

水稻 SSR 标记的遗传多样性研究进展

束爱萍¹, 刘增兵², 余丽琴¹, 黎毛毛¹, 陈大洲¹

(¹ 江西省农业科学院水稻研究所/水稻国家工程实验室, 南昌 330200; ² 江西省农业科学院土肥与资环研究所, 南昌 330200)

摘要:本研究综述了 SSR 标记在水稻核心种质构建与评价、遗传结构、稻种起源演化等方面的研究进展。总结了水稻遗传多样性的地带性特征、遗传多样性与生态地理位置密切相关以及目前水稻品种遗传基础狭窄、多样性降低等特征, 分析了遗传多样性成因及影响因素, 特别指出了育种行为对遗传多样性的影响, 并针对当前水稻品种遗传多样性较低的问题提出了对策。认为云南是中国稻种资源的最大遗传多样性中心和优异种质的富集地; 西南稻区粳稻品种遗传多样性最丰富; 南方稻区粳稻品种的遗传多样性高于北方粳稻遗传多样性。

关键词: 水稻; SSR 标记; 遗传多样性; 研究进展

Research Progress on Genetic Diversity in Rice Based on SSR Marker Analysis

SHU Ai-ping¹, LIU Zeng-bing², YU Li-qin¹, LI Mao-mao¹, CHEN Da-zhou¹

(¹ Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences/National Engineering Laboratory for Rice, Nanchang 330200;

² Soil and Fertilizer Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200)

Abstract: In this paper, we overviewed the research progress on constructing and evaluation of core collection, genetic structure, and origin and evolution in rice based on SSR marker analysis. The results such as zonal character of rice genetic diversity, genetic diversity closely related with ecological and geographical location, rice varieties genetic base was narrow, and rice genetic diversity was decreasing were summarized. Base on above informations we analyzed the genetic diversity cause and influence factors, and specifically pointed out that the breeding behavior reduced the rice genetic diversity, and offered countermeasures for current narrow genetic diversity in rice. The conclusions that Yunnan province was the richest center of genetic and gene diversity of rice in China, the west southern kept richest *japonica* rice varieties genetic diversity, and the *japonica* rice varieties genetic diversity of southern rice region was higher than that of northern rice region were suggested.

Key words: rice; SSR marker; genetic diversity; research progress

遗传多样性 (genetic diversity) 又称基因多样性, 是生物多样性的的重要组成部分。作物遗传多样性为人类衣食提供了初级原料, 为人类健康提供了营养品和药品, 为人类生存提供了良好的生态环境, 且为选育人类所需的各种作物新品种、开展生物技术研究提供了取之不尽的基因来源。自 19 世纪达尔文在《物种起源》中揭示出生物中普遍存在变异

现象即遗传多样性开始, 国内外学者就已经对遗传多样性进行了广泛深入的研究。

水稻是我国最重要的粮食作物之一, 其播种面积和总产量均居粮食作物首位^[1]。全国约 60% 的人口以大米为主食。我国丰富的稻种资源是稻作研究和生产上的一大优势, 经过 80 多年的育种实践, 已培育出 5000 多份水稻品种并在生产中推广应

收稿日期: 2013-01-15 修回日期: 2013-03-21 网络出版日期: 2013-08-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130809.1445.019.html>

基金项目: 江西省农业科学院青年创新基金 (2010CQN005); 江西省农业科学院创新基金 (2009 博-2); “十二五” 国家科技支撑计划子课题 (2013BAD01B01)

第一作者研究方向为水稻遗传育种。E-mail: kun_aiping@163.com

通信作者: 陈大洲, 研究方向为水稻遗传育种。E-mail: cdz288@yahoo.com.cn

用^[2-4]。但科学家们对因大规模良种化导致的遗传基础狭窄的担忧也日益增加^[5-6]。为进一步拓宽水稻育种的基础,有必要对当前主要水稻品种的遗传多样性进行评价,明确其遗传多样性现状,为水稻品种资源和新品种选育提供理论依据。

1 SSR 标记研究水稻遗传多样性的优点

遗传多样性的表现是多层次的,可以表现在外部形态、生理代谢、染色体和 DNA 分子水平。遗传多样性通常用遗传距离(遗传水平的差异程度)或者遗传相似性(遗传水平的相似程度)来表示。关于遗传距离的统计分析,许多学者根据不同标记特点提出了不同的统计方法,目前仍然没有统一认可的公式,比较通用和经典的为 Nei's 遗传距离和 Nei's 标准遗传距离。

国内外对水稻品种遗传多样性的研究起初以形态和同工酶标记为主^[7-9],但由于形态标记受环境影响较大、酶标记数量有限且存在组织和器官的特异性,现在更普遍应用分子标记方法。用分子标记来评价作物遗传多样性,相对于形态标记、系谱资料、杂种优势和生物化学等方法,具有一定的优越性。已经有 RFLP^[10-11]、RAPD^[12]、ALFP^[13] 和微卫星^[14]等多种分子标记应用于水稻遗传多样性分析。

微卫星标记即简单重复序列(SSR, simple sequence repeats),是指存在于真核生物体由 1~4 个碱基对组成的简单重复序列^[15]。与其他标记相比,微卫星标记具有多态性高、共显性和符合孟德尔遗传等特点,更适宜亲缘关系较近的选育品种的遗传多样性分析^[16]。用 SSR 标记研究遗传多样性的方法具有测定迅速、重复性好、技术难度低和实验成本低等优点,所以受到越来越多的研究者青睐。很多研究发现利用极少的微卫星就能进行遗传多样性研究。J. J. Ni 等^[17]采用 118 个 SSR 标记分析了美国育种计划中的 38 个栽培种和 2 个野生稻品系的遗传多样性,检测到了 753 个等位基因,比采用同工酶和 RFLP 所报道的等位基因数还要多,并从中筛选出 30 个多态性较高的 SSR 标记。

微卫星标记因揭示的多态性水平高,非常适用于水稻遗传多样性分析。赵勇等^[18]利用 16 对 SSR 引物研究了 23 份来自世界 5 个国家的水稻种质资源的遗传多样性,共检测出 78 个等位基因变异,每对引物检测出 2~10 个等位基因变异,平均为 5.2 个,品种间遗传相似系数在 0.13~0.64 之

间,并证实了 SSR 标记是研究水稻种质资源分类、地理分布、生态类型和系谱分析的有效工具。刘炜等^[19]利用 37 对 SSR 引物分析了 72 个不同生态类型粳稻品种的遗传多样性,证明 SSR 标记在区分水稻品种生态类型和品种的遗传多样性等方面具有重要作用。

2 SSR 标记在研究水稻遗传多样性中的应用

2.1 核心种质构建及其评价

种质资源在水稻育种中的作用极其关键,核心种质要求将遗传多样性最大化。利用 SSR 方法,能够在短时间内获得大量的遗传信息,并且能够很好的反映种质资源群体的遗传多样性和个体的遗传关系,因而可以作为核心种质构建中研究的重要数据来源。同时,利用 SSR 方法,可以对已建立的核心种质进行研究评价。王美兴^[20]以中国地方稻种初级核心种质中的 1395 份粳稻为材料,结合孙俊立^[21]关于籼亚种(1313 份)的分析,研究了籼亚种和粳亚种的遗传分化、粳亚种的系统遗传多样性和地理遗传多样性,并探讨了中国地方稻种资源核心种质构建所需 SSR 引物的组成及群体大小对核心种质取样比例的影响。张冬玲^[22]以中国地方稻种初级核心种质 3632 份材料为研究对象,用 36 对 SSR 引物,研究了中国地方稻种在丁颖分类体系下的遗传多样性规律以及在地理上的遗传多样性分布,并利用形态性状数据和 SSR 数据对构建核心种质的聚类取样方案进行了探讨。王重荣^[23]依据分布于 12 条染色体不连锁的 24 个 SSR 标记对 213 份水稻微核心种质的群体结构进行分析,将其分为 2 个亚群。黎毛毛等^[24]以 3187 份江西地方稻种资源为材料,依据质量性状和稻作区进行分组;利用 SSR 标记对各亚组和组内种质资源进行遗传多样性和聚类分析,建立了包括 296 份种质的江西地方稻种资源核心种质库。

2.2 遗传结构

遗传结构是指居群内各种基因的频率以及由不同的交配模式所产生的各种基因型在数量上的分布,是遗传多样性的空间分布。近年来,利用 DNA 水平的分子标记对稻种资源进行遗传多样性与遗传结构的研究很多。A. J. Garri s 等^[25]利用 169 个 SSR 标记对 234 份水稻品种进行分析,将亚洲栽培稻分为 5 个类群(*Indica*、*Aus*、*Aromatic*、*Tropical japonica* 和 *Temperate japonica*),对应于 Glaszmann 的

I、II、V、VI类,并将VI进一步区分出 *Tropical japonica* 和 *Temperate japonica*。D. L. Zhang 等^[26]采用 36 个 SSR 标记对中国栽培稻 3024 份核心种质进行研究,发现中国栽培稻种可明显分为籼、粳 2 个亚种,每个亚种又能分为 3 个生态型。籼稻,早、中、晚季节型间差异明显,而水、陆差异不明显;粳稻,水、陆类型间差异明显,而季节型间差异不明显,为中国栽培稻遗传结构的研究提供了一些重要信息。L. Jin 等^[27]应用 100 个 SSR 标记对中国和部分外引水稻品种的遗传结构和遗传多样性进行分析,发现研究材料可分为 7 个群体,其中 Pop1、Pop2、Pop3、Pop4、Pop6 和 Pop7 可归为籼稻类型,而 Pop5 为粳稻类型;63% 的标记存在连锁不平衡,但在 7 个群体中存在连锁不平衡的标记比率为 5.9% ~ 22.9%。X. B. Li 等^[28]以 14 个表型性状和 128 个 SSR 标记研究美国微核心种质(样本规模 217 份)的遗传分化及遗传多样性,结果显示该核心种质遗传多样性丰富($N_a = 13.5$, $PIC = 0.71$),在水田稻种类型中,可分成 *Indica*、*Aus* 和混合型共 3 种亚结构;在陆稻类型中,可分为香稻、温带粳稻、热带粳稻和混合型 4 种亚结构。王彩红^[29]选用程氏指数法和均匀分布在水稻 12 条染色体上的 84 个 SSR 标记对中国栽培稻的遗传结构和遗传多样性进行分析,程氏指数和 SSR 标记对等位酶 I 群(典型籼稻)和 VI-A 群(温带粳稻)划分的亚结构特征均十分明显,且吻合度较高(86.7% ~ 93.3%)。张冬玲等^[30]利用 36 个 SSR 标记对 1582 份籼稻地方品种的群体结构和地理生态分化进行了分析,结果表明利用分子标记所做的基于模型和基于遗传距离的群体结构表现一致。

2.3 稻种起源演化

我国是亚洲栽培稻起源地之一,稻作历史悠久,稻种类型繁多,其数量之多列世界之最。遗传多样性是起源中心的一个重要特征。研究水稻的遗传结构和遗传多样性对中国水稻起源、演化和分类有重要意义。D. L. Zhang 等^[26]研究结果显示在水田稻种类型方面,中国是亚洲栽培稻的起源地之一,同时也是遗传多样性中心之一,具有丰富的稻种资源。J. Nagaraju 等^[31]利用 70 个 SSR 标记和 481 个 ISSR 标记对 24 个不同水稻材料进行了进化和分类研究。L. Z. Gao 等^[32]利用 SSR 标记研究了水稻 2 个亚种的演化关系,认为均来自于同一个古代群体,且彼此间存在基因漂移。

3 水稻 SSR 标记的遗传多样性特征分析

3.1 遗传多样性的地带性特征

我国拥有丰富的水稻种质资源,位于西南边陲的云南省因其复杂的气候地理条件和丰富的生态类型以及当地独具特色的民族文化形成了当地水稻地方稻种丰富的变异类型和遗传多样性。Y. Zeng 等^[33]对 6121 份云南地方品种的 31 个表型性状、912 份核心种质的 41 个表型和 12 个同工酶位点、692 份核心种质的 20 对 SSR 引物进行多样性分析,发现云南地方品种可分为籼粳 2 个亚种和热带粳稻群、光壳稻群、普通粳群、早中籼群、晚籼群和冬籼群 6 大生态类群,认为云南是中国稻种资源的最大遗传多样性中心和优异种质的富集地。杨志奇^[34]以原产于中国 6 个稻区、20 个省、市、自治区的 331 份粳稻地方品种为研究对象,认为华中稻区和西南稻区的粳稻地方品种基因资源十分丰富,而东北稻区的遗传多样性较低。云南、贵州和四川地区的粳稻地方品种遗传多样性表现极为丰富。李红宇等^[35]利用 53 个 SSR 标记和 24 个表型性状分析东北三省 107 个水稻推广品种,结果显示东北三省水稻推广品种遗传多样性呈现黑龙江 > 吉林 > 辽宁的趋势,但由于地区间频繁引种,东北水稻品种在区域上的遗传分化已不明显,其差异主要来源于品种间的基因型差异。张立娜等^[36]利用 43 对 SSR 多态性标记,对原产于中国 17 个省(市、自治区)的 187 份粳稻地方品种进行等位基因多样性、遗传结构和聚类分析,得出以下结论:南方稻区粳稻地方品种的遗传多样性明显高于北方稻区,其中西南稻区的粳稻地方品种遗传多样性最为丰富,而云南是粳稻地方品种遗传多样性最丰富的省份。杨文毅等^[37]利用 48 个 SSR 分子标记对 90 个来自 9 个不同国家的水稻品种进行遗传相似性分析,认为云南水稻地方品种的遗传多样性较高。

3.2 遗传多样性与生态地理分布

不同地理来源水稻品种的 SSR 遗传多样性研究已有较多报道,研究表明水稻的遗传多样性与生态地理分布密切相关。王金花等^[38]应用 SSR 和 ISSR 标记对栽培香稻品种的研究表明,来自不同国家的香稻品种具有较高的遗传多样性差异,来自同一国家或地理气候类型的品种具有较小的遗传多样性;张媛媛等^[39]通过对中国 14 个省的 440 份籼稻地方品种进行 SSR 分析,表明籼稻地方品种的亲缘

关系与地理位置有着密切的相关性;束爱萍等^[40]在利用 SSR 标记研究世界不同地理来源粳稻品种的遗传相似性研究中也发现,粳稻选育品种的遗传相似性和亲缘关系与纬度有着密切的相关性。杨志奇^[34]对中国 20 个省份或地区间粳稻地方品种的聚类分析表明,地理位置相近的省份或地区品种基本划分在同一类群。张立娜等^[41]在研究中国不同地理来源早稻地方品种的遗传相似性中指出,各省份或地区粳型早稻地方品种间遗传相似性与地理位置密切相关。涂敏等^[42]在云南省的 6 个试验点收集了 160 个生产上使用的水稻品种,用 24 对 SSR 引物对其进行遗传多样性分析,发现云南省水稻品种具有丰富的遗传多样性,但不同地理位置的水稻品种遗传多样性差异较大,聚类分析发现水稻品种遗传背景与其地理来源相关性很大,具有相同地理来源的水稻品种在遗传背景上十分相似,且水稻品种遗传多样性分布不均匀,地区间多样性差异明显。杨文毅^[37]在研究中指出 SSR 分子标记树形聚类不仅能划分籼粳两亚种类型,还能很好地划分品种的地理来源。

也有少数研究结果认为水稻品种与地理位置没有必然联系。赵勇等^[18]利用 16 对 SSR 引物对 23 个水稻品种(品系)的研究认为,品种的地理分布和亲缘关系与分子标记之间没有必然的相关性。王平等^[43]通过聚类分析得出 SSR 分子标记能很好地区分早稻种质资源的籼粳亚种,但 SSR 聚类分析并不能反映不同地理来源的差异。

3.3 全国范围内遗传多样性降低

水稻是我国第一大粮食作物,栽培、驯化历史悠久,近代有计划、有目的地进行水稻良种选育可追溯至 1919 年^[44]。研究表明,由于农业集约化经营和主栽品种大面积推广,育种进步导致了主要农作物品种单一,遗传基础狭窄,多样性下降^[45]。S. D. Tanksley 等^[46]研究指出,当前应用于水稻育种和生产的水稻种质还不到整个保存水稻种质的 30%。S. Wang 等^[47]用亲本相似系数研究中国 10 余个省份的 100 多份水稻亲本材料发现,1976–1990 年亲本的遗传多样性几乎是 1990–2003 年所选育材料的 2 倍,反映了中国水稻资源遗传背景逐步变得狭窄;齐永文等^[2]的研究证实我国水稻品种自 20 世纪 50 年代以来遗传多样性有下降的趋势,但自 80 年代开始,遗传基础又有所扩大。20 世纪 90 年代后期,许多研究从 DNA 水平推断我国部分杂交稻亲本的遗传资源匮乏,现有可利用的遗传资源遗传基础

较狭窄^[48-53]。王胜军等^[54]比较分析了 1981–2002 年我国杂交籼稻主要亲本,认为其遗传基础狭窄、背景单一。华蕾等^[55]利用 SSR 标记对我国水稻主栽品种的遗传多样性分析表明,近 10 年我国常规稻主栽品种丢失了一部分等位基因。彭锁堂等^[56]对 1976–2005 年我国三系杂交稻主要推广组合不育系的 SSR 标记多样性分析发现,我国三系杂交稻主要不育系多数含有相近血缘,背景单一。

许多研究表明,全国各省的水稻遗传多样性基础狭窄,遗传背景单一。程宝山等^[57]研究发现江苏各稻区粳稻主栽品种遗传相似系数为 0.75~0.98,变异小。姜树坤等^[58]研究结果表明,辽宁省水稻主栽品种遗传多样性不够丰富,多数品种间的亲缘关系较近。杨静等^[59]研究表明黑龙江省育成的及日本引进的 54 个品种中绝大多数供试品种的亲缘关系较近。郝伟等^[60]研究结果显示了东北三省 2006 年水稻育种遗传基础的狭窄性。陈兆贵等^[61]对广东省惠州市种植的 47 份常规水稻品种进行 ISSR 遗传多样性分析认为,34 个水稻种质资源的亲缘关系相对较近。赵庆勇等^[62]研究结果表明,江苏省育成的水稻品种遗传多样性不够丰富,多数品种间的亲缘关系较近。吴毅歆等^[63]对云南省 134 个水稻新品种分析结果表明,供试品种的遗传基础狭窄,遗传背景比较单一。

4 遗传多样性成因及影响因素

生物的遗传物质是相对稳定的,一方面保证了生物性状和物种的稳定性,另一方面则产生了生物性状的变异,导致遗传多样性的产生。许多植物经过上千年的种植已发展出极大的遗传多样性,但全世界所依赖的仅是少量作物,遗传变种已急剧减少。影响遗传多样性的因素可以分为内因和外因,生物遗传物质的变异是生物遗传多样性产生的基础,但是在自然界中各种生物遗传多样性还受到若干因素的影响,如地理环境、气候和人类活动等。

20 世纪 90 年代中后期以来,随着《中华人民共和国植物新品种保护条例》、《中华人民共和国种子法》的颁布实施,新品种的价值得以充分体现,部分育种者为加快育种进程采取了简化育种程序、各单位之间频繁引种,一些具有优良性状的骨干亲本被反复利用的做法,使我国水稻品种数量明显增加的同时,同类型近似品种也明显增加,育成品种的遗传基础变窄、遗传背景趋于单一^[64]。

5 丰富水稻遗传多样性的对策

SSR 标记可以让育种家进一步了解水稻品种间的遗传距离和亲缘关系,避免仅依据表型选择亲本,减少育种工作中亲本选配的盲目性,提高新品种选育效率。

水稻遗传多样性,也可以认为是水稻群体内遗传非相似性程度,是育种家有效选择杂交水稻亲本的依据,是水稻种质资源的保存和利用所必需的。育种亲本材料遗传基础狭窄是当前作物育种难以取得突破的主要原因之一。袁隆平指出改善品种综合性状的有效途径是增大育种亲本的遗传距离和多样性水平。在实际的育种中,选配亲本的重要原则之一就是选择不同生态型、不同地理来源和不同亲缘关系的品种作为育种亲本,由于亲本间的遗传基础差异大,杂交后代分离比较广,容易选出性状超越亲本和适应性较强的新品种;应注意利用野生品种和地方品种资源,引进国外品种,加强育种单位的交流合作,不断拓展遗传基础,以进一步提高我国水稻的产量、品质和抗性。

参考文献

- [1] 程式华,李建,马良勇,等. 现代中国水稻[M]. 北京:金盾出版社,2007:1-5
- [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 50 年变化趋势[J]. 科学通报,2006,51(6):693-699
- [3] 景德道,盛生兰,龚红兵,等. 镇稻系列梗稻品种的育种思路与研究策略[J]. 江苏农业科学,2007(5):31-33
- [4] 林添资,景德道,刁立平,等. 梗稻镇稻 10 号的优质高产育种策略及保优栽培技术[J]. 江苏农业科学,2008(2):36-37
- [5] 程式华,闵绍楷. 中国水稻品种现状与展望[J]. 中国稻米,2000(1):13-16
- [6] 郑康乐,庄杰云. 我国水稻推广品种的遗传变异性与种质资源的开发利用[J]. 中国农业科技导报,2000,2(3):69-72
- [7] Glaszmann J C. Isozymes and classification of Asian rice varieties[J]. Theor Appl Genet,1987,74:21-30
- [8] Li Z, Rutger J N. Geographic distribution and multilocus organization of isozyme variation of rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet,2000,101:379-387
- [9] 汤圣祥,魏兴华,江云珠,等. 中国台湾栽培稻种质资源的等位酶遗传多样性[J]. 中国农业科学,2005,38(3):433-438
- [10] Bostein D, While R L, Skolnik M, et al. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism[J]. Am J Hum Genet,1980,32:314-331
- [11] Sun C Q, Wang X K, Li Z C, et al. Comparison of the genetic diversity of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) and cultivated rice (*Oryza sativa* L.) using RFLP markers[J]. Theor Appl Genet,2001,102:157-162
- [12] Virk P, Ford-Lloyd B V, Jackson M T, et al. The use of RAPD for the study of diversity within germplasm collections[J]. Heredity, 1996,74:170-179
- [13] Vos P, Hogers R, Reijans M, et al. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting[J]. Nucleic Acids Res,1995,23:4407-4414
- [14] Yang G P, Saghai Maroof M A, Xu G G, et al. Comparative analysis of microsatellite DNA polymorphism in landraces and cultivars of rice[J]. Mol Gen Genet,1994,245:187-194
- [15] Tautz D. Hypervariability of simple sequence as a general source of polymorphic DNA markers [J]. Nucleic Acids Res,1989,17:6463-6471
- [16] Akagi H, Yokozeki Y, Inagaki A, et al. Highly polymorphic microsatellites of rice consist of AT repeats, and a classification of closely related cultivars with these microsatellite loci [J]. Theor Appl Genet,1997,94:61-67
- [17] Ni J J, Colowith P M, Mackill D J, et al. Evaluation of genetic diversity in rice subspecies using microsatellite markers [J]. Crop Sci,2001,42:601-607
- [18] 赵勇,杨凯, Cheema A A, 等. 利用水稻功能基因 SSR 标记鉴定水稻种质资源[J]. 中国农业科学,2002,35(4):349-353
- [19] 刘炜,史延丽,李自超,等. 梗型水稻杂种优势生态型与杂种优势模式的研究[J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2005,33(1):108-114
- [20] 王美兴. 中国地方稻种初级核心种质梗稻 SSR 遗传多样性研究[D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学,2003
- [21] 孙俊立. 中国地方稻种初级核心种质籼稻 SSR 多样性研究[D]. 南昌:江西农业大学,2003
- [22] 张冬玲. 中国地方稻种初级核心种质 SSR 遗传多样性分析及核心种质的构建[D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学,2004
- [23] 王重荣. 中国水稻微核心种质遗传多样性分析与新基因发掘[D]. 武汉:华中农业大学,2011
- [24] 黎毛毛,黄永兰,余丽琴,等. 利用 SSR 标记构建江西稻种资源核心种质库的研究[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(6):952-957
- [25] Garris A J, Tai T H, Coburn J, et al. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. [J]. Genetics,2005,169:1631-1638
- [26] Zhang D L, Zhang H L, Wang M X, et al. Genetic structure and differentiation of *Oryza sativa* L. in China revealed by microsatellites[J]. Theor Appl Genet,2009,119(6):1105-1117
- [27] Jin L, Yan L, Peng X, et al. Genetic diversity and population structure of a diverse set of rice germplasm for association mapping[J]. Theor Appl Genet,2010,121:475-487
- [28] Li X B, Yan W G, Hesham A, et al. Genotypic and phenotypic characterization of genetic differentiation and diversity in the USDA rice mini-core collection[J]. Genetica,2010,138:1221-1230
- [29] 王彩红. 中国栽培稻的遗传结构分析[D]. 北京:中国农业科学院,2011
- [30] 张冬玲,张洪亮,齐永文,等. 中国籼稻亚种内的群体结构及地理生态分化[J]. 科学通报,2012,57(4):248-257
- [31] Nagaraju J, Kathirvel M, Kumar R R, et al. Genetic analysis of traditional and evolved Basmati and non-Basmati rice varieties by using fluorescence-based ISSR-PCR and SSR markers [J]. PNAS,2002,99:5836-5841
- [32] Gao L Z, Innan H. Non independent domestication of the two rice subspecies, *Oryza sativa* ssp. *indica* and ssp. *japonica*, demonstrated by multi-locus micro-satellites [J]. Genetics, 2008,179:965-976
- [33] Zeng Y, Zhang H L, Li Z C, et al. Evolution of genetic diversity of rice landraces (*Oryza sativa* L.) in Yunnan, China [J]. Breeding Sci,2007,57:91-99
- [34] 杨志奇. 中国梗稻地方品种孕穗期耐冷性鉴定及遗传多样性分析[D]. 北京:中国农业科学院,2009
- [35] 李红宇,侯显铭,陈英华,等. 用 SSR 标记评估东北三省水稻推广品种的遗传多样性[J]. 中国水稻科学,2009,23(4):383-390
- [36] 张立娜,曹桂兰,韩龙植,等. 利用 SSR 标记揭示中国梗稻地方品种遗传多样性[J]. 中国农业科学,2012,45(3):405-413
- [37] 杨文毅,严红梅,董超,等. 不同地理来源水稻品种的 SSR 分子标记遗传相似性分析[J]. 中国农学通报,2011,27(12):24-30
- [38] 王金花,罗文永,陈建伟,等. 应用 SSR 和 ISSR 标记分析栽培香稻品种的遗传多样性[J]. 分子植物育种,2005,3(1):37-42
- [39] 张媛媛,曹桂兰,韩龙植,等. 中国不同地理来源籼稻地方品种的亲缘关系研究[J]. 作物学报,2007,33(5):757-762

- [40] 束爱萍,张媛媛,曹桂兰,等. 中国不同省份粳稻选育品种的遗传相似性[J]. 中国农业科学,2009,42(10):3381-3387
- [41] 张立娜,曹桂兰,韩龙植,等. 中国不同地理来源早稻地方品种的遗传相似性研究[J]. 中国农业科学,2010,43(17):3481-3488
- [42] 涂敏,王云月,卢宝荣,等. 云南省不同地理位置水稻品种遗传多样性分析[J]. 热带作物学报,2011,32(6):998-1003
- [43] 王一平,魏兴华,华蕾,等. 不同地理来源早稻种质资源的遗传多样性分析[J]. 作物学报,2007,33(12):2034-2040
- [44] 应存山. 中国稻种资源[M]. 北京:中国农业科技出版社,1993:33
- [45] Manifesto M M, Schlatter A R, Hopp H E, et al. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers[J]. Crop Sci, 2001, 41:682-690
- [46] Tanksley S D, McCouch S R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild[J]. Science, 1997, 277:1063-1066
- [47] 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
- [48] 李云海,肖晗,张春庆,等. 用微卫星 DNA 标记检测中国主要杂交水稻亲本的遗传差异[J]. 植物学报, 1999, 41(10):1061-1066
- [49] 何光华,裴炎,杨光伟,等. 我国中籼杂交稻亲本的 DNA 变异性研究[J]. 作物学报, 2000, 26(4):449-454
- [50] 贺浩华,罗小金,朱昌兰,等. 杂交稻部分不育系与与恢复系的 SSR 分类[J]. 作物学报, 2006, 32(2):169-175
- [51] 段世华,毛加宁,朱英国,等. 用微卫星 DNA 标记对我国杂交水稻主要恢复系遗传差异的检测分析[J]. 遗传学报, 2002, 29(3):250-254
- [52] 肖小余,王玉平,张建勇,等. 四川省主要杂交稻亲本的 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
- [53] 刘殊,程慧,王飞,等. 我国杂交水稻主要恢复系的 DNA 多态性研究[J]. 中国水稻科学, 2002, 16(1):1-5
- [54] 王胜军,陆作楣. 中国杂交籼稻遗传多样性演变及其分析[J]. 江苏农业学报, 2006, 6(22):192-198
- [55] 华蕾,袁筱萍,余汉勇,等. 我国水稻主栽品种 SSR 多样性的比较分析[J]. 中国水稻科学, 2007, 21(2):150-154
- [56] 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[J]. 中国水稻科学, 2008, 22(4):365-369
- [57] 程宝山,万志兵,洪德林,等. 35 个粳稻品种 SSR 指纹图谱的构建及遗传相似性分析[J]. 南京农业大学学报, 2007, 30(3):1-8
- [58] 姜树坤,王政海,钟鸣,等. 辽宁省近 15 年的部分水稻主栽品种的简单重复序列(SSR)多态性分析[J]. 植物生理学通讯, 2007, 43(2):69-73
- [59] 杨静,刘海英,钱春荣,等. 黑龙江省水稻品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 东北农业大学学报, 2008, 39(6):1-10
- [60] 郝伟,张旭,徐门进,等. 东北三省水稻遗传多样性和亲缘关系的 SSR 分析[J]. 河南农业科学, 2008(4):18-24
- [61] 陈兆贵,邓汉超,赵淑平,等. 47 份水稻品种资源的 ISSR 遗传多样性分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2009, 28(3):498-502
- [62] 赵庆勇,张亚东,朱镇,等. 30 个粳稻品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2):218-223
- [63] 吴毅歆,刘春明,毛自朝,等. 云南 134 个水稻新品种 DNA 指纹图谱构建和遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2012(10):1287-1296
- [64] 程本义,施勇峰,沈伟峰,等. 水稻品种 DNA 指纹检测技术体系及其应用[J]. 杂交水稻, 2008, 23(1):54-59

欢迎订阅 2014 年《植物资源与环境学报》

《植物资源与环境学报》系江苏省中国科学院植物研究所、江苏省植物学会等单位联合主办的学术刊物,国内外公开发行。本刊为全国中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国科学引文数据库核心期刊(CSCD)和 RCCSE 中国核心学术期刊(A),并为 BA、CA、CAB、Elsevier's 等刊库收录。

本刊主要报道我国植物资源的考察、开发利用和植物物种多样性保护,自然保护区与植物园的建设和管理,植物在保护和美化环境中的作用,环境对植物的影响以及与植物资源和植物环境有关学科领域的原始研究论文、研究简报和综述等。读者对象为从事植物学、生态学、自然地理学以及农、林、园艺、医药、食品、轻化工和环境保护等领域的科研、教学、技术人员及决策者。

季刊,大 16 开本,每期 120 页,邮发代号:28-213,国内统一连续出版物号:CN 32-1339/S。全国各地邮局均可订阅,每期定价 20 元,全年 80 元。若错过征订时间或需补齐 1992 年至 2013 年各期者,请直接与编辑部联系邮购。1992 年至 1993 年每年 8 元;1994 年至 2000 年每年 16 元;2001 年至 2005 年每年 24 元;2006 年至 2008 年每年 40 元;2009 年至 2011 年每年 60 元;2012 年至 2013 年每年 80 元(均含邮资,如需挂号另付挂号费 3 元)。

地址:南京中山门外江苏省中国科学院植物研究所内(210014);

电话:025-84347016,025-84347014;QQ:2219161478;

E-mail:zwzy@mail.cnbg.net。

网址:http://www.cnbg.net/Tg/Contribute/Login.aspx,本刊网上投稿系统已开通运行。