

中国东北地区水稻主要栽培品种的遗传多样性分析

玄英实¹,姜文洙²,刘宪虎³,程正海¹,Hee-Jong Koh²,元东林¹

(¹延边农业科学研究所,龙井 133400;²韩国首尔大学农业生命科学研究院及
植物生产科学部,首尔 151-742,韩国;³延边大学农学院,龙井 133400)

摘要:利用 68 对 SSR 引物对 91 份梗稻品种进行了遗传多样性分析。研究结果共检测到 293 个等位基因,平均 4.3 个;平均多态信息含量(PIC)为 0.313,变动范围为 0.022~0.825。RM333 和 RM206 的等位基因数最多,分别为 14、10;且 PIC 也最高,分别为 0.825、0.805。聚类 and 群体差异分析结果表明,东北三省水稻品种的遗传基础狭窄。黑龙江省和吉林省、黑龙江省和日本、吉林省和日本的水稻品种间遗传距离都很小,分别为 0.083、0.084、0.090,而辽宁省与吉林省、黑龙江省的水稻品种遗传基础有一些差异。9 个地理来源的品种聚类结果,可分为 5 个大类群,黑龙江省、吉林省、日本和韩国形成第 I 类群;北京和辽宁省归为第 II 类群;中国台湾、云南省、美国分别为第 III、第 IV 和第 V 类群。东北三省是重要的梗稻生产基地,但遗传基础非常狭窄,要克服遗传脆弱性应从地理位置较远的国家或地区收集更丰富的遗传资源。

关键词:梗稻;东北三省;遗传多样性;微卫星引物

Comparative Analysis of Genetic Diversity of Commercial Rice Cultivars in Northeastern China

XUAN Ying-shi, JIANG Wen-zhu, LIU Xian-hu, CHENG Zheng-hai, Hee-Jong Koh, YUAN Dong-lin

(¹Rice Research Institute of Yanbian Academy of Agricultural Sciences, Longjing 133400;

²Dept of Plant Science and Research Institute of Agriculture and Life Sciences, Seoul National University, Seoul, 151-921, Korea;

³Agricultural College of Yanbian University, Longjing 133400)

Abstract: Genetic diversity among 91 rice cultivars, which included 56 cultivars from three provinces of Northeastern China (Liaoning, Jilin and Heilongjiang) and 35 cultivars from Beijing, Yunnan, Taiwan, Korea, Japan and USA, were analyzed using 68 SSR markers. A total of 293 alleles were produced, and the average number of alleles per marker locus was 4.3. The PIC value per locus varied widely from 0.022 to 0.825 with an average value of 0.313. RM333 and RM206 had the most alleles (14 and 10) and showed highest PIC (0.825 and 0.805). The unrooted neighbor-joining tree analysis and comparison of diversity parameters among provinces of Northeastern China and other groups revealed that rice cultivars from three Northeastern provinces had narrow genetic diversity. Cultivars from Heilongjiang and Jilin, Heilongjiang and Japan, Jilin and Japan had very near genetic distance, which were 0.083, 0.084 and 0.090. Liaoning cultivars had some different genetic foundation from Heilongjiang and Jilin. Cluster analysis showed that the 9 regional groups could be clustered into five groups. The first group included Heilongjiang, Jilin, Japan and Korea, the second group included Beijing and Liaoning, and Taiwan, Yunnan, U S A each comprised the 3rd, the 4th and the 5th groups. These results collectively demonstrated that more diverse genetic resources from far geography position should be incorporated into rice cultivars in three provinces of Northeastern China in order to avoid the potential genetic vulnerability.

收稿日期:2009-02-26

修回日期:2009-06-02

基金项目:韩国教育科学技术部 21st Century Frontier Research Program (code#CG3111)

作者简介:玄英实,硕士,副研究员,从事水稻遗传育种研究。E-mail: xuanyingshi@yahoo.com.cn

通讯作者:Hee-Jong Koh,教授。E-mail: heejkoh@snu.ac.kr

元东林,研究员。E-mail: yuandonglin2000@yahoo.com.cn

Key words: Japonica rice; Three northeast provinces; Genetic diversity; SSR marker

中国粳稻种植面积为 830 万 hm^2 , 其中东北稻区为 332 万 hm^2 , 占 40% 以上^[1]。由于东北稻米品质优, 商品率高, 其需求量日益增加, 提高粳稻单产对农民的增产增收和粮食安全具有重要的意义。20 世纪 80 年代以来, 我国北方尤其是东北三省水稻单产已有明显提高。如何在较高产量基础上进一步提高产量, 达到超高产水平, 已成为稻作科研与生产的重要课题^[2]。然而亲本材料遗传基础狭窄制约着东北地区水稻生产的快速和稳定发展。齐永文等^[3]和魏兴华等^[4]研究表明, 南方稻区粳稻品种的遗传多样性明显高于北方稻区粳稻品种; 在表型、同工酶和 SSR 水平上东北稻区粳稻品种的遗传多样性较低。辽宁省目前推广的三系杂交粳稻的产量没有显著提高, 其主要原因还是三系亲本材料的遗传背景狭窄, 杂交种杂种优势不强。Tanksley 等^[5]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%。

近几年国内外学者利用 RAPD^[6-8]、AFLP^[8-9]、SSR^[10-16] 等分子生物技术开展了作物品种间遗传多

样性和亲缘关系研究。郝伟等^[16]利用 2006 年东北三省区试水稻品种进行遗传多样性和亲缘关系分析, 姜树坤等^[2]对辽宁省近 15 年来选育的部分水稻主栽品种进行多态性分析, 研究材料仅限于东北三省的品种。本试验利用 68 对 SSR 引物, 对东北三省常规粳稻品种及其他 6 个来源地的品种进行遗传多样性分析, 阐明不同群体间及不同来源地间的亲缘关系, 旨在为东北水稻育种的亲本选配和拓宽水稻品种的遗传基础提供理论依据。

1 材料与amp;方法

1.1 材料

本试验选取 9 个不同地理来源的 91 份粳稻品种作为试验材料, 分别为黑龙江 15 份、吉林 24 份、辽宁 17 份、北京 7 份、云南 2 份、中国台湾 6 份、日本 8 份、韩国 8 份、美国 4 份(表 1)。以来自东北三省的 56 份材料作为主要分析对象, 其余 35 份用来比较东北三省水稻品种的遗传多样性。

表 1 参试水稻品种及其来源

Table 1 Rice cultivars used in this study and their origins

编号 Code	品种(系) Variety (line)	来源地 Origin	编号 Code	品种(系) Variety (line)	来源地 Origin
1	松粳 6	黑龙江	21	通粳 797	吉林
2	五优 1	黑龙江	22	超级稻	吉林
3	牡丹江 4	黑龙江	23	特优 21	吉林
4	合江 19	黑龙江	24	吉优 1	吉林
5	龙粳 13	黑龙江	25	组培 28	吉林
6	绥粳 7	黑龙江	26	丰优 203	吉林
7	合江 21	黑龙江	27	丰优 201	吉林
8	东农 416	黑龙江	28	平粳 6	吉林
9	龙粳 17	黑龙江	29	长丰 1	吉林
10	龙粳 19	黑龙江	30	延粳 14	吉林
11	垦稻 9	黑龙江	31	延粳 21	吉林
12	垦稻 10	黑龙江	32	延组培 1	吉林
13	绥粳 5	黑龙江	33	延 501	吉林
14	龙盾 104	黑龙江	34	延粳 20	吉林
15	垦监稻 7	黑龙江	35	延粳 23	吉林
16	通育 308	吉林	36	延 506	吉林
17	吉农大 26	吉林	37	延粳 19	吉林
18	长白 9	吉林	38	延粳 22	吉林
19	吉玉粳	吉林	39	延粳 24	吉林
20	通 35	吉林	40	辽粳 454	辽宁

续表

编号 Code	品种(系) Variety(line)	来源地 Origin	编号 Code	品种(系) Variety(line)	来源地 Origin
41	辽粳 912	辽宁	67	KunShaoXinGan	中国台湾
42	辽农 49	辽宁	68	高雄 142	中国台湾
43	辽盐 16	辽宁	69	台中 65	中国台湾
44	辽优 9513	辽宁	70	台中 178	中国台湾
45	辽优 9914	辽宁	71	台北 309	中国台湾
46	磐金 782	辽宁	72	珍富	韩国
47	沈粳 4311	辽宁	73	东珍	韩国
48	沈农 265	辽宁	74	五大	韩国
49	沈农 606	辽宁	75	花晴	韩国
50	丰田 201	辽宁	76	一品	韩国
51	盐丰 47	辽宁	77	嗜好	韩国
52	盐丰 218	辽宁	78	三光	韩国
53	盐优 9958	辽宁	79	高品	韩国
54	营 9443	辽宁	80	农林 20	日本
55	雨田 301	辽宁	81	里歌	日本
56	沈农 27	辽宁	82	日本晴	日本
57	组培 126	北京	83	越光	日本
58	中华 17	北京	84	上育 397	日本
59	中作 321	北京	85	一见钟情	日本
60	中作 9017	北京	86	十和田	日本
61	中作 9052	北京	87	秋晴	日本
62	中作 9128	北京	88	M201	美国
63	中作 9936	北京	89	C18678	美国
64	合系 15	云南	90	Charolina Gold	美国
65	合系 41	云南	91	S201	美国
66	高雄 64	中国台湾			

1.2 SSR引物及PCR扩增

按稍加改进的 Causse 等^[17] CTAB 法提取 DNA 并进行纯化,利用 Nanodrop ND-1000 分光光度计 (Thermo Scientific) 测定 DNA 浓度。每条染色体上选取 4~8 对 SSR 引物,共选择 71 对引物应用于水稻 DNA 分析(表 2)。PCR 体系(总反应体积为 20 μ l) 含 10 \times PCR buffer (含 MgCl₂) 2.0 μ l, 2.5 mmol/L dNTP 1 μ l, 1 U/ μ l Taq 酶 1 μ l, 2 μ mol/l SSR 引物 2.0 μ l, 25 ng/ μ l DNA 2.0 μ l, ddH₂O 12.0 μ l。扩增程序为 95 $^{\circ}$ C 5minl; 95 $^{\circ}$ C 45s, 60 $^{\circ}$ C 45s, 72 $^{\circ}$ C 45s, 共 35 个循环;然后 72 $^{\circ}$ C 10minl, 待温度降至 10 $^{\circ}$ C 后,取出来放在 4 $^{\circ}$ C 冰箱内备用。扩增产物在 8% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳 (Model: MGV-202-33, C. B. S. SCIENTIFIC company inc.) 及溴化乙锭 (E B) 染色法检测扩增结果。

1.3 数据分析

每对 SSR 引物检测一个位点,将相同迁移率位

置上的带为一个等位基因,参照 http://www.gramene.org/db/diversity/diversity_view 提供的 SSR 信息进行数据记录。数据经整理后利用 POWER-MARKER version 3.25^[18] 进行每个位点的等位基因数、主要等位基因频率、Nei's 多样性指数、多态信息含量 (PIC) 及 *Fst* 统计值。采用基于 Share allele 距离 (share allele distance, D_{SA}) 的邻接法 (neighbor-joining) 计算遗传距离,利用 MEGA 3 构建无根树状聚类图。

2 结果与分析

2.1 SSR引物多样性

利用 71 对 SSR 引物对 91 份粳稻品种进行 DNA 分析,其中 3 对引物在所有粳稻品种均不表现多态性 (RM240、RM11、RM489),故利用 68 对引物进行了遗传多样性分析(表 2)。共检测到

293 个等位基因,每对 SSR 引物等位基因数变异范围为 2~14 个,平均等位基因数为 4.3 个。其中 RM333、RM206 的等位基因数最多,分别为 14、10 个。有 13 对引物只检测到 2 个等位基因,且平均 PIC 只有 0.096。等位基因频率最低的为 RM206

(24.2%),其 PIC 为 0.805,表现最高的多态性,而 RM493、RM296、RM590、RM7376 的等位基因频率为 98.9%,且 PIC 为 0.022,表现最低的多态性。Nei's 多样性指数也与 PIC 呈类似的倾向。

表 2 不同 SSR 引物的相关遗传参数

Table 2 Related genetic parameters of different SSR primers

引物 Primer	染色体 Chr	等位基 因数 No. of alleles	等位基因 频率 Allele frequency /locus	Nei's 指数 Nei's index	多态信息 含量 PIC	引物 Primer	染色体 Chr	等位基 因数 No. of alleles	等位基因 频率 Allele frequency /locus	Nei's 指数 Nei's index	多态信息 含量 PIC
RM1	1	7	0.516	0.649	0.601	RM345	6	3	0.736	0.411	0.361
RM237	1	4	0.856	0.253	0.231	RM528	6	6	0.78	0.376	0.357
RM24	1	4	0.956	0.085	0.084	RM10	7	4	0.809	0.323	0.294
RM297	1	5	0.802	0.344	0.328	RM214	7	6	0.758	0.405	0.382
RM315	1	4	0.923	0.145	0.139	RM248	7	3	0.978	0.043	0.043
RM493	1	2	0.989	0.022	0.022	RM429	7	4	0.879	0.217	0.202
RM5	1	6	0.322	0.751	0.708	RM445	7	2	0.978	0.043	0.042
RM600	1	5	0.400	0.684	0.629	RM501	7	7	0.596	0.600	0.566
RM208	2	5	0.462	0.685	0.636	RM505	7	3	0.615	0.489	0.389
RM250	2	6	0.461	0.649	0.586	RM152	8	3	0.830	0.296	0.273
RM263	2	3	0.978	0.043	0.043	RM264	8	7	0.648	0.540	0.507
RM279	2	4	0.835	0.292	0.278	RM38	8	5	0.648	0.502	0.436
RM300	2	7	0.856	0.262	0.254	RM42	8	3	0.934	0.125	0.122
RM450	2	4	0.934	0.126	0.123	RM219	9	3	0.744	0.391	0.330
RM48	2	5	0.356	0.737	0.692	RM257	9	7	0.307	0.782	0.749
RM22	3	5	0.769	0.383	0.354	RM296	9	2	0.989	0.022	0.022
RM232	3	5	0.868	0.240	0.231	RM409	9	2	0.978	0.043	0.042
RM570	3	3	0.978	0.043	0.043	RM566	9	4	0.956	0.086	0.085
RM131	4	2	0.956	0.084	0.081	RM216	10	6	0.789	0.356	0.328
RM317	4	2	0.978	0.043	0.042	RM258	10	2	0.923	0.142	0.132
RM349	4	3	0.703	0.424	0.343	RM333	10	14	0.313	0.84	0.825
RM518	4	7	0.56	0.553	0.469	RM590	10	2	0.989	0.022	0.022
RM5687	4	5	0.709	0.462	0.427	RM202	11	4	0.802	0.340	0.319
RM13	5	3	0.978	0.044	0.044	RM206	11	10	0.242	0.827	0.805
RM153	5	2	0.747	0.378	0.306	RM209	11	3	0.908	0.169	0.158
RM163	5	5	0.582	0.583	0.529	RM21	11	7	0.330	0.776	0.745
RM169	5	2	0.923	0.142	0.132	RM224	11	6	0.736	0.439	0.419
RM249	5	7	0.556	0.643	0.612	RM332	11	2	0.659	0.449	0.348
RM437	5	3	0.921	0.146	0.139	RM17	12	3	0.879	0.215	0.196
RM480	5	3	0.670	0.467	0.392	RM247	12	6	0.890	0.204	0.199
RM598	5	2	0.978	0.043	0.042	RM270	12	4	0.586	0.503	0.398
RM162	6	3	0.835	0.287	0.266	RM511	12	3	0.934	0.125	0.121
RM225	6	4	0.385	0.672	0.603	RM7376	12	2	0.989	0.022	0.022
RM276	6	4	0.747	0.397	0.347	平均(\bar{x})		4.3	0.756	0.341	0.313
RM340	6	4	0.813	0.323	0.302						

2.2 东北三省各省份以及其他群体间遗传多样性

对黑龙江、吉林、辽宁、东北三省以及其他群体间遗传多样性进行分析,结果表明(表3),东北三省参试品种比其他群体多但平均等位基因数少于其他群体。东北三省 Nei's 多样性指数和多态信息含量非常低,分别为 0.308 和 0.281;而其他群体相对表现较高,分别为 0.364 和 0.330;整个群体表

现为居中,分别为 0.341 和 0.313。主要等位基因频率是以东北三省最高。东北三省各省份之间 Nei's 多样性指数、多态信息含量(PIC)由大到小依次为辽宁、吉林、黑龙江,东北三省各省之间比较群体差异(F_{st})由小到大依次为吉林与黑龙江之间(0.084) < 吉林与辽宁之间(0.134) < 辽宁与黑龙江之间(0.178)。

表3 东北三省以及其他群体的品种遗传多样性分析

Table 3 Analysis of genetic diversity of three northeastern provinces as well as other groups

群体 Group	参试品种 Sample	等位基因数 No. of alleles/locus	主要等位 基因频率 Major allele frequency	Nei's 指数 Nei's index	多态信息含量 PIC	比较群体差异 F_{st}
吉林	24	2.4	0.808	0.268	0.239	
黑龙江	15	2.2	0.813	0.252	0.222	
辽宁	17	2.3	0.791	0.291	0.254	
东北三省	56	3.2	0.782	0.308	0.281	
其他群体	35	3.7	0.737	0.364	0.330	
整个群体	91	4.3	0.756	0.341	0.313	
吉林和黑龙江	39	2.9	0.801	0.274	0.251	0.084
吉林和辽宁	41	2.9	0.780	0.276	0.278	0.134
辽宁和黑龙江	32	2.9	0.773	0.277	0.283	0.178

2.3 聚类分析

基于 D_{SA} 邻接法对 91 份参试品种进行聚类,可分为 7 个类群(图 1)。黑龙江省和吉林省水稻品种基本各自单独归为一个类群;辽宁省水稻品种明显分成 2 个不同类群,其中有 7 个品种与黑龙江省水稻品种遗传背景类似,归为辽宁 I,而另有 9 个水稻品种与 1 个中国台湾品种和 2 个北京品种一起归为同一类群(辽宁 II)。其他来源地水稻品种

归纳为 3 个类群。其他类群 I 包括 3 个日本品种、4 个韩国品种、4 个中国台湾品种和 1 个辽宁品种;其他类群 II 包括 4 个美国品种、1 个云南品种、1 个中国台湾品种和 1 个北京品种;其他类群 III 包括 4 个北京品种、2 个吉林品种、1 个云南品种、1 个日本品种和 3 个韩国品种。每个类群中都包含 4~5 个不同地理来源的水稻品种,较难划清其地理位置上的界限。

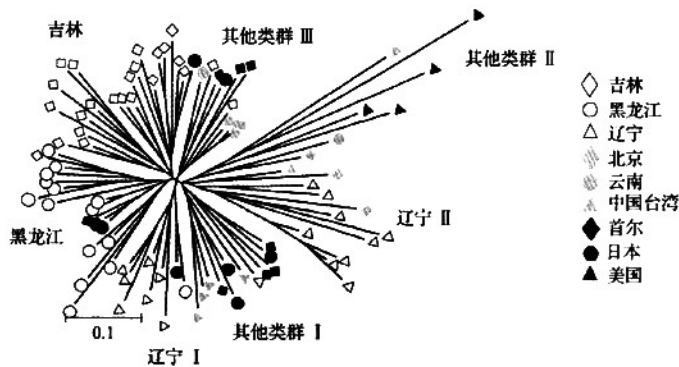


图1 利用 68 个 SSR 引物对 91 个水稻品种基于 D_{SA} 邻接法构建的无根树状聚类图

Fig.1 An unrooted neighbor-joining tree showing the genetic relationships between of 91 rice cultivars

2.4 不同来源地水稻品种的亲缘关系

由表 4 可见,不同来源地水稻品种遗传距离变异范围为 0.076~0.323,平均值为 0.1691。东北三省间的遗传距离变异范围为 0.083~0.144,遗传关系较近。具体比较结果:日本品种与韩国品种间遗传距离最小,为 0.076;其次为吉林省与黑龙江省遗传距离为 0.083;日本品种与黑龙江省和吉林省水稻品种间的遗传距离 0.084 和 0.090。辽宁省与吉林省和北京水稻品种间的遗传距离也较小,分别为 0.110 和 0.117。美国与其他来源的水稻品种间遗传距离均较大,变异范围为 0.244~0.323,其中美国与云南省水稻品种间遗传距离最大,为 0.323。云南省与东北三省水稻品种间遗传距离也相对较

大,变异范围为 0.197~0.226。以上分析结果表明,东北三省水稻品种与地理位置相对较近的日本、韩国水稻品种间遗传距离较近;辽宁省与吉林省、北京水稻品种具相对较小的遗传距离;而地理位置相对较远的美国与其他 8 个不同来源地水稻品种,云南省与东北三省水稻品种具较大遗传距离。根据遗传距离大小进行 UPGMA 聚类,9 个不同来源地水稻品种可分为 5 个大类群。日本和韩国先聚为一小类群,黑龙江和吉林也先聚为二小类,然后两个小类群构成第 I 类群;北京和辽宁归为第 II 类群;中国台湾、云南、美国各单独形成一大类群,分别为第 III、第 IV 和第 V 类群(图 2)。

表 4 9 个来源地品种间的 Nei's 遗传距离

Table 4 Nei's genetic distance matrix among 9 groups

来源 Origin	黑龙江 Heilongjiang	吉林 Jilin	辽宁 Liaoning	北京 Beijing	云南 Yunnan	中国台湾 China Taiwan	韩国 Korea	日本 Japan
吉林	0.083							
辽宁	0.144	0.11						
北京	0.134	0.121	0.117					
云南	0.197	0.206	0.226	0.189				
中国台湾	0.146	0.128	0.159	0.145	0.216			
韩国	0.118	0.123	0.153	0.106	0.191	0.137		
日本	0.084	0.090	0.148	0.123	0.188	0.117	0.076	
美国	0.244	0.248	0.255	0.271	0.323	0.249	0.254	0.268

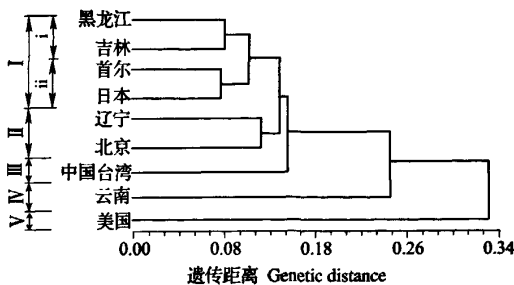


图 2 对 9 个来源地的 UPGMA 聚类分析图

Fig. 2 A UPGMA cluster dendrogram showing the genetic relationships among 9 regional groups

3 讨论

3.1 SSR 引物遗传多样性比较

华蕾等^[19]利用 40 对引物对 72 个我国主栽梗稻品种进行 SSR 分析,结果共检测出 156 个等位基

因,平均 4.0 个;刘炜等^[20]利用 37 对 SSR 引物对来源 11 个生态类型的梗稻品种进行了遗传多样性分析,共检测到 186 个等位基因,平均为 5.1 个;齐永文等^[3]利用 36 对引物对中国 23 个地区梗稻品种进行了遗传多样性分析,共检测到 358 个等位基因,平均为 9.9 个。本研究中,利用 68 对有多态性的 SSR 引物对 9 个地理来源地 91 份梗稻品种进行遗传多样性检验,共检测出 293 个位点,平均为 4.3 个等位基因,与前人研究结果存在一定差异,这可能与研究材料(参试材料的 62% 来自东北三省)以及 SSR 引物的差异有关。

黑龙江、吉林、辽宁、东北三省以及其他群体遗传多样性分析中,东北三省遗传多样性明显低于其他群体,结果说明东北三省遗传多样性非常狭窄,导致本试验整个群体遗传多样性下降。东北三省材料每一位点平均等位基因数为 3.2 个,此结果低于郝伟等^[16]以 35 个 2006 年东北三省水

稻区域试验品种(系)为试验材料分析的平均等位基因数 3.4 个,这是因为参加分析的 68 对 SSR 引物中 RM315、RM13、RM317、RM296、RM409、RM496、RM570、RM7376 等 8 个引物在东北三省群体中不具有多态性,其他 60 对 SSR 引物平均等位基因数为 3.5 个。

本研究中辽宁省品种的遗传多样性高于吉林省和黑龙江省,与郝伟等^[16]研究结果相同;但吉林省高于黑龙江省而不同于其研究结果。

3.2 不同地理来源粳稻品种的亲缘关系

关于水稻品种的遗传多样性和亲缘关系研究已有一些报道。熊振民等^[22]指出,东北地区种植的大部分品种都含有几个引进品种的血缘,从 20 世纪 50 年代到 80 年代,整个北方稻区大面积推广的 212 份品种中 97.2% 的品种都具有日本品种的亲缘关系;齐永文等^[3]等研究结果,中国 6 个稻区中东北稻区和西北稻区的遗传多样性最低;束爱萍等^[21]利用世界各地 313 份粳稻品种进行遗传相似性研究,认为粳稻品种的遗传相似性与纬度和地理位置有着密切的联系。

本研究表明,基于 D_{SA} 邻接法,吉林省和黑龙江省水稻品种基本上各自归为一个类群,而辽宁省水稻品种明显分为 2 个不同类群。不同地理来源水稻品种的聚类分析表明,吉林省和黑龙江省水稻品种归为同一小类群,而辽宁省与北京水稻品种归为同一类群,说明辽宁省水稻品种与吉林省和黑龙江省的水稻品种的遗传基础有一些差异。另外,地理位置相对较远的日本和韩国水稻品种零散地与东北三省的品种分类在一起,同时韩国和日本与黑龙江省和吉林省聚为同一大类群;而地理位置相对较远的美国与其他 8 个不同地理来源地水稻品种,云南省与东北三省水稻品种具有较大遗传距离。以上结果说明地理位置相对较近,具有较近的亲缘关系;地理位置相对较远,具有较远的亲缘关系。因此,要克服东北三省水稻遗传脆弱性应从地理位置较远的国家或地区收集更丰富的遗传资源。

在东北三省水稻杂交育种中,拓宽杂交亲本的遗传基础是增加水稻产量潜力的重要途径之一。根据育种目标,要考虑入选亲本材料目标性状的同时,应加大双亲之间的遗传距离,以创造更丰富的遗传变异。

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] 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(1):69-72
- [3] 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
- [4] 魏兴华,汤圣祥,江云珠,等.中国栽培稻选育品种等位酶多样性及其与形态学性状的相关分析[J].中国水稻科学,2003,17(2):123-128
- [5] Tanksley S D, McCouch S R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild[J]. Science, 1997, 277: 1063-1066
- [6] 曹辉庆,李瑞瑞,彭宏祥.利用 RAPD 分子引物对南方湿热地区葡萄的亲缘关系及分类研究[J].西南农业学报,2004,17(1):61-64
- [7] 张露,蔡友铭,诸葛强,等.石蒜属种间亲缘关系 RAPD 分析[J].遗传学报,2002,29(10):915-921
- [8] Lefebvre V, Goffinet B, Chauvet J C, et al. Evaluation of genetic distances between pepper inbred lines for cultivar protection purposes: comparison of AFLP, RAPD and phenotypic data[J]. Theor Appl Genet, 2001, 102: 741-750
- [9] Abdalla A M, Reddy O U K, El-Zik K M, et al. Genetic diversity and relationships of diploid and tetraploid cottons revealed using AFLP[J]. Theor Appl Genet, 2001, 102(2/3): 222-229
- [10] 杨新泉,刘鹏,韩幸福,等.普通小麦 Genomic-SSR 和 EST-SSR 分子引物遗传差异及其与系谱遗传距离的比较研究[J].遗传学报,2005,32(4):406-416
- [11] 张彩英,李喜焯,常文锁,等.应用 SSR 标记分析大豆种质资源的遗传多样性[J].植物遗传资源学报,2008,9(3):308-314
- [12] 余显权,蒋向辉,吴海滨,等.贵州地方耐冷水稻品种的 SSR 遗传多样性分析[J].西南农业学报,2005,18(1):1-4
- [13] You G X, Zhang X Y, Wang L F. An estimation of the minimum number of SSR loci needed to reveal Genetic relationships in wheat varieties: Information from 96 random accessions with maximized genetic diversity[J]. Mol Breed, 2005, 14(4): 397-406
- [14] 陈本银,姜慧芳,廖伯寿,等.利用 SSR 技术研究花生属种间亲缘关系[J].植物遗传资源学报,2007,8(2):140-144
- [15] Rodgers D M, Muiphy J P, Frey K J. Impact of plant breeding on the grain yield and genetic diversity of spring oats[J]. Crop Sci, 1983, 23: 737-743
- [16] 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
- [17] Causse M A, Fulto T M, Cho Y C, et al. Saturated molecular map of the rice genome based on an interspecific backcross population[J]. Genetics, 1994, 138: 1251-1274
- [18] Liu K, Muse S R. Integrated analysis environment for genetic marker data[J]. Bioinformatics, 2005, 21: 2128-2129
- [19] 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
- [20] 刘炜,李自超,史延丽,等.利用 SSR 引物进行粳稻品种的遗传多样性研究[J].西南农业学报,2005,18(5):509-513
- [21] 束爱萍,金钟焯,张三元,等.世界不同地理来源粳稻品种的亲缘相似性研究[J].中国农业科学,2008,41(7):1879-1886
- [22] 熊振民,蔡洪法.中国水稻[M].北京:中国农业出版社,1990:50-200

中国东北地区水稻主要栽培品种的遗传多样性分析

作者: [玄英实](#), [姜文洙](#), [刘宪虎](#), [程正海](#), [Hee-Jong Koh](#), [元东林](#), [XUAN Ying-shi](#),
[JIANG Wen-zhu](#), [LIU Xian-hu](#), [CHENG Zheng-hai](#), [Hee-Jong Koh](#), [YUAN Dong-lin](#)
作者单位: [玄英实](#), [程正海](#), [元东林](#), [XUAN Ying-shi](#), [CHENG Zheng-hai](#), [YUAN Dong-lin](#)([延边农业科学研
究院水稻所](#), [龙井](#), [133400](#)), [姜文洙](#), [Hee-Jong Koh](#), [JIANG Wen-zhu](#), [Hee-Jong Koh](#)([韩国首
尔大学农业生命科学研究院及植物生产科学部](#), [首尔](#), [151-742](#), [韩国](#)), [刘宪虎](#), [LIU Xian-
hu](#)([延边大学农学院](#), [龙井](#), [133400](#))
刊名: [植物遗传资源学报](#) [ISTIC](#) [PKU](#)
英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)
年, 卷(期): 2010, 11(2)

参考文献(22条)

1. 束爱萍;金钟焕;张三元 [世界不同地理来源粳稻品种的遗传相似性研究](#)[期刊论文]-[中国农业科学](#) 2008(07)
2. 刘炜;李自超;史延丽 [利用SSB引物进行粳稻品种的遗传多样性研究](#)[期刊论文]-[西南农业学报](#) 2005(05)
3. 华蕾;袁筱萍;余汉勇 [我国水稻主栽品种SSR多样性的比较分析](#)[期刊论文]-[中国水稻科学](#) 2007(02)
4. Abdalla A M;Reddy O U K;El-Zik K M [Genetic diversity and relationships of diploid and tetraploid cottons revealed using AFLP](#) 2001(102)
5. Lefebvre V;Goffinet B;Chauvet J C [Evaluation of genetic distances between pepper inbred lines for cultivar protection purposes:comparison of AFLP, RAPD and phenotypic data](#)[外文期刊] 2001(5)
6. 张露;蔡友铭;诸葛强 [石蒜属种间亲缘关系RAPD分析](#)[期刊论文]-[遗传学报](#) 2002(10)
7. 曹辉庆;李杨瑞;彭宏祥 [利用RAPD分子引物对南方湿热地区葡萄的亲缘关系及分类研究](#)[期刊论文]-[西南农业学报](#) 2004(01)
8. Tanksley S D;McCouch S R [Seed banks and molecular maps:unlocking genetic potential from the wild](#) 1997
9. 魏兴华;汤圣祥;江云珠 [中国栽培稻选育品种等位酶多样性及其与形态学性状的相关分析](#)[期刊论文]-[中国水稻科学](#) 2003(02)
10. 齐永文;张冬玲;张洪亮 [中国水稻选育品种遗传多样性及其近50年变化趋势](#)[期刊论文]-[科学通报](#) 2006(06)
11. 姜树坤;王政海;钟鸣 [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](#)[期刊论文]-[植物生理学报](#) 2007(01)
12. 熊振民;蔡洪法 [中国水稻](#) 1990
13. Liu K;Muse S R [Integrated analysis environment for genetic marker data](#) 2005
14. Causee M A;Fuho T M;Cho Y G [Saturated molecular map of the rice genome based on an intempcittle backcross population](#) 1994
15. 郝伟;张旭;徐正进 [东北三省水稻遗传多样性和亲缘关系的SSR分析](#)[期刊论文]-[河南农业科学](#) 2008(04)
16. Rodgers D M;Muiphy J P;Frey K J [Impact of plant breeding on the grain yield and genetic diversity of spring oats](#) 1983
17. 陈本银;姜慧芳;廖伯寿 [利用SSR技术研究花生属种间亲缘关系](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2007(02)
18. You G X;Zhang X Y;Wang L F [An estimation of theminlimum number of SSR loci needed to reveal Genetic relationships in wheat varieties:Information from 96 random accessions with maximized genetic diversity](#)[外文期刊] 2005(04)
19. 余显权;蒋向辉;吴海滨 [贵州地方耐冷水稻品种的SSR遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[西南农业学报](#) 2005(01)

20. [张彩英;李喜焕;常文锁](#) [应用SSR标记分析大豆种质资源的遗传多样性](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2008(03)
21. [杨新泉;刘鹏;韩宗福](#) [普通小麦Genomic-SSR和EST-SSR分子引物遗传差异及其与系谱遗传距离的比较研究](#)[期刊论文]-[遗传学报](#) 2005(04)
22. [徐正进;邵国军;韩勇](#) [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](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2006(12)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201002015.aspx