

# Genetic Analysis and Identification of the Early-Maturing Variety Hengzao 1

Nan Chen, Zening Zhang, Shenkui Shi, Chunfang Wang\*

Hebei Normal University for Nationalities, Chengde Hebei  
Email: wangchunfang18@126.com

Received: Apr. 30<sup>th</sup>, 2018; accepted: May 11<sup>th</sup>, 2018; published: May 22<sup>nd</sup>, 2018

---

## Abstract

In this study using SSR molecular marker technology we carried out the genetic relationship analysis and comparison between the early-maturing variety Hengzao 1 and other eleven early-maturing varieties including eleven late-maturing varieties and seven varieties in regional trial. Genetic relationship map was constructed for Hengzao 1 and other varieties. The results would lay a foundation to the new C4 model plant genotype for Hengzao 1 and make preparations for the functional gene identification. In this study we successfully constructed UPGMA dendrogram according to cluster analysis on thirty different foxtail millet varieties based on the similar coefficients. All the varieties were classified into three major groups and the similar coefficient was in the range of 0.86~0.92. Hengzao 1 had the closest genetic relationship with the regional trial cultivar Jigu 25 and Chengguhuang. Therefore, the elucidation of the genetic relationship between Hengzao 1 and other main cultivars would lay a foundation to the study of the genetic characteristic of Hengzao 1. Meanwhile, it also would give the preparation for the functional gene validation of foxtail millet as C4 model plant.

## Keywords

*Setaria italic*, SSR, Genetic Diversity, Cluster Analysis

---

# 谷子早熟品种衡早一号遗传关系分析与鉴定

陈楠, 张泽宁, 史慎奎, 王春芳\*

河北民族师范学院, 河北 承德  
Email: wangchunfang18@126.com

收稿日期: 2018年4月30日; 录用日期: 2018年5月11日; 发布日期: 2018年5月22日

\*通讯作者。

## 摘要

本研究主要利用SSR分子标记技术,将谷子早熟品种衡早一号及其他11种早熟品种、11种晚熟品种和7种区试品种的遗传关系进行分析,构建衡早一号与其他品种的遗传关系图谱,为其作为新的C4模式植物候选基因型研究奠定基础,同时也为功能基因验证做准备。本研究通过对30份不同谷子样品进行聚类分析,成功构建UPGMA聚类图。对30份不同谷子品种的遗传分析发现,其相似性系数在0.86~0.92之间,分为3个大类。衡早一号与区试主栽品种尤其是冀谷25和承谷黄的遗传关系最紧密。因此,对衡早一号与其他品种遗传关系的鉴定,为进一步研究衡早一号的遗传特性奠定基础。同时也为谷子作为C4模式植物选择合适的基因型进行功能基因验证做准备。

## 关键词

谷子, SSR, 遗传多样性, 聚类分析

Copyright © 2018 by authors and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 引言

谷子(*Setaria italica* (L.) Beauv.)起源于我国[1],其栽培史距今至少 7300 年。在禾谷类作物中,谷子富含大量的维生素 A 和 E,营养价值丰富[2] [3]。谷子被广泛种植于我国北方地区,主要分布在干旱、半干旱的丘陵山区,年种植面积高达 25,000 万亩左右,是我国重要的出口粮食作物。此外,由于谷子具粮草兼用、耐干旱、水分利用率高等特点[4] [5],被认为是环境友好型作物,同时也是应对未来世界人类将面临的日益严重的水资源贫瘠和粮食储备不足等状况的优选贮备作物。因此,应该更加重视有关谷子的基础科研发展,让谷子在绿色可持续生态农业建设中发挥重要作用。

模式生物的研究和利用在生命科学领域中起着至关重要的作用,而选择模式植物理想的基因型对其基础研究是至关重要的。河北省农林科学院旱作农业研究所对夏谷新品种衡谷 9 号行系的研究过程中发现了衡早一号植株。衡早一号是二倍体作物,疑似衡谷 9 号的突变体,经多代自交选育成为新品种。早熟品种衡早一号所具有的植株矮小(大约 50 cm 左右)、生育期短(一般 57 天左右)、一年可多代种植、自花授粉等特点都有助于为其作为 C4 模式植物理想基因型的研究。

作为重要的 DNA 标记技术之一的 SSR 技术已广泛用于植物遗传多样性、遗传图谱构建以及功能基因定位等研究。本研究利用 SSR 标记[6] [7] [8] [9] [10]对 30 份不同谷子样品进行遗传关系研究,SSR (Simple Sequence Repeats)标记法能科学有效的鉴定谷子间的亲缘关系,其特点有数量充足、多态性高、可靠性强以及操作简单等[11]。

## 2. 实验材料与方法

### 2.1. 植物材料

本研究选择 30 份不同谷子品种,均由河北省农林科学院谷子研究所提供的,其中除谷子早熟品种衡早一号外,还有另外 11 个早熟品种、11 个晚熟品种以及 7 个区试品种,对这 30 份不同谷子品种进行遗传多样性分析。

## 2.2. 实验方法

用 CTAB 法提取基因组 DNA, 之后将 DNA 稀释到 100 ng/ $\mu$ l 于 0.5  $\mu$ l 离心管中。

采用 20  $\mu$ l 的 PCR 反应体系, 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min, 95 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 退火 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 72 $^{\circ}$ C 彻底延伸 5 min, 变性、退火、延伸设置 30 个循环的 PCR 程序, 根据对应引物设置退火温度。

## 2.3. 谷子 SSR 引物来源

本研究所用引物来源如下: 种质资源系玉米课题组贾小平博士所开发的谷子 SSR 引物, 本实验室李琳博士根据印度 Prasad 所开发的引物以及汪浩博士根据美国基因组测序结果设计的引物等。

用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳进行基因型检测, 数据记录方法是: 将扩增出来的条带聚集区用长尺子做平行线, 在同一平行线上, 长度一样的标记为相同的字母, 不一样的基因型标记为不同的字母, 从 A 到 Z。如 SSR 标记引物 p61 对 30 份不同谷子材料的扩增结果(见图 1)。

## 2.4. 数据统计与分析方法

### 2.4.1. SSR 条带统计

用 Excel 的形式, 将清晰的条带转换成数字形式, 形成“01”矩阵(要求: 无带记为“0”, 有带记为“1”)[12]。

### 2.4.2. 聚类分析

通过 NTSYS (Version 2.10e) 软件对本研究基因型数据进行分析[13], 从而获得 30 份谷子样品即早熟品种衡早一号、11 种早熟品种、11 种晚熟品种以及 7 种区试品种间遗传关系的聚类图。

### 2.4.3. 遗传多样性分析

本研究通过 POPGENE V1.32 (Yeh F, 1997) 软件来分析数据[14], 从而获得有效等位变异数  $N_e$ 、香农-韦弗(Shannon-Weaver)指数  $I$ 、观测核苷酸杂合度( $H_o$ )、期望核苷酸杂合度( $H_e$ )、Nei's 多样性指数以及等位变异数  $N_a$ 。

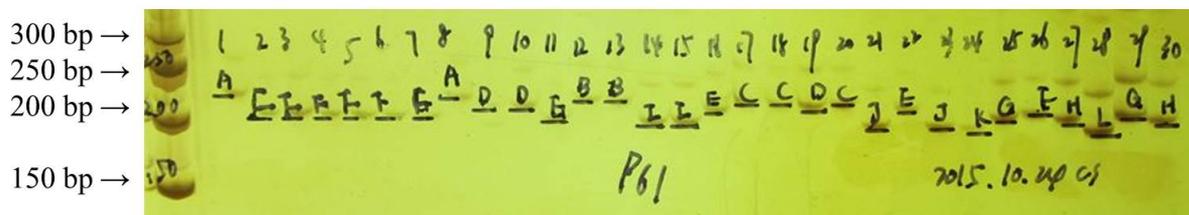
## 3. 结果与分析

### 3.1. 遗传多样性分析

本研究 30 份不同谷子样品之中, 通过不同的 SSR 引物的基因型检测发现等位变异位点( $N_a$ )范围在 8~21 个之间, 平均每对引物扩增出 12.1500 个, 在本研究所有引物之中引物 b159、b185 和 b247 位点检测到等位变异都是 8 个, 是最少的; 而引物 p80 位点检测到等位变异是 21 个, 是最多的。有效等位基因数( $N_e$ )的范围是 5.4217~16.6667, 其中引物 b142 最少, 为 5.4217 个; 引物 b165 最多, 为 16.6667 个, 平均有效等位基因数是 9.3761 个。Shannon-Weaver 多样性指数分布在 1.8297~2.9391 之间, 平均为 2.3172。观测杂合度( $H_o$ )范围是 0.0441~0.1706, 平均为 0.0994。期望杂合度( $H_e$ )变幅在 0.8294~0.9559 之间。Nei's 多样性指数为 0.8156~0.9400。其中, 引物 p80 的 6 种指数都是最高的, 即引物 p80 显示的多态性信息最丰富(见表 1)。

### 3.2. 聚类分析

通过对基因型数据进行整理, 记为了由“0”和“1”组成的原始矩阵, 再由 NTSYS (Version 2.10e) 软件对 30 份不同谷子样品进行聚类分析(见图 2)。30 份不同谷子样品的相似性系数在 0.86~0.92 之间, 从遗传距离 0.852 处可分为 3 大类。



**Figure 1.** Amplification of SSR primer P61 in 30 foxtail millet accessions

**图 1.** 引物 P61 对 30 份不同谷子样品扩增的结果

**Table 1.** The genetic diversity analysis of 30 foxtail millet accessions

**表 1.** 30 份不同谷子样品遗传多样性分析结果

SSR	Na	Ne	I	Ho	He	Nei's
p88	15.0000	9.0430	2.4674	0.0950	0.9050	0.8894
b165	14.0000	10.4651	2.4799	0.0802	0.9198	0.9044
p182	10.0000	7.0312	2.0895	0.1277	0.8723	0.8578
p80	21.0000	16.6667	2.9391	0.0441	0.9559	0.9400
b159	8.0000	5.4217	1.8297	0.1706	0.8294	0.8156
p61	12.0000	9.3750	2.3610	0.0915	0.9085	0.8933
p98	10.0000	8.3333	2.1942	0.1051	0.8949	0.8800
b109	18.0000	14.7544	2.7873	0.0514	0.9486	0.9322
b247	8.0000	5.4812	1.8488	0.1670	0.8330	0.8176
b189	9.0000	7.8605	2.1183	0.1101	0.8899	0.8728
SI017	13.0000	8.8235	2.3526	0.0983	0.9017	0.8867
b263	11.0000	8.4906	2.2404	0.1028	0.8972	0.8822
p32	11.0000	9.7826	2.3323	0.0870	0.9130	0.8978
p59	11.0000	9.3750	2.3035	0.0915	0.9085	0.8933
b142	14.0000	10.9221	2.5098	0.0756	0.9244	0.9084
b185	8.0000	6.5194	1.9596	0.1385	0.8615	0.8466
b258	14.0000	10.0000	2.4511	0.0847	0.9153	0.9000
p20	12.0000	8.8235	2.3148	0.0983	0.9017	0.8867
p269	10.0000	8.8235	2.2314	0.0983	0.9017	0.8867
SI119	14.0000	11.5294	2.5335	0.0701	0.9299	0.9133
Mean	12.1500	9.3761	2.3172	0.0994	0.9006	0.8852

第 I 大类群共包含 7 个谷子品种，全部为早熟品种，分别是龙爪粘、肯尼亚、梁谷、蜡烛台、稷里莠、石炮谷、红十里香。其中红十里香和龙爪粘的亲缘关系较近，蜡烛台和肯尼亚的亲缘关系较近。

第 II 大类群较多，共包括 16 个谷子品种。除了新疆红谷、龙爪谷、绳子头、大青苗这 4 种早熟品种和承谷红这 1 种 DUS 品种以外[16]，剩下是包含安矮子、延安大粒、小红谷、花里齐头白、洛阳白银料红白等在内的所有 11 个品种为晚熟品种。其中该类群在相似性系数为 0.856 处又可以分为两个亚群。

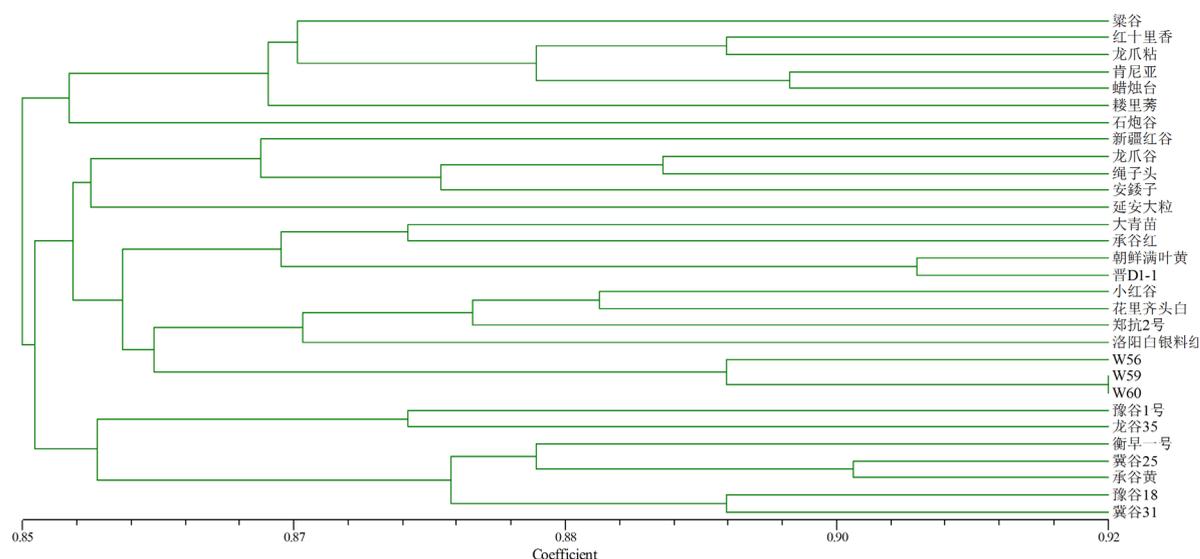


Figure 2. Cluster dendrogram of 30 foxtail millet accessions

图 2. 30 份不同谷子样品聚类图

第 1 个亚群包括新疆红谷、龙爪子、绳子头、安鏊子和延安大粒。其中新疆红谷和延安大粒的遗传相似性指数都很小。第 2 个亚群包含大青苗、承谷红以及朝鲜满叶黄在内的 11 个品种, 其中大青苗和承谷红、朝鲜满叶黄和晋 D1-1、小红谷和花里齐头白分别聚成一类。该亚群中遗传相似性指数最小的是晚熟品种洛阳白银料红白, 为 0.87, 说明它与其他样品亲缘关系较小, 可作杂交亲本, 利于选择杂种后代[17]。

第 III 类群共包含 7 个谷子品种, 分别是早熟品种衡早一号和 6 个 DUS 测试品种, 分别为冀谷 25、承谷黄、豫谷 1 号、龙谷 35、豫谷 18 以及冀谷 31。在该类群中豫谷 1 号和龙谷 35 聚为一类、承谷黄和冀谷 25 聚为一类、豫谷 18 和冀谷 31 聚为一类。其中衡早一号的遗传相似性指数为 0.879, 与 DUS 测试品种承谷黄和冀谷 25 的亲缘关系较接近。

#### 4. 讨论

本研究通过对 30 份不同谷子品种进行聚类分析, 构建了遗传关系图谱。结果分成 3 类, 其中 7 个早熟品种聚为第 I 大类, 所有的晚熟品种和 4 种早熟品种以及 1 种区试品种聚为第 II 大类, 早熟品种衡早一号和 6 种区试品种聚为第 III 大类。在第 III 大类中, 早熟品种衡早一号与区试品种冀谷 25 和承谷黄的遗传关系最为接近。因此, 总体来看, 早熟品种衡早一号与其他 11 种早熟品种和 11 种晚熟品种的遗传多样性差异较大, 与主栽品种尤其是冀谷 25 和承谷黄的遗传关系最紧密, 因此对于衡早一号与其他品种关系的鉴定, 为进一步研究衡早一号的遗传特性奠定基础, 同时也为谷子作为 C4 模式植物选择合适的基因型进行功能基因验证做准备。

随着功能基因组学的发展, 模式生物的研究工作也不可忽视[18] [19]。谷子衡早一号虽然是新品种, 但却符合谷子作为 C4 模式植物理想基因型的要求。目前, 在国内仅有张丽等对衡早一号有过研究[20]。因此, 要想使谷子新品种衡早一号作为 C4 模式植物最佳基因型更早被利用, 今后必须在现有的研究基础之上, 更全面掌握衡早一号的其他生物学特性。

#### 基金项目

2016 年度河北省自然科学基金资助项目(C2016101019); 2014 年度河北民族师范学院校级课题

(201408); 2017 年度承德市科技局科研项目(201706A083); 2016 年度河北民族师范学院青年基金项目(QN201601)。

## 参考文献

- [1] 王春芳. 利用微卫星标记分析中国谷子地方品种的群体结构与遗传多样性[D]: [硕士学位论文]. 石家庄: 河北师范大学, 2011: 88-93.
- [2] 王永芳, 李伟, 刁现民, 等. 基于谷子测序开发的 SSR 标记多态性检测[J]. 河北农业科学, 2010, 14(11): 73-76.
- [3] 李荫梅. 谷子育种学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996.
- [4] 周汉章, 任中秋. 谷田杂草化学防除面临的问题及发展趋势[J]. 河北农业科学, 2010, 14(11): 56-58.
- [5] 李东辉, 张树森, 崔文生, 等. 谷子(粟)的栽培特点[J]. 中国农业科学, 1962, 3(12): 45-49.
- [6] 崔娜, 邱杨, 李锡香, 等. 萝卜 EST 资源的 SSRs 标记开发[J]. 园艺学报, 2012, 39(7): 1303-1312.
- [7] 敖日格乐, 贾晓, 葛台明. SSR 分子标记的开发策略概述[J]. 湖北民族学院学报: 自然科学版, 2009, 27(4): 462-467.
- [8] 张增翠, 侯喜林. SSR 分子标记开发策略及评价[J]. 遗传, 2004, 26(5): 763-768.
- [9] 张征锋, 肖本泽. 基于生物信息学与生物技术开发植物分子标记的研究进展[J]. 分子植物育种, 2009, 7(1): 130-136.
- [10] 李召华, 朱克永, 陈祖武, 等. SSR 分子标记技术在杂交水稻种子纯度鉴定中的应用[J]. 杂交水稻, 2006, 21(4): 11-14.
- [11] 张艳芳, 孙宜梅, 康相涛, 等. 多重 PCR 法在微卫星标记中的效果观察[J]. 安徽农业科学, 2009, 27(10): 4411-4413.
- [12] 朱建楚. 基于 PCR 标记的糜子遗传多样性分析[D]: [硕士学位论文]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2005.
- [13] Yeh, F.C., Yang, R.C. and Boyle, T. (1999) Popgene Version 1.31 Quick User Guide. Centre for International Forestry Research, University of Alberta, Edmonton.
- [14] Rohlf, F.J. (2000) NTSYSpc. Numerical Taxonomy and. Multivariate Analysis. System. Version 2.1. Exeter Software, New York.
- [15] 王节之, 郝晓芬, 王根全, 等. 谷子种质资源分子标记的多态性研究[J]. 生物技术, 2006, 16(1): 10-14.
- [16] 李伟, 智慧, 王永芳, 等. 谷子 DUS(特异性、一致性和稳定性)测试指南的制定[J]. 河北农业科学, 2012, 16(2): 4-7.
- [17] 刘超. 籽用南瓜种质资源遗传多样性研究[D]: [硕士学位论文]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2012.
- [18] 景志忠, 才学鹏. 模式生物基因组研究进展[J]. 生物医学工程学杂志, 2004, 21(3): 506-511.
- [19] Garner, W.W. and Allard, H.A. (1920) Effect of the Relative Length of Day and Night and Other Factors of the Environment on Growth and Reproduction in Plants. *Journal of Agricultural Research*, **18**, 5532-5606.
- [20] 张丽. 衡早一号作为谷子模式研究品种的探讨[D]. 石家庄: 河北师范大学, 2012: 1-33.

### 知网检索的两种方式:

1. 打开知网页面 <http://kns.cnki.net/kns/brief/result.aspx?dbPrefix=WWJD>  
下拉列表框选择: [ISSN], 输入期刊 ISSN: 2164-5507, 即可查询
2. 打开知网首页 <http://cnki.net/>  
左侧“国际文献总库”进入, 输入文章标题, 即可查询

投稿请点击: <http://www.hanspub.org/Submission.aspx>

期刊邮箱: [hjas@hanspub.org](mailto:hjas@hanspub.org)