

不同国家水稻品种的遗传多样性分析

马作斌, 王昌华, 王 辉, 付 亮

(辽宁省水稻研究所, 沈阳 110101)

摘要:探讨世界不同国家水稻品种的遗传多样性,旨在为各国品种资源的有效利用提供理论依据。本研究利用 63 对引物对 36 份来源于不同国家的水稻品种进行遗传多样性分析。共检测到 269 个等位基因,每个位点的等位基因数(N_a)平均为 4.54 个,有效等位基因数(N_e)平均为 3.22,基因多样性指数(H)平均为 0.64,Shannon's 信息指数(I)平均为 1.21,引物 RM206、RM257、RM410、RM235、RM266 的等位基因数较多在 7 条以上。所处纬度相近的国家或地区的水稻品种之间的遗传距离较近,被聚为同一类群,而所处纬度较远的国家或地区的水稻品种被分到了不同类群。结果表明,水稻品种之间的遗传差异与纬度和地理距离有很大的关系。

关键词:水稻;遗传多样性;微卫星标记;纬度

Analysis on Genetic Diversity of Rice Varieties from Different Countries

MA Zuo-bin, WANG Chang-hua, WANG Hui, FU Liang

(Liaoning Rice Research Institute, Shenyang 110101)

Abstract: To reveal the genetic basic of rice varieties from different countries and use rice germplasm resources effectively, the genetic diversity of 36 rice varieties from different countries was analyzed by using 63 SSR markers. As the result, 269 alleles were detected between these varieties. And 4.54 alleles were on per gene locus averagely, the average effective number of alleles was 3.22, the average gene diversity of these rice varieties was 0.64, and the average Shannon's information index was 1.21. The marker RM206, RM257, RM410, RM235, and RM266 had more than 7 alleles. Rice varieties from countries at the similarity latitude were aggregated together, while from countries with more different latitude were assigned to different groups. The results indicated that genetic difference between the rice varieties from different countries had a close relationship with the geographical position and the latitude.

Key words: rice; genetic diversity; SSR marker; latitude

近年来,由于东北稻区一些优良品种的大面积推广,出现了严重的品种单一化的趋势,如黑龙江省的空育 131、吉林省的吉粳 88、辽宁省的辽星 1 号 3 个品种近年来种植面积占东北稻区水稻总栽培面积的 1/3 以上^[1],育成品种的遗传多样性也在逐渐降低^[2-6],而且育种亲本之间的遗传差异非常接近。熊振民等^[7]指出,从 20 世纪 50 年代到 80 年代,整个北方稻区大面积推广的 212 个品种中 97.2% 的品种与日本品种有亲缘关系。遗传多样性的丧失导致育成品种对环境的适应能力变得比较脆弱,对稻

瘟病等病害的抵抗能力减弱。朱有勇等^[8]研究表明,利用水稻品种多样性可以控制稻瘟病的发生。魏兴华等^[9]研究表明,加强国外水稻种质资源的引入,可以丰富我国稻种资源,增加遗传多样性,对我国粮食安全有着重大的意义。因此评价引入品种与当地品种的遗传多样性,对于有效利用外来品种增加当地品种的遗传多样性有很重要的作用。

微卫星标记(SSR, simple sequence repeats)技术具有简便、快速、稳定性高和等位基因多态性好的特点,在遗传图谱构建、遗传多样性分析和品种鉴定等

收稿日期:2013-08-20 修回日期:2013-10-22 网络出版日期:2014-04-08

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140408.0857.029.html>

基金项目:国际温带粳稻协作网(TRRC)项目;辽宁省自然科学基金项目(2013020074)

第一作者研究方向为水稻育种。E-mail: mazuo1984@163.com; 王昌华为共同第一作者

通信作者:王辉,研究方向为水稻育种。E-mail: daozaosuw@126.com

方面得到广泛的应用^[10-17]。杨文毅等^[18]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;束爱萍等^[19]利用 34 对 SSR 引物对不同地理来源包括 20 个国家(或地区和组织)的 313 份粳稻选育品种进行遗传相似性和聚类分析;李云峰等^[20]利用 24 对 SSR 引物分析了 33 份美国稻和 13 份中国稻的多态性。

东北稻区的粳稻以高产优质著称,与其他地区粳稻有明显的差异。以往的研究中没有很好地阐明东北粳稻与世界不同国家尤其是处在相同纬度但地理距离又较远的美国、乌兹别克斯坦和俄罗斯等国水稻品种之间的遗传差异。本研究利用均匀分布在水稻 12 条染色体上的 63 个 SSR 分子标记,分析来

源于 8 个不同国家和地区的 23 份种质资源与东北三省主栽品种之间的遗传多样性。旨在研究世界不同国家水稻品种之间的遗传差异与地理位置之间的关系,评价引入的水稻资源对东北粳稻遗传多样性的贡献潜力,为有效利用世界各地水稻资源,增加我国北方粳稻的遗传多样性提供分子依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料共 36 份,包括我国辽宁省水稻种质资源 9 份、黑龙江省主栽品种 1 份、吉林省主栽品种 1 份、广东省籼稻品种 2 份、来自其他 8 个国家的水稻资源 23 份(表 1)。

表 1 试验材料及来源

Table 1 The experiment materials and its source

名称 Name	来源 Source	籼/粳 Indica/ Japonica	名称 Name	来源 Source	籼/粳 Indica/ Japonica	名称 Name	来源 Source	籼/粳 Indica/ Japonica
辽粳 5 Liaojing 5	中国辽宁	粳	Takanari	日本	籼	粤泰 8 Yuetai 8	中国广东	籼
港源 8 号 Gangyuan 8	中国辽宁	粳	Ilmibyeo	韩国	粳	七山占 Qishanzhan	中国广东	籼
辽农 979 Liaonong 979	中国辽宁	粳	Shinunbongbyeo	韩国	粳	Prx0481	菲律宾	籼
辽星 21 Liaoxing 21	中国辽宁	粳	Sang jubyeo	韩国	粳	N81cpc104	菲律宾	籼
辽星 1 Liaoxing 1	中国辽宁	粳	Khazar	俄罗斯	粳	Bajo maap1	不丹	籼
辽星 20 Liaoxing 20	中国辽宁	粳	Lider	俄罗斯	粳	Bajomaap2	不丹	籼
C418	中国辽宁	粳	Mustaqillik	乌兹别克斯坦	粳	Bajo kaap1	不丹	籼
C39	中国辽宁	粳	Avangatd	乌兹别克斯坦	粳	Bajo kaap2	不丹	籼
C40	中国辽宁	粳	S-102	美国	粳	Yusirey kaap	不丹	籼
吉粳 88 Jijing 88	中国吉林	粳	Ch201	美国	粳	Sakha101	埃及	籼
空育 131 Kongyu 131	中国黑龙江	粳	L-205	美国	粳	Gi3a178	埃及	籼
Akihikari	日本	粳	M-401	美国	粳	Gi3a177	埃及	籼

1.2 DNA 提取与 SSR 分析

本研究采用 CTAB (2%) 方法提取基因组 DNA^[21]。利用混合 DNA 筛选出 63 对多态性好的引物进行遗传多样性分析。PCR 反应体系为 15 μ L,含有模板 DNA 50 ng, SSR 引物 92.4 ng。反应程序为: 95 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;95 $^{\circ}$ C 变性 30 s;55 $^{\circ}$ C 退火 30 s; 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min,30 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。扩增产物用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测^[22]。

1.3 数据统计与分析

以 0、1、9 统计 SSR 扩增带型,并建立相应的数据库。在相同迁移率位置上,有带记为“1”,无带记为“0”,缺失记为“9”。数据经转化后用 Popgene32 程序进行 Nei 遗传距离和遗传相似性分析^[23],根据遗传相似性矩阵用 NTSYS-pcV2.0 进行 UPGMA 聚类分析^[24]。

2 结果与分析

2.1 SSR 引物多样性

多态性分析结果表明(表 2),共检测到 269 个等位基因,每个位点的等位基因数平均为 4.54 个,变化范围 2~13,其中, RM206 的等位基因数最多,为 13 个;有效等位基因数的变化范围为 1.12~9.82,平均为 3.22;基因多样性指数变化范围为 0.11~0.90,平均为 0.64;Shannon's 信息指数的变化范围为 0.25~2.41,平均为 1.21。引物 RM206、RM257、RM410、RM235、RM266、RM26 的等位基因数较多,在 7 条以上; RM315、RM257、RM410、RM235、RM266、RM333、RM260、RM26 的 Shannon's 信息指数较多,在 1.6 以上。

表 2 SSR 标记遗传多样性信息

Table 2 Genetic diversity of 36 rice varieties with SSR markers

位点 Locus	等位基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	基因多样性 指数 H	Shannon's 信息指数 I	位点 Locus	等位基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	基因多样性 指数 H	Shannon's 信息指数 I
RM185	2	1.96	0.49	0.68	RM14	3	2.89	0.65	1.08
RM471	4	3.19	0.69	1.25	RM271	3	1.98	0.50	0.77
RM510	3	2.51	0.60	1.01	RM253	4	2.99	0.67	1.19
RM276	6	3.26	0.69	1.46	RM488	5	3.54	0.72	1.40
RM285	3	2.62	0.62	1.02	RM1	4	1.80	0.44	0.86
RM524	4	2.70	0.63	1.15	RM110	3	1.55	0.36	0.61
RM266	7	4.35	0.77	1.69	RM131	3	2.79	0.64	1.06
RM273	2	1.53	0.35	0.53	RM138	3	1.98	0.50	0.77
RM309	6	2.61	0.62	1.28	RM16	2	1.86	0.46	0.65
RM585	6	4.35	0.77	1.59	RM20	2	1.67	0.40	0.59
RM82	3	2.24	0.55	0.88	RM229	5	3.93	0.75	1.47
RM184	3	2.10	0.52	0.80	RM241	4	2.83	0.65	1.13
RM235	8	5.54	0.82	1.85	RM9	6	3.25	0.69	1.41
RM315	6	4.41	0.77	1.62	RM71	2	1.74	0.42	0.62
RM3461	5	4.07	0.75	1.49	RM154	5	2.58	0.61	1.24
RM410	8	5.74	0.83	1.87	RM218	4	2.20	0.55	1.04
RM519	2	1.80	0.44	0.64	RM335	5	3.29	0.70	1.32
RM1227	5	3.75	0.73	1.45	RM153	3	1.12	0.11	0.25
RM160	6	2.79	0.64	1.29	RM430	5	3.09	0.68	1.28
RM310	5	4.59	0.78	1.56	RM249	5	3.83	0.74	1.43
RM3204	2	1.92	0.48	0.67	RM336	6	4.21	0.76	1.59
RM5055	4	2.38	0.58	1.08	RM149	5	3.39	0.71	1.38
RM168	4	2.59	0.61	1.11	RM264	5	4.35	0.77	1.54
RM26	9	6.23	0.84	1.97	RM223	3	2.57	0.61	1.00
RM440	6	4.14	0.76	1.57	RM152	3	2.76	0.64	1.06
RM480	4	3.26	0.69	1.24	RM215	3	1.84	0.46	0.80
RM5	4	2.76	0.64	1.12	RM311	5	3.75	0.73	1.47
RM528	5	3.59	0.72	1.38	RM144	2	1.95	0.49	0.68
RM257	8	6.61	0.85	1.96	RM333	6	4.83	0.79	1.66
RM259	6	3.98	0.75	1.55	平均值 Mean	4.54	3.22	0.64	1.21
RM206	13	9.82	0.90	2.41	标准差 SD	1.99	1.45	0.15	0.41
RM216	5	2.22	0.55	1.10	最大值 Max.	13.00	9.82	0.90	2.41
RM284	3	2.88	0.65	1.08	最小值 Min.	2.00	1.12	0.11	0.25
RM286	5	4.04	0.75	1.49					

N_a : Observed number of alleles, N_e : Effective number of alleles, H : Gene diversity index, I : Shannon's information index

2.2 不同生态区水稻品种之间的遗传差异

由表 3 可以看出,在聚类分析中被分在不同区域内的水稻品种之间的遗传距离相对较远,而分在相同区域内的不同生态地区水稻品种之间也存在一定的遗传距离。与中国东北稻区遗传距离最近的是韩国在 0.3 以下,遗传相似系数在 0.7 以上;与中国东北稻区遗传距离最远的是埃及、菲律宾、不丹和中国籼稻在 0.6 以上。在聚类分析中被同时分在梗稻

区的乌兹别克斯坦、美国、俄罗斯与中国东北稻区之间也存在一定的遗传距离达到 0.6 以上,并且乌兹别克斯坦与美国之间也存在 0.773 的遗传距离,相似系数仅为 0.462。埃及、菲律宾、不丹、中国籼稻之间也存在较大的遗传距离,在 0.6~0.9 之间。表明不同纬度水稻之间的遗传差异大于相同纬度之间的遗传差异,在相同纬度上不同生态区之间的遗传差异大于相同生态区的遗传差异。

表 3 世界不同地理来源水稻品种间遗传距离和遗传相似系数

Table 3 Genetic distance and Nei's genetic identity among rice varieties from different geography origins in the world

国家(地区) Country (Regions)	中国东北 NEC	韩国 Korea	乌兹别克 斯坦 Uzbekistan	埃及 Egypt	俄罗斯 Russia	菲律宾 Philippines	不丹 Bhutan	美国 America	中国籼稻 IRC
中国东北		0.793	0.580	0.512	0.613	0.457	0.389	0.632	0.279
韩国	0.232		0.626	0.438	0.565	0.431	0.278	0.517	0.186
乌兹别克斯坦	0.545	0.469		0.394	0.493	0.370	0.314	0.462	0.200
埃及	0.671	0.826	0.931		0.400	0.433	0.522	0.430	0.487
俄罗斯	0.490	0.571	0.708	0.917		0.408	0.335	0.568	0.255
菲律宾	0.783	0.843	0.994	0.836	0.897		0.515	0.398	0.391
不丹	0.944	1.280	1.160	0.650	1.095	0.665		0.429	0.529
美国	0.459	0.661	0.773	0.844	0.565	0.921	0.847		0.259
中国籼稻	1.275	1.683	1.609	0.720	1.367	0.939	0.637	1.352	

对角线以上是相似系数,以下是遗传距离

Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal). NEC: North East China,IRC: Indica Rice from China

2.3 不同地理来源品种的聚类分析

基于 Nei 遗传相似性的 UPGMA 聚类图如图 1 所示,遗传相似系数在 0.617~0.978 范围存在显著的遗传变异。在 0.691 水平上,材料明显分为 2 个大的类群,第 I 类群包括中国辽宁、吉林、黑龙江和美国、日本、韩国、俄罗斯、乌兹别克斯坦的全部品种在内的粳稻类群,第 II 类群包括中国广东籼稻和菲律宾、不丹以及埃及在内的籼稻类群。按相似系数 0.771 为标准,粳稻类群又被分为 4 个亚群: I-1 包括 2 个美国品种(L-205、Ch-201); I-2 包括 2 个美国品种和 2 个俄罗斯品种; I-3 包括 1 个乌兹别克斯坦品种; I-4 包括辽宁大部分品种、韩国的 2 个

品种、空育 131、吉粳 88、秋光。在阈值为 0.8 时,可将类群 I-4 进一步分为 4 个亚群: I-4 A 包括辽星 1、辽星 20、辽星 21; I-4 B 包括吉粳 88、辽农 979; I-4 C 包括 C40、C39、韩国的 3 个品种; I-4 D 包括秋光、辽粳 5、空育 131、港源 8 和埃及的粳稻品种 Gi3a177。籼稻类群在阈值为 0.758 时,可分为 3 个亚群: II-1 为 2 个菲律宾的水稻品种; II-2 为辽宁省的粳偏籼的不育系 C418; II-3 为不丹、埃及、中国广东省的 2 个籼稻和日本的籼稻品种 Takanari。在阈值为 0.775 时,可将类群 II-3 进一步分为 3 个亚群: II-3 A 包括不丹的 4 个品种; II-3 B 包括埃及的两个水稻品种、粤泰 8 和日本的籼稻 Takanari; II-3 C 包括不丹的 Bajo maap1 和七山占。

从上述的聚类分析中可以看出,水稻品种之间的遗传距离与其所处的纬度有很大的关系,所处纬度较高的地区(中国辽宁、吉林、黑龙江和美国、日本、韩国、俄罗斯、乌兹别克斯坦)的大部分水稻品种被分到了粳稻类群,而所处纬度较低的地区(中国广东、菲律宾、不丹、埃及)的大部分水稻品种被分到了籼稻类群。处于相近纬度的地区,地理位置较远的国家的品种之间,也存在着一定的遗传差异。地理位置较近的中国辽宁、吉林、黑龙江地区与日本、韩国的水稻品种同分到了 I-4 类群中,而所处地理位置较远的美国和乌兹别克斯坦的水稻品种分别被分到了 I-1 和 I-3 类群。

2.4 国外种质资源对拓宽东北地区粳稻遗传基础的潜力评价

比较 2 个群体的等位变异时,A 群体有而 B 群体没有的等位变异可以作为用 A 拓宽 B 遗传基础

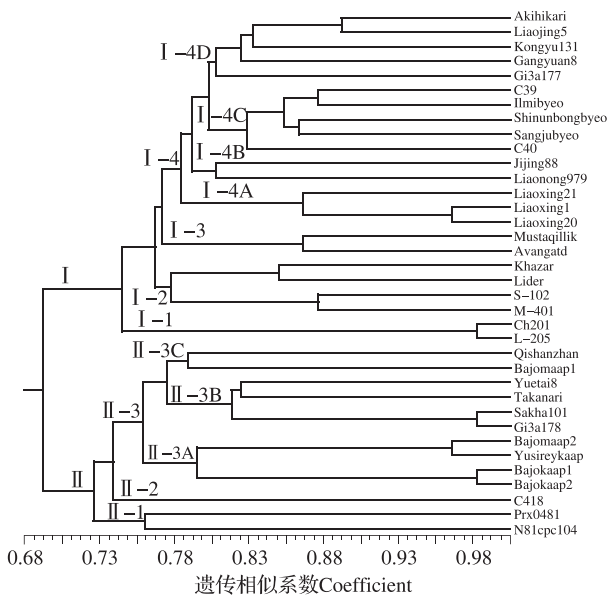


图 1 UPGMA 聚类分析

Fig.1 UPGMA dendrogram based on genetic similarity

的潜力,此处称为 A 对 B 的补充等位变异数;A 对 B 与 B 对 A 的补充等位变异数之和可以衡量 A 与 B 实际相差的等位变异数,也可以评价 A 和 B 遗传关系远近,此处称为 A 与 B 的互补等位变异数^[25]。

表 4 为引入品种对东北粳稻的补充等位基因数,在聚类分析中分在籼稻类群的品种对东北粳稻的补充基因数普遍要高于分在粳稻区的品种,而在聚类分析中分在粳稻区的品种中,美国稻对辽宁省品种的补充基因数最多平均达到 16.25 个,其次是乌兹别克斯坦和俄罗斯平均都达到 13.5,韩国和日本对辽宁省品种的补充基因数最少平均只有 5.67 和 4 个。

表 4 引入品种对东北粳稻的补充等位基因数

Table 4 The number of alleles that the rice varieties from foreign country complement North East China

名称 Name	来源 Source	补充基因数 Number of complementary alleles	平均 Mean
Ilmibyeo	韩国	2	5.67
Shinunbongbyeo	韩国	5	
Sang jubyeo	韩国	10	
Mustaqillik	乌兹别克斯坦	14	13.5
Avangatd	乌兹别克斯坦	13	
Sakha101	埃及	24	23.67
Gi3a178	埃及	24	
Gi3a177	埃及	23	
Khazar	俄罗斯	15	11.5
Lider	俄罗斯	8	
Bajo maap1	不丹	23	22.6
Bajo maap2	不丹	21	
Bajo kaap1	不丹	23	
Bajo kaap2	不丹	24	16.25
Yusirey kaap	不丹	22	
S-102	美国	16	
Ch201	美国	17	16.25
L-205	美国	17	
M-401	美国	15	
Akihikari	日本	4	

3 讨论

3.1 SSR 标记的遗传多样性的比较

前人^[18-19,26]的研究结果表明利用 SSR 分子标记可以对水稻品种进行遗传多样性分析。束爱萍等^[19]利用 34 对 SSR 引物对不同地理来源的粳稻品种进行遗传相似性分析,研究发现 RM320、RM336、RM286、RM531 和 RM21 的遗传多样性指数较高。玄英实等^[26]利用 68 对 SSR 引物对不同国家和地区

的 91 份粳稻品种进行了遗传多样性分析,结果表明 RM333 和 RM206 的等位基因数最多。本研究发现 RM206 的等位基因最多, RM206、RM257、RM410、RM235、RM266、RM26 的等位基因数较多在 7 条以上, RM315、RM257、RM410、RM235、RM266、RM333、RM260、RM26 的 Shannon's 信息指数较高,达到 1.6 以上。这些标记较适用于不同地理来源的水稻品种之间的遗传多样性分析。

3.2 世界不同地理来源品种的遗传差异

对于地理位置与水稻品种的遗传距离之间的相关性,前人已有报道。李红宇等^[6]对东北粳稻遗传多样性的研究认为,地理位置相对较近的水稻品种之间,具有较近的亲缘关系;地理位置相对较远的具有较远的亲缘关系。束爱萍等^[19]研究报道,纬度和地理位置相近的国家间粳稻品种的遗传相似系数较大,基本聚为同一个类群,而纬度差异较大,地理位置较远的国家间粳稻品种的遗传相似系数较小,聚为不同类群。李云峰等^[20]研究表明,美国稻与中国稻之间的遗传差异大于美国稻之间的遗传差异,也大于中国稻之间的遗传差异。

本研究结果与前人研究结论基本一致,水稻品种之间的遗传差异的大小与纬度和地理距离有很大的关系。处在相近纬度的国家的品种在聚类分析中被分到一类,中国南方的籼稻,菲律宾、不丹和埃及等热带国家的水稻品种在聚类分析中被划为籼稻亚群,中国北方粳稻、韩国、日本、美国、俄罗斯和乌兹别克斯坦被划为粳稻亚群。在粳稻亚群中,中国东北的粳稻与地理位置较近的韩国、日本的遗传距离较近,与地理位置较远的美国 and 乌兹别克斯坦的遗传距离较远,与地理位置较近但是在不同纬度上的俄罗斯的水稻的遗传距离也较远。说明所处纬度差异较大的水稻品种之间的遗传距离大于处在相近纬度但地理位置距离较远的水稻品种之间的遗传距离,所处地理位置较近国家的水稻品种之间的遗传距离最小。

3.3 引入品种可以增加东北地区水稻品种的遗传多样性

来源于热带地区的籼稻与中国东北三省的粳稻遗传差异较大,杂交后可以创造出大量的等位变异,利用籼粳架桥技术^[27-29]可以固定一些来自于籼稻的有利基因,但是其轮回亲本往往是当地的优势品种,经过多代选择后得到的材料仍然保留着当地品种的绝大部分基因,因此育成的新品种与原有的老品种的遗传差异非常小,很难在产量和抗性上取得突破。李自超等^[30]研究发现美国稻与籼、粳稻都有较好的杂

交亲和性,为我国籼粳亚种间杂种优势的利用提供了新的途径。且美国稻米质优良,耐肥抗倒性强、成穗率高、适应高光强,可以作为水稻品质改良的重要材料^[31]。刘文炳等^[32]利用美国稻成功育成了野败型“三系”光身杂交稻配套亲本,并且组配成的几个组合米质可与国际名牌稻米 KDML105 等媲美。

东北稻区过去几十年来主要是从日本、韩国等地理位置较近的国家引种,成功率较高,与本地品种杂交更容易形成适合当地的品种,但是忽略了地理位置较近的地区品种的遗传多样性较小。研究表明,在相同纬度上的水稻品种与东北稻区的水稻有一定的遗传差异,美国、乌兹别克斯坦和俄罗斯的水稻对辽宁水稻的互补基因较多,这些国家与中国东北地区所处的纬度比较接近,生态环境相似但又有着很好的生态隔离,在人工选择和自然选择的过程中很容易出现适合温带的不同等位变异。因此在育种实践中适当的利用这些品种可以增加东北稻区水稻品种的遗传多样性,防止遗传脆弱性。

参考文献

- [1] 徐正进,邵国军,韩勇,等. 东北三省水稻产量和品质及其与穗部性状关系的初步研究[J]. 作物学报, 2006, 32(12): 1878-1883
- [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[J]. 科学通报, 2006, 51(6): 693-699
- [3] 姜树坤,毛政海,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(1): 69-72
- [4] 郝伟,张旭,徐正进,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
- [5] 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[J]. 中国水稻科学, 2009, 23(3): 237-244
- [6] 李红宇,侯昱铭,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
- [7] 熊振民,蔡洪法. 中国水稻[M]. 北京:中国农业出版社, 1990: 50-200
- [8] 朱有勇,陈海如,范静华,等. 利用水稻品种多样性控制稻瘟病研究[J]. 中国农业科学, 2003, 36(5): 521-527
- [9] 魏兴华,汤圣祥,余汉勇,等. 中国水稻国外引种概况及效益分析[J]. 中国水稻科学, 2010, 24(1): 5-11
- [10] Tang A, Shao G N, Jiao G A, et al. Comparative assessment of SSR diversity in aromatic rice germplasm[J]. Hereditas, 2009, 31(4): 412-419
- [11] 陈仲中,汪旭升,朱军. 基于水稻基因组序列 SSR 的多态性分析[J]. 中国水稻科学, 2005, 19(4): 303-307
- [12] 邵晋,戴伟民,张连举,等. 江苏省中部地区杂草稻遗传多样性及其起源分析[J]. 作物学报, 2011, 37(8): 1324-1332
- [13] 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[J]. 中国水稻科学, 2011, 25(4): 381-386
- [14] 应杰政,施勇烽,庄杰云,等. 用微卫星标记评估中国水稻主栽品种的遗传多样性[J]. 中国农业科学, 2007, 40(40): 649-654
- [15] 马琳,余显权,赵福胜. 贵州地方水稻品种的 SSR 遗传多样性分析[J]. 中国水稻科学, 2010, 24(3): 237-243
- [16] 张立娜,曹桂兰,韩龙植,等. 利用 SSR 标记揭示中国粳稻地方品种遗传多样性[J]. 中国农业科学, 2012, 45(3): 405-413
- [17] 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
- [18] 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
- [19] 束爱萍,金钟煥,张三元,等. 世界不同地理来源粳稻品种的遗传相似性研究[J]. 中国农业科学, 2008, 41(7): 1879-1886
- [20] 李云峰,钟秉强,杨正林,等. 中国稻与美国稻的 SSR 标记多态性分析[J]. 分子植物育种, 2004, 2(6): 801-806
- [21] Zhang H, Sun J, Wang M, et al. Genetic structure and phylogeography of rice landraces in Yunnan, China, revealed by SSR[J]. Genome, 2007, 50(1): 72-83
- [22] Edwards K, Johnstone C, Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis[J]. Nucleic Acids Res, 1991, 19(6): 1349
- [23] Yeh F V, Yang R, Boyle T. Microsoft window-based freeware for population genetic analysis (Popgene 1.32) [M]. Edmonton: Canada University of Alberta and Centre for International Forestry Research, 1999
- [24] Xu S, Chen J, Liu L, et al. Proteomics associated with virulence differentiation of *Curularia lunata* in maize in china[J]. J Integr Plant Biol, 2007, 49(4): 487-496
- [25] 张军,赵团结,盖钧镒,等. 贵州栽培稻的遗传结构及其遗传多样性[J]. 科学通报, 2006, 51(23): 2747-2754
- [26] 玄英实,姜文洙,刘宪虎,等. 中国东北地区水稻主要栽培品种的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2): 206-212
- [27] 杨守仁,赵纪书. 籼粳稻杂交问题之研究[J]. 农业学报, 1959, 10(4): 256-268
- [28] 杨守仁,沈琬英,顾慰连,等. 籼粳稻杂交育种研究[J]. 作物学报, 1962, 1(2): 97-102
- [29] 陈温福,徐正进,张龙步. 北方粳型超级稻育种的理论与方法[J]. 沈阳农业大学学报, 2005, 36(1): 3-8
- [30] 李自超,王象坤,王剑平,等. 美国稻在水稻杂种优势利用中的地位[J]. 华北农学报, 1995, 10(1): 22-28
- [31] 罗利军,应存山,梅捍卫,等. 14 份美国水稻品种的研究和评价[J]. 中国水稻科学, 1993, 7(3): 179-182
- [32] 刘文炳,郑旋,张建新,等. “三系”光身杂交稻不育系光香 A 的选育与利用[J]. 垦殖与稻作, 2004(1): 6-9