

# 云南元阳哈尼梯田水稻地方品种月亮谷的遗传变异分析

董超<sup>1, #</sup> 徐福荣<sup>1, #</sup> 杨文毅<sup>1</sup> 汤翠凤<sup>1</sup> 张恩来<sup>1</sup> 杨雅云<sup>1</sup> 阿新祥<sup>1</sup> 张斐斐<sup>1</sup> 卢光德<sup>2</sup>  
王艳<sup>2</sup> 戴陆园<sup>1, \*</sup>

(<sup>1</sup>云南省农业科学院 生物技术与种质资源研究所/云南省农业生物技术重点实验室/农业部西南作物基因资源与种质创制重点实验室/农业部云南稻种资源科学观测实验站, 云南 昆明 650223; <sup>2</sup>云南省元阳县农业局, 云南 元阳 662414; # 共同第一作者; \* 通讯联系人, E-mail: luyuandai@yahoo.com.cn)

## Genetic Variation Analysis of Paddy Rice Landrace of Yuelianggu from Yuanyang Hani’s Terraced Fields in Yunnan Province

DONG Chao<sup>1, #</sup>, XU Fu-rong<sup>1, #</sup>, YANG Wen-yi<sup>1</sup>, TANG Cui-feng<sup>1</sup>, ZHANG En-lai<sup>1</sup>, YANG Ya-yun<sup>1</sup>, A Xin-xiang<sup>1</sup>, ZHANG Fei-fei<sup>1</sup>, LU Guang-de<sup>2</sup>, WANG Yan<sup>2</sup>, DAI Lu-yuan<sup>1, \*</sup>

(<sup>1</sup> Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences /Yunnan Provincial Key Laboratory of Agricultural Biotechnology/ Key Laboratory of Southwestern Crop Gene Resources and Germplasm Innovation, Ministry of Agriculture/ Scientific Observation for Rice Germplasm Resources of Yunnan, Ministry of Agriculture, Kunming 650223, China; <sup>2</sup>Yuanyang Department of Agriculture, Yuanyang 662414, China; # These authors contributed equally to this paper; \* Corresponding author, E-mail: luyuandai@yahoo.com.cn)

DONG Chao, XU Furong, YANG Wenyi, et al. Genetic variation analysis of paddy rice landrace of Yuelianggu from Yuanyang Hani’s terraced fields in Yunnan. *Chin J Rice Sci*, 2013, 27(2): 137-144.

**Abstract:** In order to reveal the genetic variation of rice landrace Yuelianggu which has been widely grown in Yunnan Hani’s terraced fields for long-term, 98 Yuelianggu samples collected from 11 villages located in Yunnan and 8 rice varieties as control were analyzed by using 20 phenotypic traits and 48 SSR markers. The results showed that the variation coefficients for the quantitative characters were larger than those of the qualitative characters with a range from 2.55% to 24.90%. A total of 114 alleles in all of Yuelianggu were found with the mean of 2.38 and range from 1 to 4, as well as the number of 87.65 effective alleles with the mean of 1.83 and range from 1 to 3.02. The mean of Nei’s genetic diversity index (*I*) was 0.64. Clustering analysis based on phenotypes could divide the used materials including Yuelianggu and control varieties into two categories, with Yuelianggu belonging to one group while the other eight varieties to another one. However, clustering analysis based on SSR markers could divide the tested materials into two categories, with one group including all Yuelianggu samples and the indica control while another one only including the japonica control. Analysis of molecular variance (AMVOA) revealed that the inter-village genetic variations of Yuelianggu consisted of 67.18% and the intra-village genetic variation consisted of 37.82%. Yuelianggu samples collected from 11 villages could be divided into 5 populations, which were closely related to geographical distance between the villages. Genetic distances of Yuelianggu collected from adjacent villages were small while their genetic similarities were high correspondingly. The special genetic variation of Yuelianggu resulted from the unique Hani’s terraced fields and its traditional culture for long-term. Yuelianggu can be used as a benefit gene resource to further exploit and utilize.

**Key words:** Hani’s terraced field; rice; genetic variation; Yuelianggu

董超, 徐福荣, 杨文毅, 等. 云南元阳哈尼梯田水稻地方品种月亮谷的遗传变异分析. 中国水稻科学, 2013, 27(2): 137-144.

**摘 要:** 为了揭示云南元阳哈尼梯田持续大面积种植的水稻地方品种月亮谷的遗传变异, 利用 20 个表型性状和 48 个 SSR 标记, 对采自元阳哈尼梯田 11 个村寨的 98 份月亮谷和 8 份对照品种进行分析。结果显示, 98 份月亮谷的质量性状变异系数较小; 数量性状变异系数较大, 变异系数范围为 2.55%~24.90%; 48 个标记共检测出 114 个等位变异, 平均为 2.38 个, 变幅为 1~4 个; 有效等位变异为 87.65 个, 平均为 1.83 个, 变幅为 1~3.02; Nei 遗传多样性(*I*)指数平均为 0.64。表型聚类将月亮谷与对照品种分成两大类, 所有月亮谷为一类, 8 个对照品种为另一类; SSR 聚类则将所有月亮谷与 4 份

收稿日期: 2012-05-01; 修改稿收到日期: 2012-07-10。

基金项目: 国家 863 计划资助项目(2010AA101805); 云南省科技创新强省计划资助项目(2007C0219Z); 云南省社会发展科技计划项目(2010CC009; 2012CH009); 云南省人才培养资助项目(2008PY049)。

粳型对照品种聚为一大类,4 份粳型对照品种单独为一大类;分子方差分析(AMOVA)表明,月亮谷村寨之间变异(67.18%)大于村寨内(37.82%)。11 个村寨月亮谷可以分成 5 个居群,这 5 个类群与其村寨间地理位置的距离相关,相邻村寨之间月亮谷遗传距离小,遗传相似度高。月亮谷这种特殊的遗传变异是由于独特的哈尼梯田及其传统文化长期作用的结果,月亮谷可作为优异基因资源进一步发掘和利用。

**关键词:** 哈尼梯田; 水稻; 遗传变异; 月亮谷

**中图分类号:** Q755; S511.024

**文献标识码:** A

**文章编号:** 1001-7216(2013)02-0137-08

自绿色革命以来,由于育成品种的大面积推广应用,我国品种呈现单一化趋势,造成大量基因丢失,大大降低了作物品种的遗传多样性<sup>[1]</sup>。大量研究表明,我国重要粮食作物水稻推广品种的遗传基础越来越狭窄,遗传多样性一直在下降,已严重影响水稻安全生产<sup>[2-5]</sup>。只有拥有丰富多样的遗传变异,才能保障水稻生产的持续发展。分析种质资源的遗传变异有助于发现有利基因,将它们应用于育种来增加推广品种的遗传变异,可使水稻生产再上新台阶<sup>[6]</sup>。水稻地方品种蕴藏着大量的抗病、抗逆、优质、高产等优异基因,<sup>[7-9]</sup>在新品种选育中具有重要的利用价值,而且,由于长期处于环境和人工的选择作用下,其在生境中继续进化而不断产生新的遗传变异<sup>[10]</sup>。已有研究表明,云南长期种植的农家保护的水稻地方品种具有丰富的遗传多样性<sup>[11-14]</sup>。

云南元阳哈尼梯田举世闻名,其特殊的地形地貌和民族传统习俗造就了著名的哈尼梯田稻作文化<sup>[15-16]</sup>。元阳哈尼梯田拥有的丰富地方稻种资源及遗传多样性是保证哈尼梯田稻作可持续发展的基础<sup>[17-18]</sup>。水稻地方品种月亮谷(Yuelianggu)[哈尼语:“麻车”(ma che)],就是当前元阳哈尼梯田生产上种植面积最大的主栽地方品种,种植面积占地方品种种植面积的 50%以上,种植历史已上百年,平均产量约 3.75 t/hm<sup>2</sup>,其相对集中种植于海拔 1600~2000 m<sup>[19]</sup>。He 等<sup>[20]</sup>研究表明,月亮谷在元阳哈尼梯田海拔 1092~1841 m 的 6 个不同海拔点上种植,其表型性状均无显著差异。徐福荣等<sup>[21]</sup>研究表明,月亮谷经过了 30 余年的自然与人工选择发生了遗传变异,但是当前种植的与过去种植的呈一一对应关系,认为是相同资源,是研究水稻遗传变异的理想材料,并指出元阳哈尼梯田是研究水稻遗传变异的理想基地。然而,作物的变异是自然选择和人工选择共同作用的结果,月亮谷的遗传变异中人工选择所发挥的作用有多大,或月亮谷在不同村寨、不同农户间是否存在遗传变异方面还鲜见报道。SSR 标记因其在基因组中含量丰富、共显性遗传、多态性高、分析简单等优点,已被广泛用于水稻遗传变异研究<sup>[22-24]</sup>。本文针对采自云南省元阳县新街镇 11 个

自然村(寨)、98 户农民种植于哈尼梯田的月亮谷,通过表型性状和 SSR 标记,分析月亮谷的遗传变异和遗传多样性,旨在为地方稻种资源的农家保护和优异基因资源发掘提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料及来源

2009 年从云南省元阳县新街镇 5 个村委会的 11 个自然村。调查收集的 98 户农户当前种植于哈尼梯田的水稻地方品种月亮谷,编号为 Y1~Y98,供试品种月亮谷及其采集地的情况如表 1。4 份籼稻品种 IR36、93-11、滇屯 502、大理早籼和 4 份粳稻品种楚粳 27、日本晴、02428、合系 41 作为对照,编号为 Y99~Y106。

### 1.2 表型性状调查

2010 年将 106 份材料按编号顺序同时种植于云南省元阳县新街镇多依树小寨村(海拔 1835 m, E102°48.392', N23°5.056')。4 月 1 日播种,5 月 10 日移栽,每个材料 2 行小区,每行 20 穴,单本移栽,株行距 10 cm×20 cm,两次重复。肥水管理按当地常规管理方法进行。9 月下旬至 10 月上旬适时收获。按照《水稻种质资源描述规范和数据标准》<sup>[25]</sup>分别测定各材料的 20 个主要表型性状,包括 6 个质量性状(剑叶角度、倒伏性、穗型、颖色、颖尖色和种皮色)和 14 个数量性状(株高、穗长、单株分蘖数、单株有效穗数、主穗穗粒数、主穗实粒数、结实率、千粒重、穗颈长、剑叶长、剑叶宽、粒长、粒宽和粒厚)。每份材料调查 5 株,并取两次重复的平均值作为该材料的统计单元。

### 1.3 DNA 提取及 PCR 产物检测

从已公布的水稻 SSR 标记中选取 48 个具有多态性的标记,每条染色体上 4 个。由上海生工生物公司合成。采取每份材料苗期其中 1 个单株的叶片,按 Edwards 等<sup>[26]</sup> CTAB 法(略有改进)提取 DNA,然后进行 DNA 的纯化。PCR 体系(总反应体积为 10 μL)包括 1.5 μL 10×PCR 缓冲液(含 Mg<sup>2+</sup>),0.4 μL dNTPs(2.5 mmol/L),0.2 μL Taq (5 U/μL),1.0 μL SSR 引物(10 μmol/L,上游、下

表 1 地方品种月亮谷编号及其采集村寨的情况

Table 1. Code of Yuelianggu samples and information of sampling village.

月亮谷编号	采样村寨名称	村寨编号	村寨海拔	村寨经度	村寨纬度
Code of sample	Name of sampling village	Code of village	Village altitude/m	Village longitude	Village latitude
Y1~Y7	土锅寨村委会小水井自然村	V1	1847	102°44.347′	23°08.246′
Y8~Y15	爱春村委会啊者科自然村	V2	1950	102°69.694′	23°05.107′
Y16~Y24	多依树村委会普高老寨自然村	V3	1877	102°47.820′	23°05.319′
Y25~Y33	多依树村委会猴子寨自然村	V4	1879	102°48.344′	23°04.941′
Y34~Y41	爱春村委会哈单普自然村	V5	1945	102°50.039′	23°05.643′
Y42~Y51	爱春村委会牛保普自然村	V6	1953	102°49.294′	23°05.099′
Y52~Y60	爱春村委会大鱼塘自然村	V7	1910	102°49.556′	23°05.308′
Y61~Y70	爱春村委会爱春自然村	V8	1950	102°49.397′	23°05.397′
Y71~Y80	多依树村委会小寨自然村	V9	1741	102°48.430′	23°05.390′
Y81~Y89	多依树村委会牛保自然村	V10	1950	102°48.824′	23°05.161′
Y90~Y98	胜村村委会黄草岭自然村	V11	1918	102°47.725′	23°05.752′

游引物各 0.5 μL), 2.0 μL DNA( 20 ng/μL), 4.9μL ddH<sub>2</sub>O。扩增程序如下: 95℃下预变性 5 min, 95℃下变性 30 s, 55~60℃下退火 30 s, 72℃下延伸 45 s; 30~35 个循环, 72℃下延伸, 10 min; 4℃下 5 min。放 4℃冰箱保存备用。采用 8% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳及银染法检测扩增结果。

1.4 数据统计

采用 Excel 2003 和 SPSS 15.0 统计软件对表型性状的平均值、方差和变异系数等进行处理, 利用 Arlequin 3.11 软件进行分子方差分析(AMOVA), 利用 PopGene 软件计算等位基因、有效等位基因、Nei 遗传多样性指数(*I*)、群体间的遗传距离。在表型性状聚类分析过程中, 质量性状按照《水稻种质资源描述规范和数据标准》进行标准化处理, 对数量性状以 1 个标准差为间距分 6 个等级, SSR 等位变异扩增带型以 0、1 统计, 在相同迁移率位置上, 有带记为“1”, 无带记为“0”。采用 NTSYSpc 2.2 软件绘制表型、SSR 及群体距离图。

2 结果与分析

2.1 月亮谷遗传变异多样性分析

2.1.1 表型多样性分析

种植于元阳试验田的 98 份月亮谷的 6 个质量性状中种皮色全为红色, 穗型全部为密集型, 剑叶角度全部为直立型, 倒伏性全部为直立型(抗倒伏强); 只有颖色和颖尖色有变异, 编号 Y1、Y2 和 Y12 的颖色为黄褐色, 而其他均为黄色, 变异率为 3.06%; 编号 Y1、Y2、Y12 和 Y40 的颖尖色为黄褐色, Y70、Y71 和 Y86 颖尖色为紫色, 其余的颖尖色均为秆黄色, 变异率为 7.14%。14 个数量性状变异系数(表

2), 变幅为 2.55%~24.90%, 平均为 12.57%; 大小依次为穗粒数>穗颈长>实粒数>有效穗数>分蘖数>剑叶长>结实率>剑叶宽>千粒重>株高>穗长>粒厚>粒宽>粒长。可见, 月亮谷在千粒重、株高、穗长及籽粒性状上变异较小, 均低于 6%, 而其他数量性状变异系数较大, 均大于 10%。多样性指数(*I*)平均值为 1.752, 变幅为 1.142~2.010, 依次为穗粒数>剑叶宽>实粒数>株高>剑叶长>穗颈长>千粒重>结实率>穗长>粒厚>粒长>粒宽>分蘖数>有效穗数。

2.1.2 SSR 标记多样性分析

基于 48 个 SSR 标记, 98 份月亮谷遗传多样性参数见表 3, 共检测出 114 个等位基因(*N<sub>a</sub>*), 平均 2.38 个, 变幅为 1~4 个; 有效等位基因数(*N<sub>e</sub>*)为 87.65 个, 平均每个标记为 1.826 个, 变幅为 1~3.2; Nei 多样性指数(*I*)平均值为 0.64, 变幅为 0~1.22。所检测出的等位基因数目因 SSR 标记而不同, RM280 和 RM224 的等位基因数最多, 为 4 个; RM259、RM213 和 RM11 最少, 为 1 个; 检测出 3 个等位基因的有 17 个标记, 检测出 2 个等位基因的有 26 个标记。所检测出的等位基因数目还随染色体而变化, 12 条染色体中第 11 染色体等位基因数最多, 为 13 个; 其次为第 4 和第 8 染色体, 为 11 个; 最少是第 1 染色体, 为 7 个。而从 8 份对照品种共检测出等位基因 128 个, 平均为 2.67 个; 有效等位基因为 96.48 个, 平均为 2.01 个; 平均多样性指数(*I*)为 0.67。8 份对照品种的遗传多样性参数明显高于供试的 98 份月亮谷, 表明从 11 个自然村收集的月亮谷品种的遗传多样性远低于不同地理来源的对照品种。

表 2 98 份地方品种月亮谷表型数量性状

Table 2. The quantitative traits of 98 Yuelianggu samples.

性状 Trait	平均值 Mean	变幅范围 Range	标准差 SD	变异系数 CV/%	多样性指数( <i>I</i> ) Diversity index ( <i>I</i> )
株高 Plant height/cm	133.6	116.8~155.6	7.54	5.6	1.96
穗长 Panicle length/cm	22.51	20.10~24.86	1.12	5.0	1.78
分蘖数 Tiller number	6.2	4.2~10.8	1.1	18.2	1.21
有效穗数 Panicle number per plant	4.2	3.0~7.6	0.9	21.7	1.14
每穗粒数 Spikelet number per panicle	149.8	77.4~342.8	37.3	24.9	2.01
实粒数 Filled grain number per panicle	116.8	47.6~173.4	27.0	23.1	1.96
结实率 Seed setting rate/%	78.6	32.0~92.4	0.1	11.8	1.64
千粒重 1000-grain weight/g	25.05	13.92~34.27	2.8	11.0	1.82
穗颈长 Panicle neck length/cm	6.30	2.18~12.18	1.6	24.9	1.93
剑叶长 Flag leaf length/cm	32.55	10.48~47.16	4.47	13.7	1.95
剑叶宽 Flag leaf width/cm	1.41	1.24~1.70	0.08	6.0	1.99
粒长 Grain length/cm	0.856	0.804~0.904	0.022	2.6	1.72
粒宽 Grain width/cm	0.296	0.282~0.318	0.009	3.1	1.73
粒厚 Grain thickness/cm	0.208	0.197~0.237	0.009	4.4	1.68

表 3 98 份月亮谷的 SSR 标记遗传多样性参数

Table 3. The genetic diversity parameter values of 98 Yuelianggu samples based on SSR markers.

标记 Marker	染色体 Chromosome	等位基因数 Na	有效等位 基因数 Ne	多样性指数( <i>I</i> ) Diversity index ( <i>I</i> )	标记 Marker	染色体 Chromosome	等位基因数 Na	有效等位 基因数 Ne	多样性指数( <i>I</i> ) Diversity index ( <i>I</i> )
RM1	1	2	1.99	0.69	RM18	7	2	1.92	0.67
RM84	1	2	1.56	0.55	RM167	7	3	1.55	0.64
RM246	1	2	1.22	0.33	RM336	7	2	1.97	0.69
RM259	1	1	1.00	0.00	RM25	8	3	1.42	0.54
RM324	2	3	1.06	0.16	RM152	8	2	1.95	0.68
RM213	2	1	1.00	0.00	RM264	8	3	2.94	1.09
RM250	2	3	2.15	0.91	RM339	8	3	1.93	0.83
RM263	2	3	1.99	0.79	RM107	9	2	1.18	0.28
RM16	3	3	2.85	1.07	RM219	9	2	1.79	0.63
RM143	3	2	1.71	0.61	RM278	9	3	1.82	0.78
RM218	3	2	1.22	0.33	RM285	9	2	1.83	0.65
RM570	3	2	1.61	0.57	RM258	10	2	1.76	0.62
RM252	4	2	1.71	0.61	RM222	10	2	1.90	0.67
RM303	4	3	1.80	0.78	RM228	10	2	1.96	0.68
RM280	4	4	2.94	1.22	RM311	10	3	2.16	0.87
RM1153	4	2	1.06	0.14	RM21	11	3	1.43	0.58
RM164	5	2	1.87	0.66	RM224	11	4	3.02	1.14
RM249	5	3	2.64	1.02	RM286	11	3	1.94	0.78
RM289	5	3	1.85	0.69	RM287	11	3	2.78	1.06
RM405	5	2	1.90	0.67	RM4	12	2	1.88	0.66
RM162	6	2	1.80	0.69	RM17	12	2	1.74	0.62
RM253	6	2	1.27	0.37	RM463	12	2	1.67	0.59
RM276	6	2	1.80	0.69	RM511	12	2	1.96	0.68
EM528	6	3	1.72	0.70	Σ		114	87.65	30.67
RM11	7	1	1.00	0.00	$\bar{x}$		2.38	1.83	0.64

## 2.2 月亮谷遗传相似性分析

98 份月亮谷基于 20 个表型性状的遗传相似系数(GS)平均值为 0.33,变幅为 0.08~0.85。其中 Y69 与 Y71 的 GS 最大,为 0.85;其次是 Y75 与 Y73、Y76 与 Y74、Y68 与 Y74 之间的 GS 较高,为

0.77; Y1 与 Y90、Y2 与 Y79、Y3 与 Y72、Y4 与 Y79、Y5 与 Y77、Y6 与 Y89、Y7 与 Y66 间的 GS 最小,均为 0.08。来自村寨 V1 的月亮谷与其他村寨的月亮谷表型相似性最小,村寨 V9 内的月亮谷表型相似性最高。然而,106 份供试材料的表型相似

系数平均值为 0.312,变幅为 0.08~0.85。月亮谷与对照材料相似性最高为 0.54,最小为 0.077(图 1)。

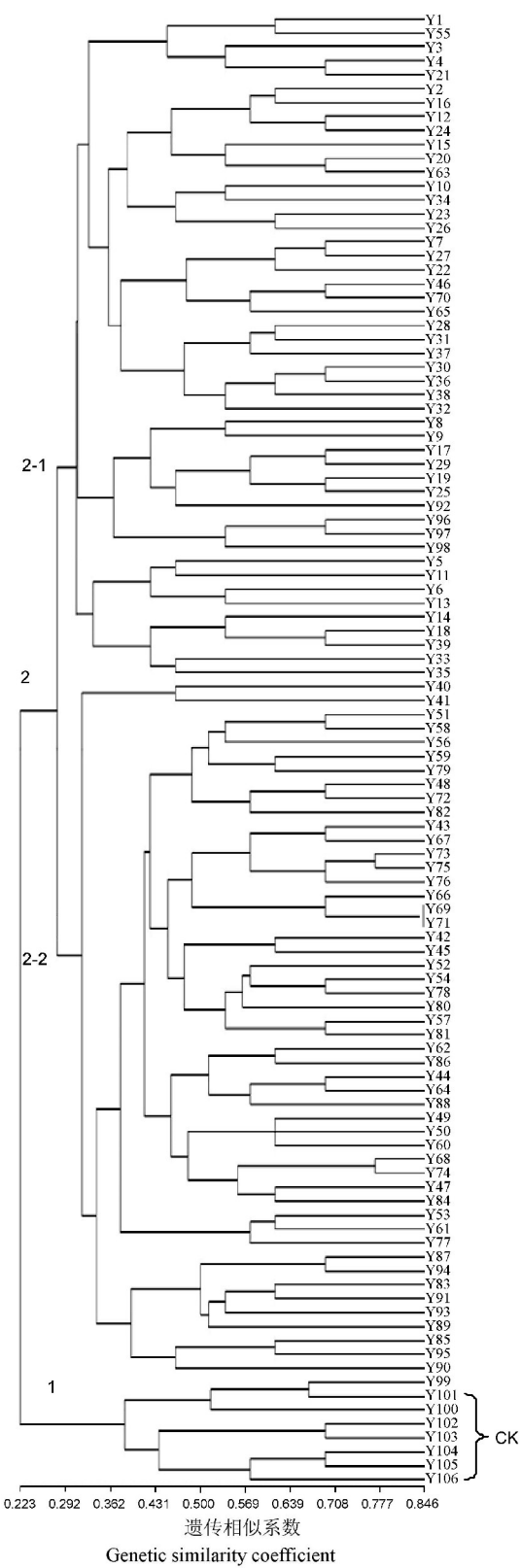
98 份月亮谷基于 48 个 SSR 标记的遗传相似系数平均值为 0.59,变幅为 0.31~1.00。其中,Y1 与 Y2、Y4 与 Y5、Y24 与 Y25、Y32 与 Y33、Y34 与 Y35、Y40 与 Y41、Y45 与 Y46、Y47 与 Y48、Y52 与 Y53、Y54 与 Y55、Y89 与 Y90 以及 Y83、Y84、Y85、Y86 相互之间 GS 最大,为 1;Y11、Y12 与 Y79 遗传相似系数最小,为 0.31。来自同一个村寨的月亮谷之间 SSR 水平遗传相似性很高,有的甚至无差异。然而,106 份供试材料的 SSR 水平上的相似性系数平均值为 0.57,变幅为 0.17~1.00,月亮谷与对照材料相似性最高为 0.80,最小为 0.17(图 2)。

可见,不管是表型还是 SSR 水平,相同村寨内的月亮谷遗传相似性高于村寨间。

2.3 聚类分析

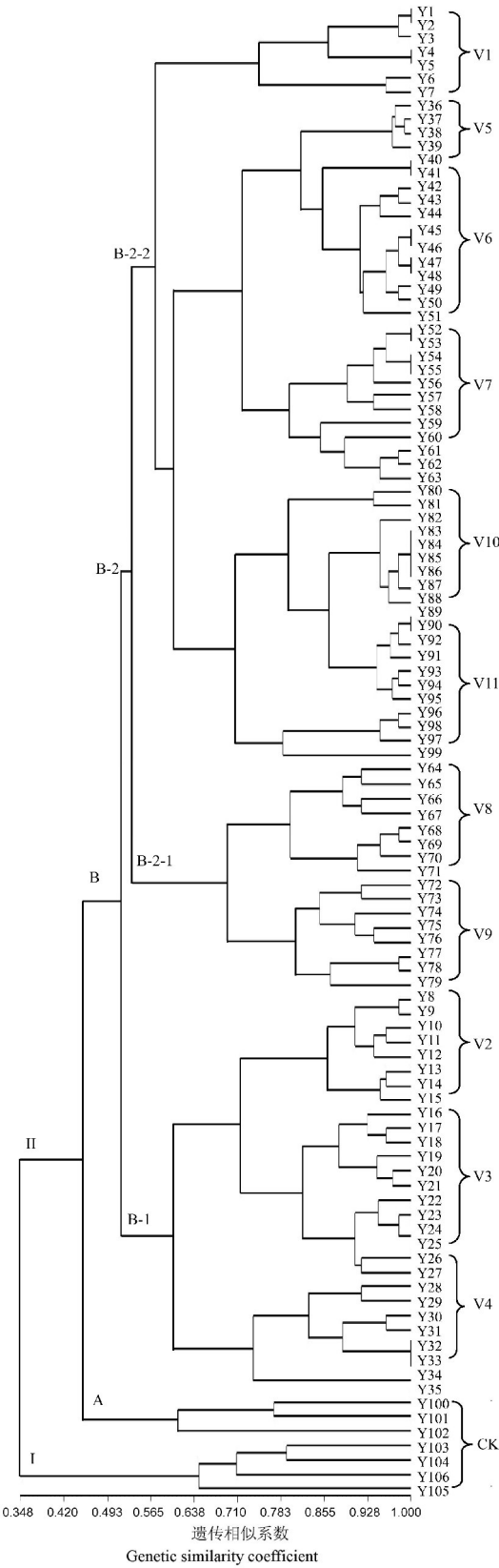
对 106 份材料基于 20 个表型性状进行聚类。图 1 显示,在 GS=0.22 处可将供试材料分成两类,类群 1 全部为对照品种,类群 2 全部为月亮谷。可见,月亮谷的表型性状与对照品种差异非常明显。类群 2 在 GS=0.29 处可以再分成 2-1 和 2-2 两小类。2-1 类中有 48 份月亮谷,主要来自村寨 V1、V2、V3、V4 和 V5,其中,包括村寨 V1 的全部 7 份,村寨 V2 的全部 8 份,村寨 V3 的全部 9 份,村寨 V4 的全部 9 份,村寨 V5 的 9 份中的 7 份,村寨 V6 的 1 份,村寨 V7 的 1 份,村寨 V8 的 3 份,村寨 V11 的 4 份。2-2 类中有 50 份月亮谷,主要来自村寨 V6、V7、V8、V9、V10 和 V11,包括村寨 V5 的 2 份,村寨 V6 的 9 份,村寨 V7 的 8 份,村寨 V8 的 7 份,村寨 V9 的全部 10 份,村寨 V10 的全部 10 份,村寨 V11 的 5 份。

基于 SSR 标记的聚类分析(图 2),在 GS=0.35 处,将 106 份材料分为两大类群。Ⅰ类为粳亚种群,只有 4 份粳稻对照品种,即 Y103(楚粳 27)、Y104(日本晴)、Y105(02428)、Y106(合系 41);Ⅱ类为籼稻群,包括 4 份籼稻对照品种及 98 份月亮谷,共 102 份品种。从分子聚类图来看,月亮谷与籼稻聚为一类,有籼稻特征。在Ⅱ类中,GS=0.46 处又可以分 A 和 B 两类。A 类中只有 3 份对照品种(9311、滇屯 502 和大理早籼),B 类中有 1 份对照品种(IR36)和 98 份月亮谷。B 类在 GS=0.53 处又可以分 B-1 和 B-2 两类,B-1 类中有 21 份品种,主要



Y1~Y98 为来自云南省元阳县 10 个自然村的月亮谷材料。  
Y1 to Y98 were yuelianggu samples from 10 villages of Yuanyang, Yunnan Province.

图 1 基于表型数据的聚类分析  
Fig. 1. Dendrogram of cluster analysis based on phenotype data.



V1~V11 为村寨编号。  
V1—V11 are the code of villages.

图 2 基于 SSR 分子标记数据的聚类分析

Fig. 2. Dendrogram of cluster analysis based on SSR markers.

来自村寨 V2、V3 和 V4,包括村寨 V2 的全部 8 份,村寨 V3 的全部 9 份,村寨 V4 的全部 9 份及村寨 V5 的 2 份;B-2 类在  $GS=0.54$  处又分为 B-2-1 和 B-2-2 小类,B-2-1 类有 16 份,主要来自村寨 V8 和 V9,包括村寨 V8 的 7 份,村寨 V9 的 9 份;B-2-2 类有一个对照品种 Y99(IR36)及月亮谷在内的 67 份品种,主要来自村寨 V1、V5、V6、V7、V10 和 V11,包括村寨 V1 的全部 7 份,村寨 V5 的 6 份,村寨 V6 的 10 份,村寨 V7 的 9 份,村寨 V10 的 9 份,村寨 V11 的 9 份,村寨 V8 的 3 份,村寨 V9 的 1 份。若对 B-2-2 类进一步划分,可划分出 3 小类,即主要来自村寨 V1,村寨 V5 和 V6,村寨 V10 和 V11。

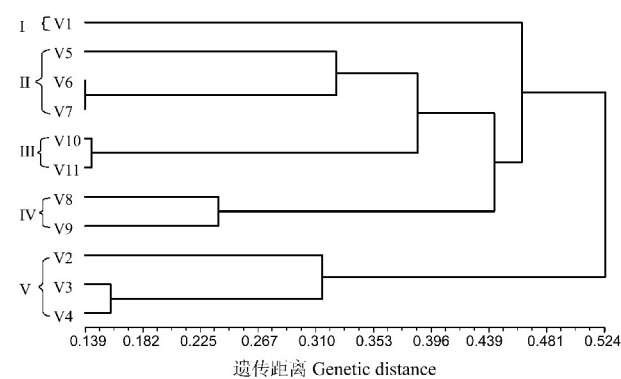
可见,无论表型还是 SSR 分子标记聚类,相同村寨月亮谷多数能聚在一起,其遗传相似性高于村寨间。

2.4 月亮谷 AMOVA 及居群分析

以 11 个自然村为单位,用 SSR 数据进行 AMOVA 分析,结果显示,村寨间变异达 67.18%,村寨内变异为 32.82%。经 PopGene 居群分析显示,平均遗传距离为 0.45,变幅为 0.14~0.77,遗传距离最小的是村寨 V6 与 V7,为 0.14,遗传距离最大的是村寨 V1 与 V3,为 0.77。来自 11 个村寨的月亮谷(图 3),可以分为 5 个居群,村寨 V1 单独聚为居群 I,村寨 V5、V6 和 V7 聚为居群 II,村寨 V10 和 V11 聚为居群 III,村寨 V8 和 V9 聚为居群 IV,村寨 V2、V3 和 V4 为聚居群 V。表明村寨间月亮谷的变异大于村寨内,月亮谷居群划分与村寨地理位置有明显关系。

3 讨论

籼稻和粳稻是亚洲栽培稻两大亚种,他们之间在生理特性和地理分布上存在明显差别<sup>[27]</sup>,云南籼稻主要分布在海拔 1500 m 以下,粳稻主要分布在海拔 1500 m 以上,而 1400~1600 m 为籼粳交错区,目前籼粳交错区中粳稻种植面积进一步扩大,粳稻在向更低海拔区域发展<sup>[28]</sup>。98 份月亮谷的程氏指数中 6 个性状得分均为 9 或 10 分,属于籼稻品种<sup>[25]</sup>;供试材料月亮谷在 RM213 的 165 bp 处<sup>[29]</sup>和 RM259 的 155 bp 处<sup>[30]</sup>均检测出籼稻特异性条带;在 SSR 聚类中,籼粳分化很明显,98 份月亮谷与籼稻品种聚为一大类,具有籼稻特征。因此,无论是根据程氏指数或是分子特征均说明月亮谷属籼稻品种。但是本研究中采集月亮谷的 11 个村寨中,分布



图左边 I ~ V 为居群编号。

I ~ V is the No. of population.

图3 村寨间聚类分析

Fig. 3. Dendrogram of cluster analysis between villages.

海拔最低的村寨是 1741 m，其余 10 个村寨的海拔均在 1800 m 以上，其中还有 7 个村寨 的海拔超过了 1900 m；尽管村寨海拔不一定都与所种植水稻田块的海拔一致，但根据元阳梯田区域农户就近垦殖农田习俗，不难设想这些月亮谷一定种植在习惯上所认为的粳稻分布区，更何况已经有研究表明月亮谷集中种植在 1600~2000 m<sup>[19]</sup>。同时，本研究基于 20 个表型性状的聚类，在 GS=0.22 处将 106 份材料分成两类，类群 1 全部为对照品种，类群 2 全部为月亮谷；表明月亮谷的表型性状与对照品种差异非常明显，月亮谷在形态上既有别于典型的籼稻，也不同于典型的粳稻，并且能够在海拔 1600 m 以上的梯田上种植，这应该是一个非常特别的籼稻地方品种，对于这样的一个地方品种，是值得深入研究的。结实率是直接影响品种产量的重要指标，在一定程度上也是反映品种适应性的特征指标，供试的 98 份月亮谷的平均结实率为 78.56%，变幅为 32.0%~92.4%；而 8 份对照品种结实率变幅很大，为 3.24%~75.63%，平均为 44.09%，其中 4 份籼稻对照的结实率变幅为 3.24%~58.50%，平均为 34.97%；4 份粳稻对照的结实率变幅为 11.54%~75.63%，平均为 49.64%。表明现代育成品种，无论是籼稻，还是粳稻，都无法很好地适应元阳哈尼梯田，月亮谷能够较好地适应元阳哈尼梯田，这在一定程度上反映了元阳哈尼梯田造就了月亮谷，月亮谷承载着元阳哈尼梯田的传统文化，在研究元阳哈尼梯田时，月亮谷是一个不可忽略的研究对象。月亮谷在元阳哈尼梯田具有较高的结实率，是否反映这

个品种具有一定的耐寒性？在亚洲栽培稻的籼、粳分化研究中，月亮谷应该也是一个具有一定研究价值的品种。He 等<sup>[20]</sup>研究表明，月亮谷在海拔 1092~1841 m 6 个不同海拔点的农艺性状无显著差异，可以推断月亮谷源自同一个“籼稻”品种。但是本研究表明，供试的 98 份月亮谷之间存在遗传变异，其变异 32.82% 来自村寨内，67.18% 来自村寨间，相邻村寨为同一居群，遗传距离与村寨地理位置的关系密切。高东等<sup>[12]</sup>研究则表明，月亮谷内部遗传异质性很高，约有 90% 的变异来自户内，约 10% 的变异来自户间；表明月亮谷不是一个遗传纯一的品种，经过不同村寨甚至不同农户间的人工选择压力，月亮谷成为一个有一定遗传变异的群体。徐福荣等<sup>[31]</sup>研究表明，元阳哈尼人民有着自己独特的稻作习惯和传统习俗，同一田块连续种植一个品种不能超过 5 年，一般 3~5 年这个田块必须换其他品种种植，为此每隔 3 年都需要与邻居或邻村换种。高东等<sup>[32]</sup>指出，频繁、规律的换种是保证元阳哈尼梯田水稻地方品种多样性的重要因素；董树斌等<sup>[14]</sup>指出，云南农民有特定的种子保留和种子互换的习惯，在不同村落之间，不同地区之间以及同一区域不同海拔之间互换同一品种的不同种子，这对于促进品种内不同遗传类型的共存与传播，多态型品种在群体内部达到一种动态的平衡具有重要的意义，这可能就是地方品种内部具有较高多态性以及具有可持续利用价值的遗传机理。此外，在本研究中，形态性状聚类结果与 SSR 聚类结果的差异，反映出月亮谷在形态上与对照品种有明显差异，在 SSR 水平上与籼稻对照品种的趋同，是否暗示着当地农户基于所喜好的性状对月亮谷品种中的某些性状进行了选择，导致了形态上的变异，而这样的变异在所用的 SSR 标记水平上还没有得到反映；这样的推论得到了月亮谷的遗传变异与村寨地理位置的关系密切的支持。因此，在表观遗传学研究中，我们所用月亮谷材料也有其一定的研究价值。

不仅如此，月亮谷也有作为优异基因资源的开发价值。根据元阳县志(1990)记载，元阳哈尼梯田近百年均未有稻瘟病大发生记载。严红梅等<sup>[33]</sup>研究表明，元阳哈尼梯田当前种植的月亮谷中抗稻瘟病，是否暗示着月亮谷拥有持久抗稻瘟性基因？He 等<sup>[20]</sup>、高东等<sup>[31]</sup>和陆旭等<sup>[34]</sup>研究均表明，所研究的现代育成品种均无法满足元阳哈尼田稻作生产要求。元阳哈尼梯田从海拔 200~2000 m 均有分布；

具有独特的世界观、文化传承及梯田生产管理模式<sup>[35-36]</sup>,有着垂直分布的湿地生态系统<sup>[37-38]</sup>,以及特殊的地形地貌和民族传统习俗<sup>[15-16]</sup>。可以推测,独特的哈尼梯田及其传统文化造就了月亮谷的特殊性,虽然月亮谷在元阳哈尼梯田的产量不高,但是它是元阳哈尼梯田生态系统很重要的不可或缺的品种,它对于元阳哈尼梯田存续发挥着重要作用。

# 参考文献:

- [1] Zhu Y Y, Chen H R, Fan J H, et al. Genetic diversity and disease control in rice. *Nature*, 2000, 406(6797): 718-722.
- [2] 齐永文, 张冬玲, 张洪亮, 等. 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.
- [3] 魏兴华, 汤圣祥, 江云珠, 等. 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.
- [4] 林世成, 闵绍楷. 中国水稻及其系谱. 上海: 上海科学技术出版社, 1992: 282-292.
- [5] 庄杰云, 钱惠荣, 陆军, 等. 籼稻品种遗传变异性初探. *中国农业科学*, 1996, 29(2): 17-22.
- [6] 郑康乐, 庄杰云. 我国水稻推广品种的遗传变异性 and 种质资源的开发利用. *中国农业科技导报*, 2000, 2(3): 69-72.
- [7] 曾亚文, 李自超, 申时全, 等. 云南地方稻种的多样性及优异种质研究. *中国水稻科学*, 2001, 15(3): 169-174.
- [8] Dai L Y, Lin X H, Ye C R, et al. Identification of quantitative trait loci controlling cold tolerance at the reproductive stage in Yunnan landrace of rice Kunmingxiaobaigu. *Breeding Sci*, 2004, 54: 253-258.
- [9] 杨志奇, 杨春刚, 汤翠凤, 等. 中国粳稻地方品种孕穗期耐冷性评价及聚类分析. *植物遗传资源学报*, 2008, 9(4): 485-491.
- [10] 卢宝荣, 朱有勇, 王云月. 农作物遗传多样性农家保护的现状及前景. *生物多样性*, 2002, 10(4): 409-414.
- [11] 高东, 王云月, 何霞红, 等. 元阳白脚老梗水稻地方品种内遗传异质性及意义. *分子植物育种*, 2009, 7(2): 283-291.
- [12] 高东, 毛如志, 朱有勇. 水稻地方品种与改良品种内部遗传异质性的比较分析. *分子植物育种*, 2010, 8(3): 432-438.
- [13] 孙建昌, 曹桂兰, 李亚非, 等. 水稻地方品种群体内的遗传多样性分析. *西北农林科技大学学报: 自然科学版*, 2011, 12(39): 1-9.
- [14] 董树斌, 卢宝荣, 王云月, 等. 云南水稻传统品种内的遗传多样性及其维持机制初探. *云南农业大学学报*, 2010, 15(1): 1-8.
- [15] 王清华. 袁牢山自然生态与哈尼族生存格局. 昆明: 云南社会科学出版社, 1998, 2: 71-74.
- [16] 王清华. 梯田文化论. 昆明: 云南大学出版社, 1999: 13-15.
- [17] 徐福荣, 张恩来, 董超, 等. 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.
- [18] 徐福荣, 董超, 杨文毅, 等. 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.
- [19] 杨文毅. 元阳哈尼梯田水稻地方品种“月亮谷”的遗传差异研究 [D]. 昆明: 云南农业大学, 2011: 7-8.
- [20] He X H, Sun Y, Gao D, et al. Comparison of agronomic traits between rice landraces and modern varieties at different altitudes in the paddy fields of Yuanyang Terrace, Yunnan Province. *J Resour Ecol*, 2011, 2(1): 46-50.
- [21] 徐福荣, 张恩来, 董超, 等. 云南哈尼梯田地方稻种主要农艺性状鉴定评价. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(4): 413-417.
- [22] 杨庆文, 陈成斌, 张万霞, 等. SSR 等位变异数对普通野生稻居群遗传结构分析的影响. *中国水稻科学*, 2005, 19(4): 297-302.
- [23] 魏兴华, 袁筱萍, 余汉勇, 等. 我国常规稻主栽品种的遗传变异分析. *中国水稻科学*, 2009, 23(3): 237-244.
- [24] 彭锁堂, 王海岗, 魏兴华, 等. 我国三系杂交稻主要不育系的微卫星标记多样性和遗传结构分析. *中国水稻科学*, 2008, 22(4): 365-369.
- [25] 韩龙植, 魏兴华, 曹桂兰, 等. 水稻种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006: 15-25.
- [26] 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: 43-49.
- [27] 陈雨, 潘大建, 曲延英, 等. 水稻粳分化研究进展. *广东农业科学*, 2007(12): 3-7.
- [28] 李月成. 云南稻作栽培//蒋志农. 云南稻作. 昆明: 云南科学技术出版社, 1995: 254-258.
- [29] 黄建勋, 张凯, 江良荣, 等. SSR 标记对籼稻品种的遗传多样性分析. *厦门大学学报: 自然科学版*, 2006, 45(1): 120-124.
- [30] 樊叶杨, 庄杰云, 吴建利, 等. 应用微卫星标记鉴别水稻粳梗亚种. *遗传*, 2000, 22(6): 392-394.
- [31] 徐福荣. 云南元阳哈尼梯田水稻地方品种遗传多样性研究 [D]. 南京: 南京农业大学, 2010: 66-68.
- [32] 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.
- [33] 严红梅, 李进斌, 汤翠凤, 等. 云南元阳哈尼梯田不同时期种植的地方品种稻瘟病抗性评价. *中国农学通报*, 2011, 27(15): 263-268.
- [34] 陆旭, 杨志新, 续勇波. 不同氮肥用量对元阳梯田水稻产量及构成因素的影响. *云南农业大学学报*, 2011, 26(3): 376-381.
- [35] 毛佑全, 李期博. 哈尼族. 北京: 民族出版社, 1989: 63-65.
- [36] 孙官生. 古老神奇博大一哈尼民族文化探源. 昆明: 云南人民出版社, 1991: 27-27.
- [37] 角媛梅. 哈尼梯田文化生态系统研究. *人文地理(增)*, 1999: 56-59.
- [38] 姚敏, 崔保山. 哈尼梯田湿地生态系统的垂直特征. *生态学报*, 2006, 26(7): 2115-2124.