

左示敏,周娜娜,陈宗祥,等. DNA 指纹在水稻品种鉴定中的应用与展望[J]. 江苏农业科学,2014,42(12):4-8.

doi:10. 15889/j. issn. 1002-1302. 2014. 12. 002

# DNA 指纹在水稻品种鉴定中的应用与展望

左示敏<sup>1</sup>,周娜娜<sup>1</sup>,陈宗祥<sup>1</sup>,张亚芳<sup>1</sup>,汤义华<sup>2</sup>,毛从亚<sup>2</sup>,许学宏<sup>2</sup>,许明<sup>2</sup>,许如根<sup>1</sup>,潘学彪<sup>1</sup>

(1. 扬州大学农学院/江苏省作物遗传生理国家重点实验室培育点/教育部植物功能基因组学重点实验室,江苏扬州 225007;

2. 江苏省种子管理站,江苏南京 210036)

**摘要:**DNA 指纹检测技术应用于植物新品种鉴定已是必然的发展趋势,在水稻上与其相关的技术标准仍待完善。本文对 DNA 指纹检测中主要涉及的分子标记及特点进行归纳,并综述了 DNA 指纹在我国水稻品种鉴定中的应用现状及存在的问题。提出了构建国家和地方两级 DNA 指纹标准的必要性和策略,认为可将利用高密度 SNP 标记构建的品种 SNP 指纹制定为国家标准,而基于核心 SSR 标记构建的品种 SSR 指纹可制定为地方标准。讨论了两级 DNA 指纹标准在品种培育、审定管理、市场监管及品种权保护过程中的应用策略以及仍需研究的问题,以期建立规范化的“水稻品种鉴定 DNA 指纹”检测方法提供帮助。

**关键词:**水稻;品种鉴定;DNA 指纹;分子标记;标准

**中图分类号:**S511.037 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2014)12-0004-04

品种是指人类在一定的生态条件和经济条件下,根据人类的需要所选育的某种作物的一定群体,它具备相对稳定的遗传特性,在生物学、形态学及经济性状上具有相对一致性,与同一作物的其他群体在特征、特性上有所区别即特异性,在产量、抗性、品质等方面都能符合相应地区的生产发展需要<sup>[1]</sup>。作物优良品种的选育和推广是现代农业建设的重要支撑,是确保我国粮食安全的关键环节。对植物品种进行 DUS(特异性、一致性和稳定性)测试一直是新品种保护的技术基础和授权的科学依据<sup>[2-3]</sup>。DUS 测试主要以田间种植鉴定为主,即根据品种间的田间表型差异判定新品种是否有别于其他品种<sup>[2-3]</sup>。由于 DUS 测试周期长、易受环境影响、工作量大,加上新品种数量越来越多,导致在实践中无法通过 DUS 测试确定新品种是否有别于现有的所有品种,以及在违规经营中究竟侵犯了哪个品种,此外鉴定结果也严重滞后,影响了执法效率<sup>[3]</sup>。研究表明,DNA 分子标记可应用于品种真实性鉴定、审定监管等各个环节,其具备鉴定效率高、周期短、结果准确等诸多优点<sup>[4-8]</sup>。在水稻上,迄今尚未形成一个广适性的品种 SSR 指纹检测标准<sup>[9-11]</sup>。本文对 DNA 指纹在水稻品种鉴定中的应用和发展趋势进行分析,提出构建国家和省级两级 DNA 指纹标准的建议及构建策略,以期为不同领域的研究和管理人员理解 DNA 指纹并尽快建立标准化的应用规程提供帮助。

## 1 水稻品种鉴定中主要涉及的 DNA 分子标记

### 1.1 SSR 标记及其多态性分析方法

SSR(simple sequence repeat)标记即简单序列重复,一般

收稿日期:2014-09-27

基金项目:江苏省高校自然科学基金(编号:12KJB210007);扬州大学科技创新培育基金(编号:2013CXJ051)。

作者简介:左示敏(1980—),男,江苏泗阳人,博士,副教授,从事水稻抗病分子育种研究。Tel:(0514)87972136;E-mail:shiminzu080@126.com。

是由 2~4 个核苷酸为重复单位(基序,motif)组成的长达几十个核苷酸的串联重复序列,如(AT)<sub>n</sub>、(GCA)<sub>n</sub>等,其中 n 表示重复次数,其在一物种不同基因型品种间的差异较大,并造成 SSR 长度多态性<sup>[5,11]</sup>。SSR 位点两端多是保守的单拷贝序列,因此,可用两侧的保守序列开发特异 PCR 引物,并通过 PCR 和凝胶电泳技术,显示 SSR 位点在品种/个体间的多态性。由于生物基因组中存在非常丰富的 SSR 位点、数量庞大,理论上分布于整个基因组的的不同位置上,因而,基于 SSR 位点的分子标记可用于鉴别品种的遗传多样性。随着水稻基因组序列的测序完成,水稻基因组中被发现存在超过 18 000 个 SSR 位点,平均每 25 kb 就存在 1 个 SSR 位点<sup>[12-13]</sup>,这为利用 SSR 标记研究水稻品种间的遗传多样性以及品种真伪性提供了丰富的标记基础。

SSR 技术具有操作简便、效率高、重复性强等特点,现已被广泛应用于水稻遗传图谱构建、重要性状基因定位和标记辅助育种等众多领域,也是当前主要农作物品种(如玉米、水稻、大豆)真伪性鉴定中应用最广泛的分子标记<sup>[11,14-17]</sup>。SSR 标记的多态性检测可采用琼脂糖凝胶电泳、(变性或非变性)聚丙烯酰胺凝胶电泳和毛细管电泳荧光检测法进行<sup>[15,17-20]</sup>,各方法的优缺点见表 1。比较而言,毛细管电泳荧光标记检测方法的分辨率最高<sup>[19-20]</sup>,理论上可达到 1 bp,尽管当前的仪器设备和试剂成本较高,但由于该方法可实现自动化以及实现不同批次样本电泳结果间的直接比较,因此其检测体系一旦被建立,必将替代上述其他 2 种电泳分析方法。毛细管电泳荧光检测技术对 PCR 扩增的特异性要求较高,因此,不能简单地将常规的 PCR 扩增条件移植至毛细管电泳荧光检测方法中<sup>[19]</sup>。目前在玉米上已初步建立了基于毛细管电泳荧光检测法的品种 SSR 指纹分析技术<sup>[17,19]</sup>,但在水稻上,迄今只有 1 篇研究报道<sup>[20]</sup>,相关分子标记的扩增体系和条件尚有待优化和标准化。

### 1.2 SNP 标记及其多态性检测方法

SNP(single nucleotide polymorphism)是指由单核苷酸变

表 1 水稻品种鉴定中主要涉及的 DNA 分子标记及其多态性分析方法比较

标记类型	标记特点	多态性检测	多态性检测方法优缺点
SSR	长度多态性,数量较大	琼脂糖凝胶电泳	优点:操作简单、成本低、重复性好、显色方便,电泳图谱中的背景干扰少;根据代表性品种扩增条带可实现不同批次结果间的横向比较。缺点:分辨率低,难以区分 8 bp 以内的长度差异;不能给出扩增片段的长度估计值;不易实现自动化
		聚丙烯酰胺凝胶电泳	优点:分辨率中等,理论上可区分 3 bp 以上的长度差异;根据代表性品种扩增条带可实现不同批次结果间的横向比较。缺点:操作繁琐、效率低,显色过程中容易存在背景干扰;不可给出扩增片段的长度估计值;不易实现自动化
		毛细管电泳荧光标记	优点:分辨率高,理论上可区分 1 bp 长度差异;可实现自动化;结合标准品种可给出扩增片段长度的估计值;可实现不同批次结果间的直接比较。缺点:对模板质量、PCR 扩增特异性要求高;仪器及试剂成本较高
SNP	单核苷酸多态性,数量巨大,随机分布	芯片杂交检测	优点:直接给出 SNP 位点中的碱基组成,真正意义上的 DNA 指纹;容易获得与重要性状基因紧密连锁的 SNP 标记,育种利用价值高;自动化和通量化程度极高。缺点:多态性检测技术要求高,一般实验室无法开展;试剂成本高

异引起的 DNA 序列多态性,包括单碱基转换、颠换、插入及缺失等形式<sup>[21-22]</sup>。相比于其他 DNA 标记,SNP 标记在任一作物群体中的数量、基因组覆盖度和分布频率均最高,是研究作物品种遗传多样性和真伪性的最理想分子标记。在水稻基因组中,平均每 1 kb 即存在 1 个 SNP 位点,暗示绝大多数基因内均存在至少 1 个 SNP 位点<sup>[23-24]</sup>。长期以来,对单核苷酸多态性缺乏高效检测技术一直是限制 SNP 标记应用的最主要原因。近年来,随着 DNA 微阵列和芯片杂交技术的快速发展,SNP 标记在作物种质资源遗传多样性研究中的应用已成为现实<sup>[23-26]</sup>。

基于芯片杂交技术的 SNP 检测方法最显著优势是可确定样本在各 SNP 位点中的具体碱基组成<sup>[23]</sup>,因而是真正意义上的 DNA 指纹,这是上述基于 SSR 标记多态性分析中无法做到的。另外,1 张 SNP 芯片上可点阵几万甚至几十万个标记探针,且同时可对 96 个或 384 个样品进行 SNP 分析,因此是真正意义上的高通量、高效率的品种 DNA 指纹检测技术。例如,对于 1 张含有 2 000 个 SNP 位点的 96 孔板芯片,1 次杂交试验可得出 96 个样品中的每个样品在 2 000 个 SNP 位点中的基因型,检测效率极高。在 SSR 标记毛细管电泳荧光检测法中,以最新的高通量 SSR 分析系统(Advanced Analytical 公司的 Fragment Analyzer 系统)为例,该系统一次性可完成 10 个标记在 96 个样本(10×96 孔板)或 1 个标记在 960 个样本上的基因型分析,如果需要完成 96 个样本在 2 000 个 SSR 位点中的基因型分析,则需要至少 200 次独立反应,耗时长。如果需要增加标记个数,毛细管电泳荧光标记检测的工作量会相应增加,相反,对于 SNP 芯片,其携带的标记数不管多少,均是一次性完成,不需增加额外工作量。SNP 芯片杂交方法的主要缺点是检测成本高,且需要在专业化的芯片服务公司中进行,一般实验室无法开展。

利用 SNP 标记构建品种 DNA 指纹的最关键问题是选择合适的 SNP 位点,这需要行业内的科学家协作研究,待位点确定后即可在专业化芯片公司中制备和规模化生产 SNP 芯片以及开展后续的应用分析工作<sup>[23,27]</sup>。在水稻上,美国康奈尔大学 McCouch 实验室率先在 Affymetrix 公司定制了含有 4.4 万个 SNP 标记的 SNP 芯片,并利用其评价了国际水稻微核心种质库中的 414 份种质的遗传多样性<sup>[23]</sup>。此外,国内研究者还通过测序技术,对几千份国内外水稻品种的基因组序

列进行了重测序<sup>[28]</sup>,这为鉴定出更多有用的 SNP 位点提供了丰富的序列基础。这些研究表明,通过 SNP 芯片构建水稻品种 DNA 指纹是切实可行的。

## 2 DNA 指纹在水稻品种鉴定中的应用现状

在水稻品种 DNA 指纹图谱研究中,庄杰云等<sup>[9]</sup>通过 58 个候选 SSR 标记和 63 个代表性水稻品种为材料,确定了用于鉴定我国主栽水稻品种的 24 对核心 SSR 标记,并率先制定了“水稻品种鉴定 DNA 指纹方法”国家农业行业标准(NY/T 1433—2007)(以下简称旧标准)<sup>[29-30]</sup>,这是迄今水稻品种 DNA 指纹研究中最具代表性的一项工作。除此之外,不少学者还分别对不同地区、不同类型的水稻品种或重要育种材料进行了 DNA 指纹分析。如,肖小余等<sup>[10]</sup>以四川省主要杂交稻亲本为研究对象,从 208 对 SSR 引物中筛选出了 18 对多态性高的 SSR 标记,并以此构建了四川省 26 个主要杂交稻亲本材料的 SSR 指纹图谱。程本义等<sup>[31]</sup>、陈英华等<sup>[32]</sup>、杨旭等<sup>[33]</sup>分别构建了浙江省、东北地区和云贵地区的相关水稻品种(系)的 SSR 指纹。颜静宛等<sup>[34]</sup>和田大刚等<sup>[34-35]</sup>先后开发并验证了用于鉴别我国杂交稻品种及其主要亲本材料的 24 对核心 SSR 标记,并认为可将此 24 对标记与庄杰云等<sup>[9]</sup>制定的农业行业标准中的 24 对标记结合使用,以增加品种鉴定的准确性。目前,农业部网站上已显示有一套新的“水稻品种鉴定 SSR 标记法”正待审批<sup>[30]</sup>,该标准将替代 2007 年制定的旧标准。相对于旧标准,新标准中的标记数目增加 1 倍,这无疑将大大提高新标准的鉴别力,但究竟是否适用于全国各地的不同水稻品种鉴定仍有待实践检验。作者在利用新标准中的 48 对 SSR 标记鉴别江苏近 5 年审定的粳稻品种时,发现其中有 26 个标记在供试品种间没有多态性,且有 2 个品种无法采用 48 对标记进行鉴别,这表明新标准在鉴别局部地区品种上仍有待发展。

总体而言,在水稻品种 DNA 指纹鉴别上,至今未能形成一个广适性的标准。究其原因,可能有以下 2 个方面:一是研究中选用的样本数少、来源地窄,导致获得的核心 SSR 标记的代表性不足,往往只能用于当地品种鉴别,一旦扩大到其他区域或增加品种数量时,便出现核心 SSR 标记并不核心的现象<sup>[11]</sup>;二是我国绝大多数水稻品种间的遗传基础窄,尤其是不同省内审定的适用于特定生态区内种植的品种<sup>[16]</sup>,遗传多

样性更低,这导致基于不同生态区间的品种研发的多态性 SSR 标记在一些省内审定品种间没有多态性。

鉴于此,作者认为以 SSR 标记建立水稻品种 DNA 指纹检测的国家标准值得商榷,因为核心 SSR 标记库是个动态扩充库,而不是一成不变的,即会随着样本量的不断增加而需要不断更换或增加新标记<sup>[11]</sup>。如果以此标记建立国家标准,可能会因为不同地区需要增加或更换标记,而经常性地反复修订国家标准。相反,如果利用 SSR 标记建立地方(或省级)标准,则不会因为某个地方标准的修订而影响到其他地方标准的使用,影响面小。

### 3 建立国家和省级两级 DNA 指纹标准的必要性和策略

#### 3.1 建立“水稻品种高密度 SNP 标记指纹”国家标准的必要性和策略

水稻育种的核心竞争力在于优异育种中间材料的创新上,我国水稻育种在过去几十年的发展中,先后培育出了大量原创性优异育种材料,为我国水稻不断增产丰收作出了巨大贡献<sup>[36]</sup>。近年来,一些国际种业巨头不断增加在我国开展水稻育种的科研投入,同时,国内一些种业企业也主动参与到国外水稻育种中,造成我国水稻育种材料的流失。因此,从参与国际纷争中可能存在的知识产权保护考虑,我国需要建立一个“水稻品种鉴定 DNA 指纹”国家标准<sup>[11,36]</sup>。

作为国家标准,必须保证所有品种或重要育种材料的 DNA 指纹具有“永久唯一性”特征,即不能随着新品种或样本量的增加而出现同一品种不同指纹或不同品种相同指纹的现象。解决此问题的唯一策略是,采用足够多的分子标记构建品种 DNA 指纹,而不是以少数核心分子标记(如核心 SSR 标记)进行。当标记数量足够大时,采用 SNP 标记是唯一可行的办法,因此,可利用 SNP 标记建立“水稻品种高密度 SNP 标记指纹”国家标准,并将其应用于解决国际间品种知识产权纷争中以及分子设计育种过程中。

构建水稻品种高密度的 SNP 指纹数据库具有以下 3 个优点:(1)构建的各品种 DNA 指纹可做到“永久唯一性”,在品种权保护和权益纷争时可作为育种者提供重要的裁定证据<sup>[11,36]</sup>;(2)随着标记密度的增高,可将标记与特定基因建立有机联系,有利于育种工作者结合 SNP 指纹开展分子设计育种,如设计配组方式、制定选择目标<sup>[21,24]</sup>;(3)有利于从国家层面上及时了解不同时期或不同地区内育成品种间的遗传多样性,为国家适时制定育种策略以丰富品种多样性、提高品种抗风险能力提供参考<sup>[21,24]</sup>。

#### 3.2 建立“水稻品种核心 SSR 标记指纹”地方标准的必要性和策略

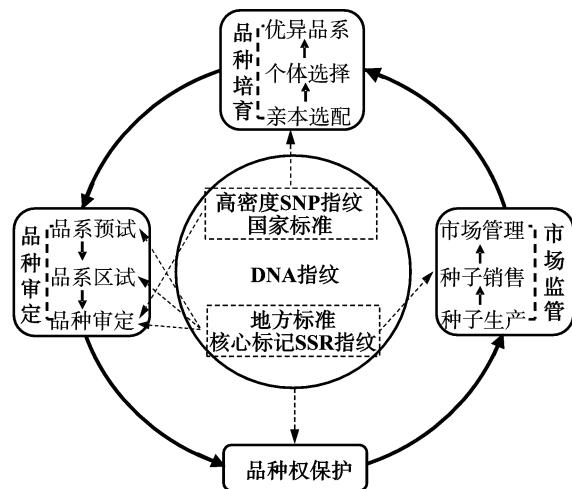
尽管构建全国统一标准的品种高密度 SNP 指纹十分必要,但由于其成本高、一般实验室无法完成检测分析工作,使得 SNP 指纹检测技术不适宜在品种参试、审定和市场监管等常规环节中使用。相反,这些环节的有效管理是从源头上控制我国品种审定及种业市场中的各种违规违法现象的重要措施。因此,为了常规的监督管理,需要建立一个高效、简便、低成本的水稻品种鉴定 DNA 指纹检测标准。

相比于 SNP 标记,SSR 标记的检测工作可在一般实验室独立完成、操作简便,可用于快速鉴定水稻品种(系)的真伪

性<sup>[5,9,15]</sup>。然而,正如前文所述,对于种植地域性较强的水稻,不适宜构建全国统一的 SSR 指纹检测标准。但是,可开发适用于地方品种特异性鉴别的核心 SSR 标记,以建立“水稻品种鉴定 SSR 指纹”地方标准,并将其应用于地方品种参试、种子生产销售中的各种违规违法现象的监管中。

#### 3.3 国家和地方两级 DNA 指纹标准的应用策略

由于国家和地方两级标准间的应用侧重点不同,笔者根据各自的特点,提出在品种培育、品种审定、品种权保护和市场监管环节中差别化应用 DNA 指纹两级标准的策略(图 1),为规范化两级标准在实践中的应用提供参考。



图中虚线箭头表示在相应的环节需要采用的DNA指纹检测标准

图1 国家和地方两级DNA指纹标准在品种培育、审定管理等环节中的应用策略

品种培育是种业发展壮大的根本<sup>[36]</sup>。建议制定国家规程,要求经过各级政府审定或认定的水稻新品种(系)均要在指定机构、采用国家统一标准,构建相应品种(系)的高密度 SNP 指纹,并将品种 SNP 指纹设为获得新品种权的重要条件。对于培育的重要育种中间材料,育种者可根据自行需要申请构建其 SNP 指纹,以防相应材料的外流或被盗。建立所有审定品种或重要育种中间材料的高密度 SNP 指纹数据库,有利于为育种工作者提供重要育种材料的遗传信息(如控制病虫害抗性、高产优质等性状的基因位置及供体亲本),并根据这些信息选择配组亲本,开展分子设计育种,提高选择效率<sup>[21,24]</sup>,实现品种 DNA 指纹与育种工作间的有机联系。

品种审定由国家或省级种子管理部门负责,其中的关键是遏制品系参试过程中的违规现象。建议各省级种子管理部门均需制定适用于相应省的“水稻品种鉴定——SSR 指纹”地方标准,并将其应用于相应省内区试品系真伪性的快速鉴定<sup>[5,9,15]</sup>。对于通过审定的品种,按国家和地方两级标准分别构建其 DNA 指纹,其中国家的 SNP 指纹主要用于品种培育及在侵权违法事件中地方标准不能解决的情况下和国际性知识产权纷争中使用,地方的 SSR 指纹主要在种子监管及常规的侵权违规违法事件中使用。

品种权保护可采用国家标准中的 SNP 指纹和地方标准中的 SSR 指纹同时进行,以确保品种在国内外种子市场及育种利用等不同环节中得到合法保护<sup>[11,36]</sup>。

市场监管主要是保证种子市场中的种子纯度和真实性。

当前种子市场中普遍存在套牌侵权、以次充好、销售假劣种子等违规违法现象<sup>[11,36]</sup>。建议将“水稻品种鉴定 SSR 指纹”地方标准全程应用于种子市场监管的各个环节中,以快速鉴定种子纯度和真伪性,打击种子市场中相关违规违法现象,确保健康、公平公正的种业市场环境<sup>[36]</sup>。

#### 4 水稻品种 DNA 指纹构建及应用中仍需研究的问题

##### 4.1 高密度 SNP 芯片定制中的 SNP 位点筛选

构建品种高密度 SNP 指纹的最重要价值是将其应用于品种培育环节中,要达到此目的的关键是,建立 SNP 标记与重要性状基因间的关联<sup>[24-27]</sup>。这要求在定制 SNP 芯片时,尽可能多地将位于重要性状(抗性、高产、品质等)基因内或与其紧密连锁的 SNP 位点作为首先位点<sup>[24]</sup>;另外需要考虑标记的密度,水稻中平均每 10 kb 左右存在 1 个基因,因此可按照每 10 kb 至少 1 个标记的密度筛选 SNP 标记。毋庸置疑,筛选合适的、有价值的 SNP 标记是构建品种 SNP 指纹的最重要环节,这需要不同领域学者间合作进行,目前我国已在这一方面启动了国家级重大研究课题,相信在几年内 SNP 芯片定会在我国水稻品种 SNP 指纹构建及分子设计育种中得以应用。

##### 4.2 高密度 SNP 指纹数据在品种培育中的应用

传统育种在亲本配组和个体选择上主要依赖育种者的经验进行,基本不考虑配组亲本或个体的基因型信息;现代分子设计育种则强调根据基因型开展程序化和标准化的商业化育种,要求尽量降低育种者的选择经验性<sup>[24]</sup>。品种高密度 SNP 指纹数据的产生,将为育种者结合基因型信息选择配组亲本及目标个体提供依据,但育种者如何读懂如此海量数据的 SNP 信息并将其与育种目标及重要基因间建立联系,将是利用 SNP 指纹数据开展分子设计育种中需要不断研究的问题<sup>[37]</sup>。

##### 4.3 判定为不同品种的差异 SSR 标记位点数

已公布的国家农业行业标准中规定,样本间差异位点 $\geq 2$ 时判定为不同品种、等于 1 时判定为相似品种、等于 0 时判定为相同品种。由于绝大多数品种内均存在一定的剩余变异,即纯是相对的。剩余变异的存在会导致同一品种在不同批次的 SSR 指纹检测结果间存在个别或少數位点差异。因此,仅以被检品种在核心 SSR 标记上的指纹与数据库中授权品种的 DNA 指纹达到高度相似或相同就判定两者为同一品种是危险的<sup>[11,36]</sup>。实际上,究竟以多少个差异位点数为阈值判定不同品种,是需要在实践中以大量品种作为材料进行反复抽样研究后统计确定的。在当前情况下,对“相似”品种结合农艺性状进行鉴别也是十分必要的。

#### 参考文献:

- [1] 张天真. 作物育种学总论[M]. 3 版. 北京: 中国农业出版社, 2010.
- [2] 李晓辉, 李新海, 张世煌. 植物新品种保护与 DUS 测试技术[J]. 中国农业科学, 2003, 36(11): 1419-1422.
- [3] 戴剑, 李华勇, 丁奎敏, 等. 植物新品种 DUS 测试技术的现状与展望[J]. 种子, 2007, 26(9): 44-47.
- [4] 周治华. 加强品种管理保障良种供应[J]. 种子科技, 2011(1):

- 9-10.
- [5] Tommasini L, Batley J, Arnold G M, et al. The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*B. rassicanapus* L.) varieties [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 106: 1091-1101.
- [6] Garland S H, Lewin L, Abedinia M, et al. The use of microsatellite polymorphisms for the identification of Australian breeding lines of rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Euphytica, 1999, 108(1): 53-63.
- [7] Singh R K, Sharma R K, Singh A K, et al. Suitability of mapped sequence tagged microsatellite site markers for establishing distinctness, uniformity and stability in aromatic rice [J]. Euphytica, 2004, 135(2): 135-143.
- [8] 李莉, 杨剑波, 汪秀峰, 等. 利用 RAPD 和微卫星标记对协优杂交稻及其亲本进行区别与鉴定[J]. 中国水稻科学, 2000, 14(4): 203-207.
- [9] 庄杰云, 施勇烽, 应杰政, 等. 中国主栽水稻品种微卫星标记数据库的初步构建[J]. 中国水稻科学, 2006, 20(5): 460-468.
- [10] 肖小余, 王玉平, 张建勇, 等. 四川主要杂交稻亲本的 SSR 多态性分析和指纹图谱的构建与应用[J]. 中国水稻科学, 2006, 20(1): 1-7.
- [11] 辛艳, 刘何, 黄全合. SSR 标记技术在主要农作物新品种保护方面的应用[J]. 农业知识产权电子杂志, 2011, 2(1): 1-9.
- [12] McCouch S R, Teytelman L, Xu Y B, et al. Development and mapping of 2 240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.) [J]. DNA Research, 2002, 9(6): 199-207.
- [13] International Rice Genome Sequencing Project. The map-based sequence of the rice genome [J]. Nature, 2005, 436(752): 793-800.
- [14] 杨旭, 谭学林. 溧型杂交粳稻主要亲本的 SSR 指纹图谱及其遗传差异分析[J]. 杂交水稻, 2009, 24(6): 54-58.
- [15] 戴剑, 洪德林. SSR 分子标记技术在杂交水稻品种鉴定中的应用[J]. 金陵科技学院学报, 2012, 28(1): 45-51.
- [16] 周振玲, 王宝祥, 樊继伟, 等. 江淮稻区不同生态型粳稻品种的籼粳分化度和遗传多样性[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(4): 431-437.
- [17] 王风格, 赵久然, 戴景瑞, 等. 玉米通用核心 SSR 引物筛选及高通量多重 PCR 复合扩增体系建立[J]. 科学通报, 2006, 51(23): 2738-2746.
- [18] 易红梅, 王风格, 赵久然, 等. 玉米品种 SSR 标记毛细管电泳荧光检测法与变性 PAGE 银染检测法的比较研究[J]. 华北农学报, 2006, 21(5): 64-67.
- [19] 王风格, 易红梅, 赵久然, 等. 毛细管电泳荧光检测中的异常电泳类型及原因分析[J]. 分子植物育种, 2007, 5(6): 890-894.
- [20] 程本义, 夏俊辉, 龚俊义, 等. SSR 荧光标记毛细管电泳检测法在水稻 DNA 指纹鉴定中的应用[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(6): 672-676.
- [21] 王瑞云, 王计平, 李润植. SNP 及其在分子植物育种中的应用[J]. 山西农业大学学报: 自然科学版, 2010, 30(2): 183-187.
- [22] Varshney R K, Baum M, Guo P, et al. Features of SNP and SSR diversity in a set of ICARDA barley germplasm collection [J]. Molecular Breeding, 2010, 26(2): 229-242.
- [23] Zhao K Y, Tung C W, Eizenga G C, et al. Genome-wide association mapping reveals a rich genetic architecture of complex traits in *Oryza sativa* [J]. Nature Communications, 2011, 2: 10.

代富强. 水土保持技术的适宜性评价[J]. 江苏农业科学, 2014, 42(12): 8-12.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2014.12.003

# 水土保持技术的适宜性评价

代富强

(重庆工商大学旅游与国土资源学院, 重庆 400067)

**摘要:**水土保持技术适宜性评价是对水土保持基础理论研究的深化,也是制定水土保持规划的重要依据。在理清水土保持技术适宜性相关概念的基础上,结合文献发现,除了针对特定技术的土壤适宜性以及单个因素的适宜性分析外,主要还是从技术的采用、世界水土保持方法与技术纵览项目、保存率、效益评价和优化配置 5 个方面间接探讨技术的适宜性问题。关于水土保持技术适宜性评价,从理论体系到评价指标体系与评价方法、空间评价、空间优化配置都缺乏系统研究。因此,初步提出水土保持技术适宜性评价指标体系以及指标评价标准与权重的确定方法和评价模型,以及今后的研究重点。

**关键词:**水土流失;水土保持技术;适宜性评价;研究进展

**中图分类号:** S157.2      **文献标志码:** A      **文章编号:** 1002-1302(2014)12-0008-05

水土流失是全球共同面临的重大环境问题之一,可造成土地退化、土壤肥力降低、生物多样性减少、江河淤积、水体污染、洪涝灾害加剧等,这严重威胁到全球的粮食和生态安全<sup>[1]</sup>。由于我国特殊的自然地理环境和社会经济条件,加之对土地资源的不合理利用,致使我国成为世界上水土流失最为严重的国家之一<sup>[2]</sup>。根据《第一次全国水利普查公报》,全国土壤侵蚀面积 2 949 100 km<sup>2</sup>,占普查范围总面积的 31.12%,其中水力侵蚀 1 293 200 km<sup>2</sup>、风力侵蚀 1 655 900 km<sup>2</sup>,这表明我国的水土流失状况仍然比较严重。

收稿日期:2014-03-07

基金项目:国家自然科学基金(编号:41301351);重庆市教育委员会科技项目(编号:KJ130724);重庆工商大学科研启动项目(编号:2013-56-05)。

作者简介:代富强(1980—),男,四川都江堰人,博士,副教授,从事生态评价、土壤侵蚀与水土保持研究。E-mail:daifq@ctbu.edu.cn。

因此,系统分析不同水土保持技术的适宜条件有助于明确各种技术的产出效益,建立系统的水土保持技术适宜性评价理论,丰富水土保持基础理论研究,为水土保持规划和农村土地利用规划提供科学依据,具有十分重要的理论意义和实践意义<sup>[3]</sup>。

自 20 世纪中期以来,国内外学者在系统认识水土流失的成因、过程和机理基础上开展了大量水土保持技术的理论和实践研究,形成了以生物技术、工程技术和耕作技术为主的水土保持技术分类体系<sup>[4]</sup>。但是,一方面水土保持技术还存在“水土不服”的现象,即不能顺利实施或者实施后不能正常发挥水土保持功效;另一方面,水土保持项目通常都是由政府主导投资并组织实施的,当地农民很少自愿采用水土保持技术<sup>[5]</sup>。水土保持技术在满足当地水土流失防治和区域发展需要的同时,也要适应当地的土壤条件、自然条件和社会经济条件,这就是水土保持技术的适宜性问题。目前,水土保持技术适宜性评价研究仍然处于刚刚起步的探索阶段,而且大多分散在水土保持科学各个研究领域中,缺乏系统总结和梳理。

[24] Chen H D, Xie W B, He H, et al. A high-density SNP genotyping array for rice biology and molecular breeding[J]. Molecular Plant, 2014, 7(3): 541-553.

[25] Li S C, Wang S Q, Deng Q M, et al. Identification of genome-wide variations among three elite restorer lines for hybrid-rice[J]. PLoS One, 2012, 7(2): e30952.

[26] Kump K L, Bradbury P J, Wissner R J, et al. Genome-wide association study of quantitative resistance to southern leaf blight in the maize nested association mapping population[J]. Nature Genetics, 2011, 43(2): 163-168.

[27] Famoso A N, Zhao K Y, Clark R T, et al. Genetic architecture of aluminum tolerance in rice (*Oryza sativa*) determined through genome-wide association analysis and QTL mapping[J]. PLoS Genetics, 2011, 7(8): 1002221.

[28] Huang X H, Wei X H, Sang T, et al. Genome-wide association studies of 14 agronomic traits in rice landraces[J]. Nature Genetics, 2010, 42(11): 961-967.

[29] NY/T 1433—2007 水稻品种鉴定:DNA 指纹方法[S].

[30] NY/T 1433—2014 水稻品种鉴定技术规程:SSR 标记法[S].

[31] 程本义, 吴伟, 夏俊辉, 等. 浙江省水稻品种 DNA 指纹数据库的初步构建及其应用[J]. 浙江农业学报, 2009, 21(6): 555-560.

[32] 陈英华, 侯昱铭, 李宏宇, 等. 东北地区水稻区试新品种的 DNA 指纹图谱构建及遗传多样性分析[J]. 种子, 2009(3): 28-35.

[33] 杨旭, 谭学林. 溟型杂交梗稻主要亲本的 SSR 指纹图谱及其遗传差异分析[J]. 杂交水稻, 2009, 24(6): 54-58.

[34] 颜静爽, 田大刚, 许彦, 等. 杂交稻主要亲本的 SSR 分子身份证数据库的构建[J]. 福建农业学报, 2011, 26(2): 148-152.

[35] 田大刚, 林艳, 刘华清, 等. 123 份水稻重要品种的 SSR 核心标记指纹分析[J]. 分子植物育种, 2013, 11(1): 20-29.

[36] 陈红. 促进我国水稻育种创新的新品种保护政策研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2011: 1-187.

[37] 王建康, 李慧慧, 张学才, 等. 中国作物分子设计育种[J]. 作物学报, 2011, 37(2): 191-201.