

宁夏水稻品种微卫星标记数据库的建立

马 静, 安永平, 王兴盛, 孙建昌

(宁夏农林科学院农作物研究所, 永宁 750105)

摘要:本研究以 47 份经甄别鉴定的宁夏水稻品种(系)为试验材料, 筛选出 28 对较均匀分布于 12 条染色体、条带清晰稳定、多态性丰富的 SSR 标记构建了宁夏水稻微卫星标记数据库。共检测到 144 个等位基因, 标记间差异性位点数 3~10 个, 平均 5.14 个; 平均 Nei's 遗传多样性指数为 0.6187。28 个位点上参试材料间均有差异。只在 1 个位点上存在差异的是宁粳 28 号和宁粳 23 号, 宁粳 23 和宁粳 35 号; 其余品种差异性位点均在 2 个或 2 个以上, 占参试材料的 93.6%。28 对引物中筛选出 10 对核心引物, 各材料间至少有 1 对引物存在差异, 能够把参试品种(系)一一区分开来。利用这 10 对引物, 在相同的迁移位置上以 1、0 标记扩增片段的有无, 构建了宁夏水稻 DNA 指纹图谱。

关键词: 宁夏水稻; SSR 标记; 数据库; 指纹图谱

Establishment of Ningxia Rice Microsatellite Marker Database

MA Jing, AN Yong-ping, WANG Xing-sheng, SUN Jian-chang

(Institute of Crop Science, Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Yongning 750105)

Abstract: In this paper, a total of 28 SSR markers distributed on 12 chromosomes were used to construct Ningxia rice microsatellite markers database with 47 varieties which identified carefully. 144 alleles were revealed, and 3 to 10 alleles were identified among different loci. The mean number of alleles per locus was 5.14. The average Nei genetic diversity index was 0.6187. The tested material were different within 28 loci. Two pairs of varieties, Ningjing 28 and Ningjing 23, Ningjing 23 and Ningjing 35, which only one locus has difference among loci. While two or more loci have differences among remaining varieties, accounting for 93.6% to 47 varieties. 10 pairs of core primers were selected from 28 pairs of primers which at least one pair of primers has difference between varieties. In the same position on the migration to 1 and 0 mark represent yes and no to reading data, Ningxia rice DNA fingerprinting database was established using 10 core markers.

Key words: Ningxia rice; SSR markers; database; fingerprint

传统的品种鉴定是根据种子、幼苗及植株的形态特征和农艺性状进行鉴定的, 主要测试品种的特异性、一致性和稳定性。这些鉴定方法存在时间长、费用大、占用土地等应用局限性, 同时这种方法也只适用于品种间差异明显的样品的鉴定。利用分子技术进行品种鉴定具有不受环境影响、快速高效、可用标记多等优点^[1-6]。基于 PCR 技术的 SSR 标记

具有多态丰富、共显性、稳定、技术简单易行、成本低等特性, 目前是构建指纹图谱有效鉴别品种真实性的理想标记^[7-10]。

宁夏水稻属西北典型的干燥稻作区, 日照充足, 昼夜温差大, 土壤和灌溉条件优越, 病虫害轻, 被认为是既利于高产又利于稻米优质的不可多得的宝地^[11-13]。水稻也是宁夏的优势特色农作物, 其产量

收稿日期: 2015-04-12 修回日期: 2015-05-08 网络出版日期: 2016-01-28

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160128.1514.002.html>

基金项目: 宁夏农林科学院先导资金 (NKYJ-13-27); 宁夏自然科学基金 (NZ14183); 宁夏回族自治区农业育种专项 (2013NYYZ0304, 2013NYYZ0302)

第一作者主要从事水稻生物技术育种研究。

通信作者: 孙建昌, 主要从事水稻分子技术育种研究。E-mail: nxsjch@163.com

高,品质好,商品性高,是引黄灌区农民增收的重要途径之一。然而宁夏水稻资源非常匮乏,主要以中国吉林、日本材料为遗传背景,其类型较单一,遗传基础狭窄^[14],品种间相似度高,一些品种利用表型性状很难辨别。分子鉴定方面,利用 NY/T 1433 - 2014《水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法》无法将宁夏已审定的品种全部区分开来。本试验针对宁夏水稻相似性高的特点,筛选能够有效区分本区水稻品种的 SSR 引物组合,构建数据库和各个品种的指纹图谱,为宁夏水稻品种真实性鉴定提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料是经确认的宁夏审定品种和重要材料共计 47 份,主要由宁夏农林科学院农作物研究所水稻室、花培室和品种资源研究室提供。参试材料见表 1。

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取 分蘖盛期取参试材料单株叶片,按 K. Edwards 等^[15]且稍有改进的 CTAB 法提取 DNA 并进行 DNA 的纯化。

1.2.2 PCR 扩增及电泳检测 PCR 反应体系体积为 10 μ L:20 ng/ μ L DNA 1.0 μ L,10 \times PCR Buffer(含 Mg^{2+})1.0 μ L,2.5 mmol/L dNTP 0.75 μ L,5 U/ μ L *Taq* 酶 0.25 μ L,2 μ mol/L SSR 引物 1.0 μ L,ddH₂O 6.0 μ L。扩增程序为 94℃ 预变性 5 min,94℃ 变性 30 s,55℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 30 s,共 37 个循环,72℃ 延伸 7 min,待温度降至 10℃ 后,取出放入 4℃ 冰箱备用。采用 6% 的聚丙烯酰胺变性凝胶电泳及银染法检测^[16]。

1.3 数据分析

根据 PCR 扩增结果,视每条多态性带为 1 个等位基因;在相同的迁移位置,将观察到的每条带视为 1 个等位基因,有带赋值为“1”,无带赋值为“0”。SSR 数据应用 trans 2.0 软件进行“0、1”数字与字母的转换,利用 POPGENE 32 统计软件^[17]计算等位基因数(*Na*)、Nei's 基因多样性指数(*He*)^[18]。

2 结果与分析

2.1 宁夏水稻材料的表型鉴定与甄别

由于宁夏水稻种质库条件简陋,一直没有制冷设备,从 20 世纪 70 年代到 90 年代初期保存的审定品种多数已失去活力。2008 年以来,课题组王兴盛研究员对种质库失去活力的宁夏水稻品种进行了重

新收集和整理,主要来自育种课题组资源圃、农机推广技术员、种子公司、种粮大户等。由于收集品种来源比较复杂,出现了同一个品种名称农艺性状显著不同的材料。为了明确各个品种的真实性,根据审定品种农艺性状特征描述以及老专家在田间的比较甄别,目前已确定参试 47 份品种(系)的真实性。本试验针对这 47 份材料建立宁夏水稻 SSR 标记数据库。

2.2 宁夏水稻 SSR 数据库构建标记的筛选

参照 NY/T 1433 - 2014《水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法》提供的 48 对引物,对宁夏 47 份水稻品种(系)进行分析,结果表明,48 对引物中 21 对引物没有多态性;利用其余 27 对引物对参试材料比较分析,只有 34 份品种能够被区分(品种间有 2 对或 2 对引物以上差异),占参试材料的 72.3%;而表型相似的品种如宁粳 41 和富源 4 号,宁粳 28、宁粳 23、宁粳 35、宁香稻 2 号、宁香稻 3 号等均不能区分。由此可见,由于宁夏水稻遗传基础狭窄,品种间遗传差异性较小,NY/T 1433 - 2014《水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法》不能对宁夏水稻品种进行完全有效的鉴定。

参照 NY/T 1433 - 2014《水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法》提供的 48 对引物,同时参考了马静等^[19-20]、陈小龙等^[21]、甘晓燕等^[22]、杨志奇^[23]、A. P. Shu 等^[24]研究中多态性较高的引物,共筛选出 40 对分布于 12 条染色体上且多态性好的引物,根据 40 对引物在各染色体的位置和多态性,筛选出较均匀分布于 12 条染色体上的 28 对构建宁夏水稻品种 SSR 标记数据库(表 1)。

2.3 标记检测效果

利用筛选的 28 对引物对参试 47 份材料进行 SSR 标记分析,引物间差异性位点数 3 ~ 10 个,平均 5.14 个;平均 Nei 遗传多样性指数为 0.6187(表 1)。28 对引物对应的位点上参试材料间均有差异(表 2)。差异最少的分别为宁粳 28 号和宁粳 23 号(RM1370),宁粳 23 和宁粳 35 号(RM72),只在 1 对引物对应的位点上存在差异。宁粳 23、宁粳 28 和宁粳 35 是目前宁夏水稻创高产的主导品种,均表现大穗、高产,农艺、子粒、品质等性状均非常相似,品种间很难区分。从系谱来看,宁粳 35 系宁粳 23 系选而成,宁粳 23 与宁粳 28 组合不同,但极有可能是在系谱选育中出现了错位。根据表型的相似性及马静等^[19-20]、甘晓燕等^[22]遗传相似性研究结果,这 3 个品种具有很高的相似性,极有可能出自同一组合。在 2 对引物对应的位点上存在差异的是宁粳 41 号

表 1 宁夏水稻品种遗传多样性

Table 1 Genetic diversity of Ningxia rice

位点 Locus	染色体 Chr.	物理距离 (Mbp) PD	等位 基因数 <i>Na</i>	Nei's 遗传 多样性指数 <i>He</i>	位点 Locus	染色体 Chr.	物理距离 (Mbp) PD	等位 基因数 <i>Na</i>	Nei's 遗传 多样性指数 <i>He</i>
RM1195	1	6.15	5	0.7053	RM481	7	2.88	5	0.6202
RM297	1	32.10	4	0.6981	RM336	7	21.87	8	0.6655
RM3482	1	39.72	5	0.6311	RM6670	8	3.00	3	0.6012
RM525	2	28.27	4	0.5333	RM72	8	6.76	7	0.7252
RM208	2	35.14	3	0.6283	RM223	8	20.65	4	0.5894
RM251	3	9.90	4	0.4862	RM219	9	7.89	6	0.7524
RM8208	3	22.40	4	0.6863	RM160	9	19.80	3	0.3495
RM8277	3	28.81	3	0.4744	RM7217	10	4.63	4	0.5396
RM5414	4	2.03	4	0.5586	RM333	10	22.44	10	0.7071
RM5473	4	31.68	6	0.6600	RM536	11	8.99	6	0.6781
RM249	5	10.78	6	0.7361	RM224	11	27.67	4	0.4753
RM430	5	18.75	8	0.7696	RM247	12	3.19	4	0.5079
RM253	6	5.43	3	0.5632	RM1337	12	11.94	8	0.6917
RM528	6	26.56	5	0.5224					
RM1370	6	28.53	8	0.7669	Mean			5.1429	0.6187

PD:Physical distance,*Na*:No. of alleles,*He*:Nei's genetic diversity index.

和富源4号(RM223,RM333),宁粳18号和宁粳19号(RM6670,RM72),宁粳28号和宁粳35号(RM1370,RM72),宁粳35号和2007G-318(RM208,RM528);其中宁粳41号与富源4号表型相似,均表现长散穗、结实率高、后期剑叶角度较大等,2007G-318与宁粳23、宁粳28、宁粳35株型相似,均表现大穗、高产等特性,利用表型很难鉴别。3对引物对应的位点具有差异的是宁粳36号和宁粳47号(RM1195,RM3482,RM430),宁香糯2号和宁香糯3号(RM249,RM333,RM536),2007G-318和宁粳23号、宁粳28号(RM208,RM528,RM72);这几对品种表型相似性也较高,宁粳36和宁粳47株型相似、均为偏长粒、后期易倒伏等特点,宁香稻2号和宁香稻3号来自同一组合(香血糯×A30/6-2);表型鉴定比较困难。其余品种间均在4对或4对以上引物对应的位点存在差异性。

2.4 宁夏水稻品种 SSR 标记指纹图谱的建立

通过对比分析,28对引物中筛选出10对核心引物,依次为RM1195、RM208、RM5414、RM249、RM1370、RM6670、RM72、RM219、RM333、RM1337,能够把参试的47份品种(系)一一区分开来。其中只有1对引物对应的位点有差异的为宁粳41和富源4号(RM333)、宁粳47和宁粳36(RM1195)、宁

粳23和宁粳28(RM1370)、宁粳35和2007G-318(RM208)、宁粳45和宁粳28(RM333)、宁粳35和2007-218(RM249)、宁粳23和宁粳35(RM72);其余品种两两之间均有2对或2对以上引物对应的位点之间存在差异性。利用这10对引物,在相同的迁移位置上,以1、0标记扩增片段的有无,构建了宁夏水稻DNA指纹图谱(表3),每个品种的特征指纹图谱由60为0、1数字组成,参试的47份材料的指纹图谱各不相同,如宁粳3号的指纹图谱为“10000010100000100000000001000100100000001000000000100000100”。宁粳43号的指纹图谱为“1000000100011000000000000101000000100000010000000000100000100”。

3 讨论

宁夏水稻资源非常匮乏,20世纪70年代国家种质库征集的宁夏水稻地方品种只有18份。参阅宁夏水稻品种系圃,其亲本大多数来源于中国吉林和日本,或具有中国吉林或日本材料的血缘,遗传基础狭窄^[14]。生产中由于品种相似性高而经常出现无法准确鉴定的情况,尤其是高产品种如宁粳23、宁粳28、宁粳35之间,宁粳41和富源4号之间,宁粳36和宁粳47之间等,这对维护品种权益、规范水稻

表 2 参试 47 份材料在 28 个位点上的等位基因分布

Table 2 Allelic distribution in 28 locus of 47 varieties

[illegible]

表 3 利用 10 对核心引物构建的宁夏水稻品种特征指纹图谱

Table 3 Using 10 pairs of core primers to build characteristic fingerprint of rice in Ningxia

品种名称 Varieties	指纹图谱 Fingerprints
宁粳 3 号	1000001010000010000000000100010010000000100000000000100000100
宁粳 7 号	001000100100000100100000001000010000000010000000100000000100
宁粳 9 号	010001000001000010000001000100010000000100000000000100000001
宁粳 12	1000000100011000000000010001000010000000010001000000000000100
宁粳 14	0100000100011000000000010001000010000100000000000010000000100
宁粳 15	01000001000100100000000010010000010000001000000000001000000001
宁粳 16	100000010001000010000000100100010000000010001000000000000100
宁粳 18	0100000100010000010000001000100001000010000010000000000000100
宁粳 19	0100000100010000010000001010000100000010000010000000000000100
宁粳 23	01000001000100000100000001100100000000010000000000001000000010
宁粳 24	1000000100011000000000000100010000100000010001000000000000100
宁粳 25	01000010100000000010001000010001000000001000001000000000000010
宁粳 26	00010001100000001000001000100000000100000100100000000000000100
宁粳 27	00001010100000001000000100100010000000000010000001000000000100
宁粳 28	01000001000100000100001000100100100000000010000000000000100000010
宁粳 29	100000101000000000100000001100001000000001000000000000100000010
宁粳 31	10000001000100001000001000010001000000001000010000000000000100
宁粳 32	100000010001000001000000010100001000000000100000000000100000100
宁粳 33	100001001000100000000001000010000001000001000000000001000001000
宁粳 34	10000001001000000100000001010001000001000000100000000000000010
宁粳 35	010000010001000001000000001100001000000100000000000000100000010
宁粳 36	01000010100000001000000100010001000000000010000000000100000010
宁粳 37	0100010000010000100000100001000000010001000000000000001000000001
宁粳 38	010001000001000010000001001000100000000100000000000000100000100
宁粳 39	1000001010000000001001000000100010000000001000000000010000000010
宁粳 40	00001100000100001000001000010010000000000010000000000100000100
宁粳 41	0001001010000000010000000101000000010001000010000000001000000
宁粳 43	10000001000110000000000001010000001000000100000000000100000100
宁粳 44	01000010100000000100000000101000000001000100000000100000001000
宁粳 45	0100000100010000010000100010010010000000001000001000000000000010
宁粳 46	100001000001000010000010000100000010000010000000000000100000100
京引 39	010000011000100000000001000010100000000010001000000000000001000
秋光	00010010100010000000000100001000100000001000000000000100000100
宁稻 216	001000101000000010001000000001010000000000101000000000000000100
富源 4 号	0001001010000000001000000001010000000010001000000001000001000000
吉粳 105	100001001000000001000000001100001000000100000000000000100000010
超优 1 号	000100010001000001000010000100000001000100000000010000000000100
农科 843	000100011000010000000001000100010000000000010000010000000000100
宁香稻 1 号	00010001100000000010010000001001000000000001000000000100000100
宁香稻 2 号	0001001010001000000000010000010010000000010000000010000000010000
宁香稻 3 号	0001001010000100000000010000010010000000010000001000000000010000
宁糯 5 号	1000010000010000010000000010100010000000010000000000000100100000
宁糯 6 号	01000010001000100000000001000100010000000001000000000000100000100
宁粳 47 号	0000101010000000010000001000100010000000000100000000001000000010
节 9	010000011000000001000001000010000001000100000000000001100000000
2007-218	01000001000110000000000000011000010000000100000000000001000000010
2007G318	0100010000010000010000000011000010000001000000000000001000000010

种子市场等极为不利。分子标记鉴定方面,马静等^[20]利用 82 对 SSR 引物对宁夏 59 份品种(系)进行分析,认为遗传基础狭窄相似系数在 0.7 以上,最高达到 0.97;杨玉蓉等^[25]利用 48 对 SSR 引物对宁夏不同年代的 75 份材料进行分析,其遗传相似系数在 0.75 以上;参照 NY/T 1433-2014《水稻品种鉴定技术规程 SSR 标记法》提供的 48 对引物,对宁夏 47 份水稻品种(系)进行分析,其中 21 对引物没有多态性,只有 34 份品种能够被区分(品种间有 2 对或 2 对引物以上差异)。以上研究结果均表明宁夏水稻品种间相似度高,遗传基础狭窄,建立适合当地品种的鉴定方法,对宁夏水稻产业的发展意义重大。

针对以上情况,本研究利用已准确鉴定的宁夏 47 份水稻品种系,筛选了 28 对多态丰富、条带清晰稳定的 SSR 引物,建立了宁夏水稻 SSR 标记数据库。利用这 28 对核心引物,参试的 47 份品种(系)中,除宁粳 23 号和宁粳 28 号、宁粳 23 号和宁粳 35 号各有 1 对引物差异,判别为相似品种外,其余品种间均有 2 对或 2 对以上引物差异,品种间能够被区分。为了提高效率,降低成本,鉴定中可将 28 对核心引物分为 2 组,第 1 组包括 RM1195、RM3482、RM208、RM8208、RM5473、RM430、RM1370、RM336、RM6670、RM223、RM219、RM333、RM536 和 RM1337 共 12 个引物对,可以区分参试 47 份材料中的 40 份,占 85.1%。在第 1 组未能鉴定的情况下,利用第 2 组引物继续鉴定(组合引物为 RM297、RM525、RM251、RM8277、RM5414、RM249、RM253、RM528、RM481、RM72、RM160、RM7217、RM224 和 RM247)。利用本试验筛选的 28 对核心引物,能够有效鉴定宁夏品种间的差异性。

为了方便鉴定和比对品种(系)的真实性及纯度的鉴定,28 对核心引物中筛选出 10 对多态丰富的引物,在相同的迁移位置上,以 1、0 标记扩增片段的有无,构建了宁夏水稻 DNA 指纹图谱。且参试材料在 10 对引物中至少有 1 对存在差异性,每个品种的指纹具有唯一性,10 对引物构建的指纹图谱可以作为参试各品种身份的唯一代码。通过宁夏水稻品种特征指纹图谱的建立,可以有效的鉴别和区分不同的水稻品种,防止种子生产和销售过程中套牌、以次代好等,品种区试中防止更换品系,用已审定品种冒充自己的品系参试等不法行为,可以防止偷窃或模仿冒用他人的优良品种或组合,保障育种者的合法权益。因此,建立宁夏水稻特征指纹图谱,对有效保护宁夏水稻品种权益、鉴别品种、规范水稻

种子市场等有重要意义。

参考文献

- [1] Gebhardt C, Ritter E, Debener T, et al. RFLP analysis and linkage mapping in *Solanum tuberosum* [J]. *Theor Appl Genet*, 1989, 78(1): 65-75
- [2] Williams J G, Kubelik A R, Livak J L, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers [J]. *Nucl Acid Res*, 1990, 18(22): 6531-6535
- [3] Zintkiewicz E, Rafalski A, Labuds D G. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification [J]. *Genomics*, 1994, 20: 176-183
- [4] 陈洪, 钱前, 朱立煌, 等. 杂交稻汕优 63 杂种纯度的 RAPD 鉴定 [J]. *科学通报*, 1996, 41(9): 834-836
- [5] 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
- [6] Qi Y W, Zhang D L, Zhang H L, et al. Genetic diversity of rice cultivars (*O. sativa* L.) in China and the temporal trends in recent fifty years [J]. *Chin Sci Bull*, 2006, 51(6): 681-688
- [7] 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
- [8] Wei X H, Yuan X P, Yu H Y, et al. Temporal changes in SSR alleles diversity of major rice cultivars in China [J]. *Journal of Genetics*, 2009, 36: 363-370
- [9] 赵庆勇, 张亚东, 朱镇, 等. 30 个梗稻品种 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(2): 218-223
- [10] 张立娜, 曹桂兰, 韩龙植. 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
- [11] 高如嵩, 张嵩午. 稻米品质气候生态基础研究 [M]. 西安: 陕西科学技术出版社, 1994
- [12] 高亮之, 郭鹏, 张立中, 等. 中国水稻的光温资源与生产力 [J]. *中国农业科学*, 1984(1): 17-23
- [13] 王兴盛. 宁夏水稻 [J]. *北方水稻*, 2007, 37(1): 19-22, 31
- [14] 王兴盛. 浅析宁夏水稻育成品种(系)的遗传背景 [J]. *宁夏农林科技*, 1992(3): 11-14
- [15] Edwards K, Johnstone C, Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis [J]. *Nucleic Acids Research*, 1991, 19(6): 1349
- [16] Panaud O, Chen X, McCouch S R. Development of a microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*O. sativa* L.) [J]. *Mol Gen Genet*, 1996, 252(5): 597-607
- [17] Nei M. Genetic distance between populations [J]. *American Naturalist*, 1972, 106(3): 283-292
- [18] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations [J]. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1973, 70(12): 3321-3323
- [19] 马静, 孙建昌, 王兴盛, 等. 宁夏水稻选育品种遗传多样性和亲缘关系分析 [J]. *西北植物学报*, 2011, 31(5): 0861-0867
- [20] 马静, 孙建昌, 安永平, 等. 基于 SSR 标记的宁夏水稻遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(5): 826-832
- [21] 陈小龙, 马力奋, 王鹏, 等. 宁夏 60 份梗稻种植资源遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(2): 226-231
- [22] 甘晓燕, 李苗, 关雅静, 等. 宁夏 89 份梗稻种质遗传多样性的 SSR 分析 [J]. *西北植物学报*, 2009, 29(9): 1772-1778
- [23] 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
- [24] Shu A P, Kim J H, Zhang S Y, et al. Analysis on genetic similarity of *Japonica* rice variety from different origins of geography in the world [J]. *Agr Sci China*, 2009, 8(5): 513-520
- [25] 杨玉蓉, 孙建昌, 王兴盛, 等. 宁夏不同年代水稻品种的遗传多样性比较 [J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(3): 457-464