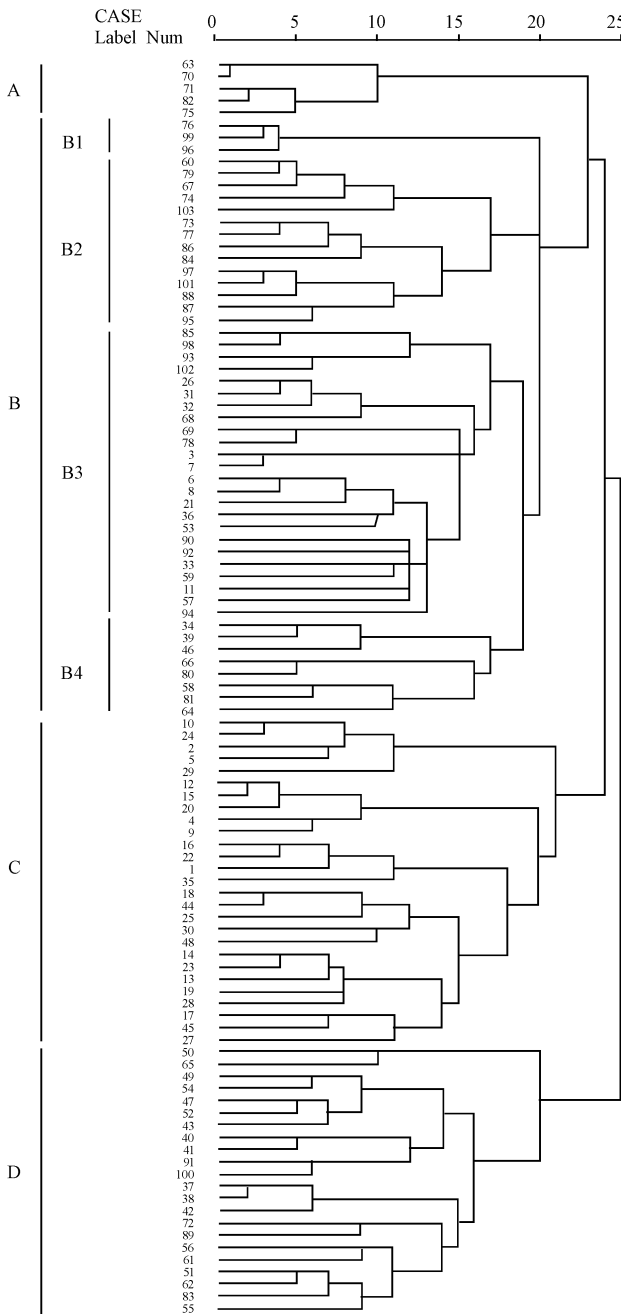


图 1 基于 COP 的不同年代内育成品种遗传距离

Fig. 1 Genetic distance based on COP among cultivars released in different eras

2.3 基于 COP 值的品种聚类分析

根据 103 个品种间亲缘系数, 应用 SPSS16.0 软件, 以欧氏距离平方为参数, 采用组间连接法进行聚类分析, 获得聚类树形图 (图 2)。从图 2 可以看出, 103 个品种可以聚成 A、B、C 和 D 等 4 大类。A 类由 5 个品种组成, 为粳粳 89 及其早期衍生品种。B 类品种组成比较复杂, 包括特青 2 号及其衍生品种、IRRI 引进的 IR8 及其衍生品种, 也包括中山一号、中山红、绞盘矮和塘埔矮等地方品种, 共计 49 个品种。B 类还可以分为 4 个亚类, 即 B₁、B₂、B₃ 和 B₄ 亚类。B₁ 亚类由 3 个品种组成, 为粤香占及其衍生品种粤二占和粤晶丝苗 2 号; B₂ 亚类由特青 2 号、IR8 和桂朝 2 号共同衍生的品种组成, 共计 14 个品种; B₃ 亚类主要由高秆原始亲本、IRRI 引进矮秆品种, 及一些含美国稻血缘的品种聚成一类, 共计 24 个品种, 这类品种的亲缘关系较远, 品种间 COP 值比较小; B₄ 亚类主要由特青 2 号衍生品种组成, 共计 8 个品种。C 类主要由 1950 年代末至 1970 年代初育成的早期矮秆品种及其原始亲本组成, 共计 27 个品种。D 类主要以桂朝 2 号及其衍生品种组成, 这类品种间亲缘关系非常近, 基本上是在 1970—1989 年育成的。



1:矮仔占4号;2:2150,3:中山一号;4:南特号;
 5:东秋播;6:绞盘矮;7:中山红;8:塘埔矮;9:广
 场13;10:秋长3号;11:鸡对伦;12:矮脚南特;
 13:广场矮4182;14:广场矮3784;15:青小金早;
 16:珍珠矮11;17:广秋矮;18:广二矮5号;19:广
 解9号;20:饶平矮;21:双竹占;22:红梅早;23:
 广陆矮4号;24:广农矮1号;25:秋二矮;26:江
 二矮;27:木新占;28:秋白早3号;29:平广2号;
 30:IR24;31:IR22;32:IR20;33:青丰矮;34:IR8;
 35:协作69;36:窄叶青8号;37:朝阳早18选;
 38:朝阳早18;39:青二矮;40:广二104;41:桂阳
 矮49;42:桂朝2号;43:桂朝13;44:桂阳矮C17;
 45:广二石;46:丛桂314;47:叶青伦;48:晚华矮
 1号;49:双丛169;50:三二矮;51:特青2号;52:
 桂山矮;53:七加占;54:七桂早25;55:粤桂146;
 56:陆青早1号;57:双桂1号;58:双桂36;59:紫
 粒新四占;60:青六矮;61:三阳矮;62:胜优2号;
 63:丰矮占1号;64:绿黄占;65:澳青占;66:珍桂
 矮1号;67:七山占;68:粳籼89;69:籼小占;70:
 七秀占;71:七袋占;72:华籼占;73:南丰糯;74:
 特三矮2号;75:丰矮占5号;76:特籼占13;77:
 特籼占25;78:粤香占;79:丰澳占;80:胜泰1号;
 81:华粳籼74;82:华航1号;83:马坝银占;84:粤
 丰占;85:中二软占;86:丰八占;87:茉莉新占;
 88:丰华占;89:矮秀占;90:齐粒丝苗;91:桂农
 占;92:野籼占8号;93:丰美占;94:玉香油占;
 95:茉莉丝苗;96:粤二占;97:黄华占;98:野丝
 占;99:粤晶丝苗2号;100:银晶软占;101:黄丝
 占;102:合美占;103:美香占2号。

图2 华南常规籼稻品种基于COP的聚类分析
 Fig. 2 Analysis of clustering based on COP among
 inbred indica rice cultivars in South China

3 讨论

华南地区水稻品种遗传多样性的变化特点与该地区不同时期推广的品种组成有关. 1960—1969年间由于广场矮及其衍生品种的大量推广,使品种间的COP值较上一时期明显升高,遗传距离减小,品种遗传多样性下降;1970—1979年间的品种组成是近50年间最复杂的时期,由于花龙水田谷、矮种水田谷、中山无名种和低角乌尖等矮源的引进和利用,以及大量农家品种用于品种改良,一批亲缘关系较远的优良品种如窄叶青、协作69、秋白矮、双竹占和桂朝2号等的育成推广,我国水稻育种应用的6个矮源在该时期都有品种育成,因而品种间COP下降,遗传距离增大,品种遗传多样性上升;1980—1989年由

于桂朝2号衍生的优良品种大量推广,该时期品种亲缘关系比前一时期大幅趋近,品种间COP值升高,遗传距离降低,品种遗传多样性下降;1990—1999年由于粳籼89及其大量衍生种的育成,以及澳洲袋鼠丝苗,巴斯马蒂等外引优质稻种质在育种中应用,育成一批优质稻品种,品种间COP值降低,品种的遗传多样性丰富;2000—2008年育成的大多数品种由矮仔占4号,低脚乌尖和花龙水田谷3个矮源共同参与育成,从系谱上难以判断其矮源来自哪个原始亲本,但基于亲缘系数的品种间遗传距离却提高了,品种遗传多样性进一步上升.

基于COP值的品种聚类结果较直观地反映了近50年来华南地区籼稻品种的遗传关系,同时体现了该地区各时期品种改良主要围绕少数骨干亲本进行

的特点. 自从 1959 年育成广场矮以后, 又相继育成了珍珠矮, 并由广场矮和矮脚南特作亲本育成广陆矮 4 号、广二矮 5 号、饶平矮等优良矮秆品种, 在 1960—1969 年全面取代了高秆水稻品种, 完成了华南地区水稻品种的矮秆化, 这期间以广场矮和矮脚南特为骨干亲本衍生出大批品种 (C 类品种); 70 年代中后期桂朝 2 号为代表的超高产品种育成逐步取代了以珍珠矮 11、广陆矮 4 号为代表的早期矮秆品种, 并以桂朝 2 号为骨干亲本衍生了以双桂 1 号为代表的 D 类品种; 自 80 年代中期超高产品种特青 2 号育成后, 很快又衍生出胜优 2 号、特粳占 13、特粳占 25 等 B4 亚类品种, 由 IRRI 系统品种衍生的七桂早 25、粳粳 89 等品种育成后, 加速了 IRRI 系统血缘与华南地区改良品种的融合, 并使得 90 年代中后期至 2000 年代育成品种融合了广西矮仔占 (通过桂朝 2 号、特青 2 号等)、花龙水田谷 (通过特青 2 号) 和低脚乌尖 (通过七桂早 25、粳粳 89 等) 等 3 个矮源的 B2 亚类品种。

本研究获得的华南地区近 50 年来水稻品种遗传多样性呈“W”型变化这一结果, 说明华南地区品种遗传多样性未经历持续的下降或上升, 而是在一定范围内波动, 与刘传光等^[10]基于 SSR 分析获得的结果有一定出入, 这与分析方法不同有关. 亲缘系数法是基于孟德尔经典遗传学原理建立的, 其缺点主要是没有考虑育种过程中育种家的定向选择、遗传漂移, 以及特定生境下形成的选择压等对等位基因频率的影响^[6, 11-13], 同时, 亲缘系数法假设所有品种都是纯合一致的, 事实上几乎所有的品种都不是纯合的, 都存在一定比例的杂合位点^[13-15], 导致以 COP 值表示的品种间遗传关系出现偏差, 并可能高估品种遗传多样性^[3, 16-17]; 另一方面, 基于 SSR 分析的遗传多样性分析结果亦可能存在偏差, 例如水稻基因组中已发现的 SSR 标记多达 8 000 多个, 而研究者进行 SSR 分析试验时选用标记数量最多 200~300 个, 最少则不到 10 个标记, 过少的试验标记数量难以准确估算品种遗传多样性, 对试验结果存在一定的影响. 总的来说, 虽然亲缘系数分析方法存在一定的局限性, 但对于系谱完整的作物品种, 该方法用于品种间遗传关系分析仍然是一种可取的研究方法。

参考文献:

[1] KEMPTHORNE O. An introduction to genetic statistics [M]. Iowa: Iowa State University Press, 1969.

[2] DELANNAY X, RODGERS D M, PALMER R G. Relative genetic contributions among ancestral lines to North American soybean cultivars [J]. Crop Science, 1983, 23 (5): 944-949.

[3] COX T S, KIANG Y T, GORMAN M B, et al. Relationship between coefficient of parentage and genetic similar-

ity indices in the soybean [J]. Crop Science, 1985, 25 (3): 529-532.

- [4] CUI Zhang-li, JR-CARTER T E, BURTON J W. Genetic diversity patterns in Chinese soybean cultivars based on coefficient of parentage [J]. Crop Science, 2000, 40 (6): 1780-1793.
- [5] DILDAY R H. Contribution of ancestral lines in the development of new cultivars of rice [J]. Crop Science, 1990, 30 (4): 905-911.
- [6] WANG S, LU Z. Genetic diversity among parental lines of indica hybrid rice (*Oryza sativa* L.) in China based on coefficient of parentage [J]. Plant Breeding, 2006, 125 (6): 606-612.
- [7] MARTYNOV S P. Analysis of genetic profiles of winter wheat from Russia [J]. Euphytica, 1998, 100: 305-311.
- [8] DOBROTVORSKAYA T V, MARTYNOV S P, PUKHALSKYI V A. Trends in genetic diversity change of spring bread wheat cultivars released in Russia in 1929 - 2003 [J]. Russian Journal of Genetics, 2004, 40 (11): 1509-1522.
- [9] 王江春, 胡延吉, 余松烈, 等. 建国以来山东省小麦品种及其亲本的亲缘系数分析 [J]. 中国农业科学, 2006, 39 (4): 664-672.
- [10] 刘传光, 张桂权. 用 SSR 标记分析 1949—2005 年华南地区常规籼稻主栽品种遗传多样性及变化趋势 [J]. 作物学报, 2010, 36 (11): 1843-1852.
- [11] LU Hong, REDUS M A, COBURN J R, et al. Population structure and breeding patterns of 145 US rice cultivars based on SSR marker analysis [J]. Crop Science, 2005, 45 (1): 66-76.
- [12] FUFU H, BAENZIGER P S, BEECHER B S, et al. Comparison of phenotypic and molecular marker-based classifications of hard red winter wheat cultivars [J]. Euphytica, 2005, 145: 133-146.
- [13] CHAO Shiao-man, ZHANG Wen-jun, DUBCOVSKY J, et al. Evaluation of genetic diversity and genome-wide linkage disequilibrium among US wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm representing different market classes [J]. Crop Science, 2007, 47 (3): 1018-1030.
- [14] ZEVEN A C. Variation observed among bread wheat Wants found in durum fields on Rhodes in 1987 [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 1992, 39: 3-7.
- [15] XU Yun-bi, BEACHELL H, MCCOUCH S R. A marker-based approach to broadening the genetic base of rice in the USA [J]. Crop Science, 2004, 44 (6): 1947-1959.
- [16] SOUZA E, SORRELLS M E. Pedigree analysis of north american oat cultivars released from 1951 to 1985 [J]. Crop Science, 1989, 29 (3): 595-601.
- [17] MANNINEN O, NISSILÄ E. Genetic diversity among Finnish six-rowed barley cultivars based on pedigree information and DNA markers [J]. Hereditas, 1997, 126 (1): 87-93.