

30 个粳稻品种 SSR 标记遗传多样性分析

赵庆勇, 张亚东, 朱 镇, 赵 凌, 陈 涛, 王才林

(江苏省农业科学院粮食作物研究所/江苏省优质水稻工程技术研究中心/
国家水稻改良中心南京分中心, 南京 210014)

摘要: 选用分布于水稻 12 条染色体上的 64 对 SSR 引物, 对江苏省育成以及日本引进的粳稻品种共 30 份材料进行遗传多样性分析。结果表明, 有 50 对 SSR 引物在 30 个品种间表现为多态性。共检测到 140 个等位基因, 每对引物的等位基因数为 2~5 个, 平均为 2.8 个。有效等位基因为 94.336 个, 平均为 1.887。每个 SSR 位点的多态性信息量 (*PIC*) 变化范围为 0.064~0.752, 平均为 0.410。30 个品种间的遗传相似系数变幅为 0.386~0.956 之间, 平均值为 0.719, 且 81.4% 的供试品种其遗传相似系数在 0.600~0.800 之间, 亲缘关系较近; 以遗传相似系数为原始数据, 按 UPGMA 方法将 30 个品种划分为 3 大族群, 结合系谱分析结果表明, 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, 欲进一步提高江苏省水稻产量还需拓宽亲本选择范围, 扩大遗传背景。

关键词: 粳稻; SSR 标记; 遗传多样性; 聚类分析

Analysis on Genetic Diversity of 30 Japonica Rice Varieties Using SSR Markers

ZHAO Qing-yong, ZHANG Ya-dong, ZHU Zhen, ZHAO Ling, CHEN Tao, WANG Cai-lin

(Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Jiangsu High Quality Rice R & D Center/ Nanjing Branch of China National Center for Rice Improvement, Nanjing 210014)

Abstract: Genetic diversity of 30 japonica rice varieties, which were bred by Jiangsu Province or introduced from Japan, was analyzed by 64 SSR primers covered on 12 rice chromosomes. The results indicated that a total of 50 SSR primers performed polymorphism and 140 alleles loci were detected. The average number of alleles per SSR locus was 2.8 with a range from 2 to 5. The effective alleles were 94.336 with average 1.887. The value of allelic polymorphism information content (*PIC*) ranged from 0.064 to 0.752, on an average of 0.410 per SSR marker. The genetic similarity of paired varieties ranged from 0.386 to 0.956, with average 0.719, and the genetic similarity of 81.4% tested materials ranged from 0.600 to 0.800. The results of UPGMA indicated that the 30 rice varieties could be clustered into three groups. Based on the pedigree analysis, it was concluded that the rice varieties in Jiangsu Province had closer genetic relationship with each other and the genetic diversity was not enough at present. It is necessary to explore the genetic resources and enlarge the genetic background in order to increase the yield in current rice breeding.

Key words: Japonica rice; SSR markers; Genetic diversity; Cluster analysis

水稻的遗传改良和突破性育种成就的取得主要依赖于种质资源的掌握和利用。只有了解育种材料的遗传变异信息, 才能有针对性地选择亲本, 在后代

中获得较大的杂种优势, 从而培育出优良品种(组合)。因此, 亲本遗传多样性的研究对于水稻新品种(组合)的选育具有重要意义。育种家们从农艺

收稿日期: 2009-04-28

修回日期: 2009-12-09

基金项目: 国家科技支撑计划资助项目(2006BAD01A01-7); 农业部行业科研专项(nyhyzx07-001-006); 江苏省农业科技自主创新基金(CX[09]634); 江苏省品种创新工程项目(BE2009303)

作者简介: 赵庆勇, 研究实习生, 主要从事水稻遗传育种。E-mail: qingyong2001@163.com

通讯作者: 王才林, 博士生导师, 研究员。E-mail: clwang@jaas.ac.cn

性状和系谱关系来判断品种间的遗传差异虽然有效,但受到时空和经验的限制,且难以量化,存在很大的局限性。然而 DNA 分子标记技术的出现和发展为揭示遗传差异提供了新的方法和手段,DNA 分子标记技术具有不受基因表达的时空限制和环境条件的影响,在水稻种质资源分类、地理分布、生态类型和系谱分析中得到广泛应用。由于 SSR 标记具有简便快速、稳定性高、重复性好及多态性丰富等优点,使其成为研究者们首选的 DNA 标记技术之一。而具体的 SSR 分析在不同类型水稻中的多态性正在广泛应用,赵勇等^[1]利用 16 对功能基因的 SSR 引物研究了世界 5 个国家不同来源的 23 份水稻种质资源的遗传多样性,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;朱作峰等^[2]用 30 对 SSR 引物比较了 52 份不同生态型的栽培稻和 34 份不同省区的普通野生稻的遗传多样性,通过聚类认为 SSR 标记既能将栽培稻和野生稻分开,又能较好地进行籼粳稻的分类。张涛等^[3]利用 SSR 分子标记对香稻品种的遗传多样性进行了研究,认为 SSR 分子标记在香稻品种遗传多样性分析和育种应用方面具有重要价值。刘炜等^[4]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。因此,寻找多态性高的 SSR 标记对于品种鉴定、分类及分析不同品种间的遗传多样性具有重要意义。

江苏是我国水稻的主产和高产省份之一,常年种植面积 200 万 hm^2 左右,其中粳稻面积占水稻总面积的 80% 左右。阙金华等^[5]对“七五”以来江苏省审定通过的水稻品种及其推广面积进行分析,结果表明,审定的品种数量有所增加,主栽品种更新速度加快,综合性状得到改善,单个品种面积有所下降。近年来江苏省水稻生产处于徘徊状态,产量提升缓慢,这与该省在新品种选育上未有突破性进展不无关系。本研究选用江苏省各育种单位育成的品种及日本引进的品种共 30 份,利用 SSR 分子标记技术研究其遗传多样性,旨在为江苏省水稻品种资源遗传多样性和新品种选育提供理论根据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

江苏省各育种单位育成及日本引进的粳稻品种共 30 份,其名称、系谱及来源见表 1。

表 1 30 个粳稻品种的名称、系谱及来源

Table 1 Name, pedigree and origin of 30 japonica rice varieties

品种 Variety	系谱 Pedigree	来源 Origin
盐稻 8 号	武育粳 3 号/H88-39	江苏沿海农科所
徐稻 3 号	镇稻 88/台湾稻	江苏徐州农科所
镇稻 88	月之光/武香粳 1 号	江苏镇江农科所
宁粳 2 号	武运粳 7 号/9707	南京农业大学
淮优粳 2 号	金南风//黄金晴/泗稻 10 号	江苏淮阴农科所
常农粳 3 号	武运粳 7 号/常农粳 2 号	江苏常熟农科所
盐稻 9 号	武育粳 3 号/武运粳 8 号	江苏沿海农科所
宁粳 1 号	武运粳 8 号/W3668	南京农业大学
银玉 21	武香粳 9 号/加 45 F ₁ × 娟光/9522 F ₁	江苏武进农科所
武运粳 7 号	加 48/香糯 9121//丙 815	江苏武进农科所
常农粳 4 号	秀水 63/武运粳 7 号	江苏常熟农科所
武育粳 5 号	丙 627/武育粳 3 号	江苏武进农科所
武香粳 9 号	秀水 04/武育粳 3 号//武香粳 1 号	江苏武进农科所
华粳 4 号	镇稻 88/凤尾 6 号	江苏大华种业
南粳 39	西光/武粳 4 号//丙 850	江苏省农业科学院
武育粳 3 号	中丹 1 号/7951//中丹 1 号/扬粳 1 号	江苏武进农科所
武粳 4 号	复羽 1 号/8301	江苏武进农科所
早丰 9 号	3012(武复粳)/中丹 一号 F ₂ 选早//农林 205	江苏武进农科所
扬 9538	武育粳 3 号/扬粳 186	江苏里下河农科所
淮稻 7 号	丙 850/广陵香糯//早丰 9 号	江苏淮阴农科所
扬粳 186	扬粳 201/黄金晴	江苏里下河农科所
镇香粳	武香粳 1 号/512//8637	江苏镇江农科所
盐粳 2 号	南粳 11 号系选	江苏盐都农科所
软玉 1 号	不详	江苏武进农科所
日本晴	辛风/山彦	日本
越光	农林 1 号/农林 22 号	日本
关东 188	日光/稻系 517	日本
关东 194	关东 163/鸿 272	日本
一见钟情	越光/初星	日本
爱知 106	越光///cms 越光 * 3// (cms * 越光 2/3III K-84) F ₆	日本

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取 采集苗期鲜嫩叶片,按照 SDS 法^[6]提取 30 个样本的基因组 DNA。

1.2.2 PCR 扩增 64 对 SSR 引物由上海英骏生物科技有限公司合成,PCR 反应在 Eppendorf-5330 PCR 仪上扩增,采用 10 μl 反应体系:DNA (10ng/ μl) 1 μl , Primer (4pmol/ μl) 1 μl , 10 × Buffer 1 μl , dNTP (2.5mmol/l) 0.2 μl , Taq (5U/ μl) 0.1 μl 和 ddH₂O 6.7 μl 。反应程序为:94℃ 预变性 5min;94℃ 变性 30 s,55℃ 退火 30s,72℃ 延伸 1min;35 个循环;72℃ 延伸 10min。反应产物用 8% 的非变性聚丙烯酰胺

凝胶电泳,银染拍照。

1.2.3 数据统计与分析 SSR扩增产物以0,1统计建立数据库。在相同迁移位置上,有带记为1,无带记为0,缺失记为9。每2份材料间的遗传差异按Nei等^[7]的方法求算遗传相似系数(genetic similarity, *GS*)和遗传距离(genetic distance, *GD*),公式为: $GS = 2M_{xy} / (M_x + M_y)$, $GD = 1 - GS$,其中 M_x 和 M_y 分别为 X 和 Y 两材料的总片段数, M_{xy} 为两材料的公共片段数。根据所得遗传相似系数,用UPGMA法(unweighted pair-group method with arithmetic mean,算术平均非加权组法)进行遗传相似性聚类。以上运算通过NTSYS-pc Version 2.0软件^[8]运行。

1.2.4 遗传多样性评价 多态性位点的平均等位基因数 AP : $AP = \sum AP_i / np$ (1)

多态性信息量(polymorphism index content,简称 *PIC*)^[9]: $PIC = 1 - \sum p_i^2$, (2)

有效等位基因位点数(effective number of alleles)^[10]: $E = 1 / \sum p_i^2$ (3)

式中, AP_i 为第 i 个多态位点上的等位基因数, np 为所检测的多态位点总数; p_i 为第 i 个多态位点上的基因频率。

2 结果与分析

2.1 SSR标记的多态性

所用64对SSR引物在30个品种间能扩增出产物的有60对,占所用引物的93.8%。其中具有明显多态性且带型稳定的引物有50对(表2),占所用引物的78.1%,分布于水稻12条染色体上。共检测到140个等位基因,每对SSR引物的等位基因数变幅为2~5个,平均为2.8个。其中,引物RM247、RM5349和RM583的等位位点数最多,均为5个;23对SSR引物的等位基因数均为2个,多态性较差。检测到的有效等位基因数为94.336个,有效等位基因的百分数为67.38%,有效等位基因位点数的平均数为1.887个。由表2可知,每个SSR位点的PIC值变化范围为0.064~0.752,平均为0.410。由于多态性信息量是等位基因数和频率的函数,因此具有较高PIC值的SSR标记(如RM3826)具有较高的检测效率。根据等位基因数目和有效等位基因数与PIC值分别评价各标记的多态性检测能力,其结果有所差异,但两者呈极显著正相关($r=0.922^{**}$, $\alpha=0.01$)。

从标记所检测的等位基因数目在水稻12条染色体上分布(图1)来看,每条染色体所检测的平均等位基因数为2.00~4.00个,其中第12条染色体上检测到的平均等位基因最多,为4.00个,其次是第3、11染色体,为3.67个。由此说明,供试亲本在第3、11、12染色体上的遗传差异较大。

表2 SSR引物、染色体位置、等位基因数目、有效等位基因数及多态性信息量

Table 2 Microsatellites, chromosome, number of alleles, E and polymorphism index content(PIC) for SSR markers

引物 Primer	染色体 Chr	等位基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	PIC值 PIC	引物 Primer	染色体 Chr	等位基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	PIC值 PIC
RM495	1	2	1.965	0.491	RM1359	4	3	2.761	0.638
RM259	1	2	3.114	0.679	RM3367	4	2	1.923	0.480
RM583	1	5	1.654	0.396	RM1113	4	2	1.314	0.239
RM1287	1	2	1.923	0.480	RM3334	5	2	2.284	0.562
RM5	1	2	1.301	0.231	RM267	5	3	1.069	0.064
RM265	1	2	1.923	0.480	RM1237	5	2	1.228	0.186
RM5389	1	3	1.226	0.184	RM3476	5	3	2.486	0.598
RM1068	1	2	1.142	0.124	RM480	5	4	2.308	0.567
RM7562	2	3	2.032	0.508	RM1054	5	2	1.228	0.186
RM3703	2	2	1.233	0.189	RM276	6	4	1.657	0.397
RM1347	2	3	2.500	0.600	RM4924	6	3	1.536	0.349
RM1038	2	2	1.782	0.439	RM3430	6	3	1.867	0.464
RM240	2	2	1.923	0.480	RM340	6	2	1.438	0.304
RM4108	3	3	1.948	0.487	RM1867	7	2	1.800	0.444
RM1332	3	4	1.765	0.433	RM11	7	2	1.069	0.064
RM3513	3	4	3.169	0.684	RM3826	7	4	4.036	0.752
RM5688	4	4	3.147	0.682	RM234	7	2	1.301	0.231

续表

引物 Primer	染色体 Chr	等位基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	PIC 值 PIC	引物 Primer	染色体 Chr	等位基因数 N_a	有效等位 基因数 N_e	PIC 值 PIC
RM1702	8	3	2.413	0.586	RM258	10	2	1.923	0.480
RM6863	8	2	1.146	0.128	RM3451	10	2	1.689	0.408
RM331	8	2	1.404	0.288	RM1812	11	3	1.822	0.451
RM5485	8	3	1.402	0.287	RM5349	11	5	3.879	0.742
RM3496	8	3	1.718	0.418	RM1233	11	3	2.486	0.598
RM1328	9	3	1.495	0.331	RM247	12	5	1.974	0.493
RM1189	9	2	1.069	0.064	RM7619	12	4	1.685	0.407
RM242	9	3	1.779	0.438	RM1227	12	3	1.402	0.287

N_a : Observed number of alleles; N_e : Effective number of alleles

2.2 30 个梗稻品种的遗传相似性分析

根据 50 对 SSR 引物在 30 份供试品种中所获得的 140 个等位基因,按 Nei 的方法利用 NTSYSpc2.0 统计分析软件计算供试品种间的遗传相似系数。所

有供试品种间的遗传相似系数变化范围在 0.386 ~ 0.956 之间,平均为 0.719。根据所计算的 435 个遗传相似系数,以 0.02 为组距进行次数分布分析,其结果见图 1。

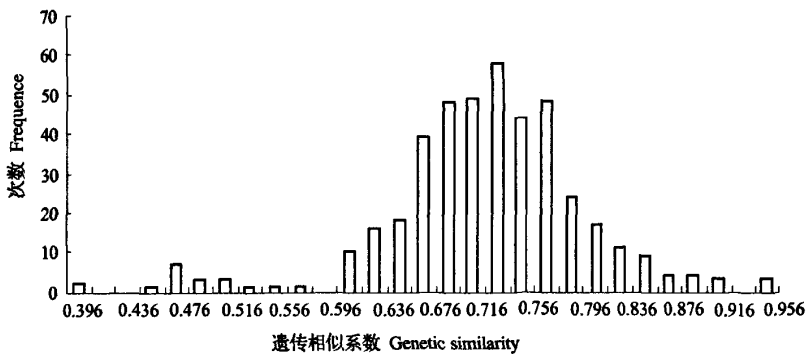


图 1 遗传相似系数的次数分布

Fig.1 The distribution of genetic similarity

由图 1 可知,供试品种的遗传相似系数次数呈正态分布,遗传相似系数在 0.600 ~ 0.800 之间的数量为 354 个,占整个数据的 81.4%;0.600 以下的有 21 个,占总数的 4.8%;0.800 以上的有 51 个,占总数的 11.7%。说明目前江苏省育成的水稻品种遗传相似性较高,遗传差异较大的品种数量相对较少。

2.3 30 个梗稻品种的聚类分析

由 SSR 分子标记聚类树状图(图 2)可见,在遗传相似系数 0.70 处,供试的 30 份品种可分为三大类。其中第 I 类包括 11 个品种,又可分为 2 个亚类,第 1 亚类有 7 个品种,包括 5 个日本品种和 2 个本地品种淮优梗 2 号和扬梗 186,其中淮优梗 2 号和扬梗 186 的亲本之一均为黄金晴;第 2 亚类有 4 个品种,包括盐稻 8 号、徐稻 3 号、镇稻 88 和华梗 4

号,其中徐稻 3 号和华梗 4 号的亲本之一为镇稻 88,而镇稻 88 的亲本之一为月之光。第 I 类的 11 个品种均具有日本品种血缘,因此聚为同一类。第 II 类有 18 个品种,均为江苏省大面积推广的品种。在相似系数 0.73 处又可分为 2 个亚类,第 1 亚类包括镇香梗和盐梗 2 号,其中盐梗 2 号是由南梗 11 号系选而来;第 2 亚类包括盐稻 9 号等 16 个品种,大多含有太湖梗稻血缘,亲缘关系较近。第 III 类只有 1 个品种爱知 106,是具有籼稻血缘的日本梗稻,因而单独聚为一类。

上述 SSR 标记聚类结果在大多数品种上较好地反映了不同材料的亲缘关系(参照表 1 的品种系谱),但是也出现了少数亲缘关系较近的材料没有聚到一起的现象,如盐稻 8 号是以武育梗 3 号为母本选育的,但它没有和武育梗 3 号聚在一类,可能是

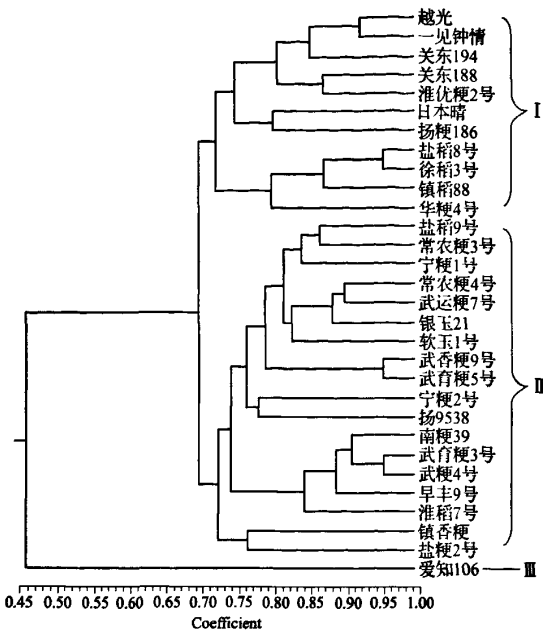


图2 基于 SSR 标记的 30 个粳稻品种聚类图
Fig.2 Dendrogram of 30 japonica varieties based on SSR marker

由于材料种子来源本身的原因,也可能是育种家选择的结果,还有可能是系谱记载不完善等原因。通过聚类分析说明,无论是主栽还是近年育成的江苏省粳稻品种以及 6 个日本品种在 DNA 水平上彼此间的差异并不很大,绝大多数供试品种的亲缘关系比较近。

3 讨论

江苏是中国水稻主产省之一,近年全省水稻种植面积在 $2.20 \times 106\text{hm}^2$ 左右,而粳稻面积达 $1.87 \times 106\text{hm}^2$,占水稻种植面积的 80% 以上。自 20 世纪 80 年代以来,江苏省总共育成粳稻新品种 100 多个,但对这些品种进行系统的 DNA 多样性的比较研究还没有。在我国利用 SSR 分子标记进行水稻遗传多样性研究已有很多报道。杨官品等^[11]通过对 238 份水稻品种的 SSR 分析,认为现代水稻品种的遗传多样性并不比地方品种低。齐永文等^[12]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。华蕾等^[13]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,水稻育种仍应加强异源优异种质亲本的选择。张媛媛等^[14]通过对中国 14 个省的 440 份籼稻地方品种进行 SSR 分析,

结果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。

本研究利用分布于水稻 12 条染色体上的 50 对 SSR 引物,在 30 个品种间共检测到 140 个等位基因,其中每对 SSR 引物的等位基因数变幅为 2~5 个,平均为 2.8 个。供试亲本在第 3、11、12 染色体上的遗传差异较大。每个 SSR 位点的多态性信息量(PIC 值)变化范围为 0.064~0.752;供试品种间的遗传相似系数变化范围在 0.386~0.956 之间,主要集中在 0.600~0.800,占整个数据的 81.4%,说明目前江苏省育成的水稻品种遗传相似性较高。

从本文聚类分析的结果可以看出,江苏省育成的水稻品种以及日本引进的品种在 DNA 水平上彼此间差异较小,绝大多数供试品种的亲缘关系都很近。其原因一方面可能是育种过程中亲本来源狭窄。陈志德等^[15]对江苏省审定的常规粳稻品种及其系谱进行分析发现,江苏省多数品种以农垦 57、农垦 58 和桂花黄及其衍生系为亲本,遗传背景较狭窄;另一方面水稻育种的强大选择压力使得品种的大部分稀有变异类型在改良过程中丢失。

江苏省主栽水稻品种遗传背景比较单一,大部分材料间的遗传距离较小,大大限制了江苏省水稻产量的进一步提高,因而无论是常规育种还是杂交育种,拓宽亲本的遗传基础都是最基本的策略。因此,江苏省水稻育种非常急需拓宽遗传资源,应加强对特异亲本类型的培育及优良基因的挖掘,扩大江苏省粳稻品种的遗传基础;在继续引进利用日本的优良品种外,积极考虑其他国家可引进应用的品种,以扩大杂交亲本的亲缘关系及范围。否则将会面临种植品种因亲缘关系近而受到毁灭性的自然灾害危害,如条纹叶枯病、稻瘟病等,而且育种工作也难以打破现阶段的徘徊局面。

目前不仅是江苏省,甚至是全国范围都存在主栽品种遗传基础不够广泛的现象。姜树坤等^[16]应用 SSR 标记对辽宁省近 15 年的 14 个大面积种植的水稻品种进行遗传多样性分析,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^[17]对黑龙江省育成的及日本引进的 54 个品种进行遗传多样性分析,结果表明绝大多数供试品种的亲缘关系都很近。应杰政等^[18]用微卫星标记分析 63 份我国水稻主栽品种的遗传多样性,结果表明常规粳稻品种的遗传多样性明显低于常规籼稻品种,粳稻品种主要分布于北方稻区和太湖流域。彭锁堂等^[19]对 1976~2005 年我国三

系杂交稻主要推广组合不育系的微卫星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。王胜军等^[20]比较分析了 1981 - 2002 年我国杂交水稻主要亲本,认为其遗传基础狭窄、背景单一。李云海等^[21]、何光华等^[21]、贺浩华等^[23]、段世华等^[24]、肖小余等^[25]及刘殊等^[26]也分别从 DNA 水平推断了我 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。近年来,我国水稻育种没有重大突破,进展较缓慢的重要原因之一就是目前所利用水稻亲本的遗传背景比较单一和狭窄,遗传差异较大的资源又难以很好地在生产中利用^[27]。这种矛盾可能正是导致目前杂交水稻难以大幅度提高的重要原因之一。Tankeley 等^[28]研究表明,当前利用于水稻育种和生产的水稻种质遗传多样性还不到整个保存水稻种质的 30%。因此,在今后的育种工作中应注意利用野生品种和地方品种资源,引进国外品种,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] 赵勇,杨凯, Akbar Ali Cheema, 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
- [2] 朱作峰,孙传清,付云彩,等. 用 SSR 标记比较亚洲栽培稻与普通野生稻的遗传多样性[J]. 中国农业科学, 2002, 35(12): 1437-1441
- [3] 张涛,郑家奎,徐建第,等. 香稻品种的遗传多样性研究[J]. 中国农业科学, 2008, 41(3): 625-635
- [4] 刘炜,李自超,史延丽,等. 利用 SSR 标记进行梗稻品种的遗传多样性研究[J]. 西南农业学报, 2005, 18(5): 509-514
- [5] 阙金华,周春和,吉健安,等. 江苏省水稻品种推广利用现状与建议[J]. 江苏农业科学, 2008(4): 17-20
- [6] Dellaporta S L, Wood J, Hicks J B. A plant DNA miniprep: Version II [J]. Plant Molecular Biology Reporter, 1983, 1(1): 19-21
- [7] Nei M, Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease [J]. PNAS, 1979, 76: 5269-5273
- [8] Rolf F J. NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, version 2.0 [M]. New York: Exeter Software, 1998
- [9] Smith J S C, Chin E C L, Shu H, et al. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPs and pedigree [J]. Theor Appl Genet, 1997, 95: 163-173
- [10] Kimura M, Ohta T. Mutation and evolution at the molecular level [J]. Genetics, 1973, 73(Suppl): 19-35
- [11] 杨官品,张启发,秦昌华. 水稻-多拷贝微卫星 DNA 多态性分析[J]. 遗传学报, 1998, 20(2): 27-30
- [12] 齐水文,张冬玲,张洪亮. 中国水稻选用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
- [13] 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
- [14] 张媛媛,曹桂兰,韩龙植. 中国不同地理来源水稻地方品种的亲缘关系研究[J]. 作物学报, 2007, 33(5): 757-762
- [15] 陈志德,仲维功,杨杰,等. 江苏省审定的常规梗稻品种及其系谱分析[J]. 江苏农业科学, 2003(1): 7-9
- [16] 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[J]. 植物生理学通讯, 2007, 43(2): 69-73
- [17] 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
- [18] 应杰政,施勇峰,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(4): 649-654
- [19] 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
- [20] 王胜军,陆作楦. 中国杂交水稻遗传多样性演变及其分析[J]. 江苏农业学报, 2006, 6(22): 192-198
- [21] 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
- [22] 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
- [23] 贺浩华,罗小金,朱昌兰,等. 杂交稻部分不育系与恢复系的 SSR 分类[J]. 作物学报, 2006, 32(2): 169-175
- [24] 段世华,毛加宁,朱英国. 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
- [25] 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
- [26] 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
- [27] 胡兴明,钱前. 现阶段中国水稻种质创新的研究策略和应用思考[J]. 植物遗传资源学报, 2004, 5(2): 193-196
- [28] Tankeley S D, McCouch S R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild [J]. Science, 1997, 277: 1063-1066

30个粳稻品种SSR标记遗传多样性分析

作者: [赵庆勇](#), [张亚东](#), [朱镇](#), [赵凌](#), [陈涛](#), [王才林](#), [ZHAO Qing-yong](#), [ZHANG Ya-dong](#), [ZHU Zhen](#), [ZHAO Ling](#), [CHEN Tao](#), [WANG Cai-lin](#)

作者单位: [江苏省农业科学院粮食作物研究所/江苏省优质水稻工程技术研究中心/国家水稻改良中心南京分中心, 南京, 210014](#)

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)

被引用次数: 2次

参考文献(28条)

- [Rulf F J](#) [NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, version 2.0](#) 1998
- [Nei M](#); [Li W](#) [Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease](#) 1979
- [Dellaporta S L](#); [Wood J](#); [Hicks J B A](#) [plant DNA miniprep: Version II](#) 1983(01)
- [王胜军](#); [陆作楣](#) [中国杂交籼稻遗传多样性演变及其分析](#) [期刊论文]-[江苏农业学报](#) 2006(06)
- [彭锁堂](#); [王海岗](#); [魏兴华](#) [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](#) [期刊论文]-[中国水稻科学](#) 2008(04)
- [应杰政](#); [施勇烽](#); [庄杰云](#) [用微卫星标记评估中国水稻主栽品种的遗传多样性](#) [期刊论文]-[中国农业科学](#) 2007(04)
- [赵勇](#); [杨凯](#); [Akbar Ali Cheema](#) [利用水稻功能基因SSR标记鉴定水稻种质资源](#) [期刊论文]-[中国农业科学](#) 2002(04)
- [Smith J S C](#); [Chin E C L](#); [Shu H](#) [An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize \(Zea mays L.\): comparisons with data from RFLPs and pedigree](#) 1997
- [阙金华](#); [周春和](#); [吉健安](#) [江苏省水稻品种推广利用现状与建议](#) [期刊论文]-[江苏农业科学](#) 2008(04)
- [刘炜](#); [李自超](#); [史延丽](#) [利用SSR标记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)
- [张涛](#); [郑家奎](#); [徐建策](#) [香稻品种的遗传多样性研究](#) [期刊论文]-[中国农业科学](#) 2008(03)
- [朱作峰](#); [孙传清](#); [付云彩](#) [用SSR标记比较亚洲栽培稻与普通野生稻的遗传多样性](#) [期刊论文]-[中国农业科学](#) 2002(12)
- [Tankeley S D](#); [McCouch S R](#) [Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild](#) [外文期刊] 1997(5329)
- [胡兴明](#); [钱前](#) [现阶段中国水稻种质创新的研究策略和应用思考](#) [期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2004(02)
- [刘殊](#); [程慧](#); [王飞](#) [我国杂交水稻主要恢复系的DNA多态性研究](#) [期刊论文]-[中国水稻科学](#) 2002(01)
- [肖小余](#); [王玉平](#); [张建勇](#) [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](#) [期刊论文]-[中国水稻科学](#) 2006(01)
- [段世华](#); [毛加宁](#); [朱英国](#) [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](#) [期刊论文]-[遗传学报](#) 2002(03)
- [贺浩华](#); [罗小金](#); [朱昌兰](#) [杂交稻部分不育系与恢复系的SSR分类](#) [期刊论文]-[作物学报](#) 2006(02)
- [何光华](#); [裴炎](#); [杨光伟](#) [我国中籼杂交稻亲本的DNA变异性研究](#) [期刊论文]-[作物学报](#) 2000(04)
- [李云海](#); [肖晗](#); [张春庆](#) [用微卫星DNA标记检测中国主要杂交水稻亲本的遗传差异](#) [期刊论文]-[植物学报](#) 1999(10)
- [杨静](#); [刘海英](#); [钱春荣](#) [黑龙江省水稻品种SSR标记遗传多样性分析](#) [期刊论文]-[东北农业大学学报](#) 2008(06)
- [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(02)

23. [陈志德;仲维功;杨杰](#) [江苏省审定的常规粳稻品种及其系谱分析](#)[期刊论文]-[江苏农业科学](#) 2003(01)
24. [张媛媛;曹桂兰;韩龙植](#) [中国不同地理来源粳稻地方品种的亲缘关系研究](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2007(05)
25. [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)
26. [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)
27. [杨官品;张启发;秦昌华](#) [水稻一多拷贝微卫星DNA多态性分析](#) 1998(02)
28. [Kimars M;Ohta T](#) [Mutation and evolution at the molecular lever](#) 1973(zk)

引证文献(6条)

1. [赵卫国, 王灏, 李殿荣, 田建华, 赵亚军, 李保军, 王晓东, 王爱娜](#) [甘蓝型特高含油量油菜种质及其主栽品种的指纹图谱构建](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2011(6)
2. [张恩来, 徐福荣, 汤翠凤, 阿新祥, 杨雅云, 董超, 张斐斐, 徐安虎, 戴陆园](#) [云南当前种植地方稻种SSR遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2011(6)
3. [李丹婷, 夏秀忠, 农保选, 陆岗, 刘开强, 梁耀懋](#) [地中海地区稻种资源的籼粳分类及遗传多样性](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2011(1)
4. [孙健, 王敬国, 刘化龙, 杨亮, 赵雪, 谢冬微, 邹德堂](#) [黑龙江省主栽水稻品种的遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[作物杂志](#) 2011(1)
5. [孙健, 王敬国, 刘化龙, 杨亮, 赵雪, 谢冬微, 邹德堂](#) [黑龙江省主栽水稻品种的遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[作物杂志](#) 2011(1)
6. [李丹婷, 夏秀忠, 农保选, 陆岗, 刘开强, 梁耀懋](#) [地中海地区稻种资源的籼粳分类及遗传多样性](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2011(1)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201002017.aspx