

基于 SSR 标记的谷子遗传多样性研究

朱学海^{1,2}, 张艳红³, 宋燕春¹, 赵治海², 刘志斋¹, 石云素¹, 黎裕¹, 王天宇¹

¹中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; ²张家口市农业科学院, 张家口 075000;

³河北北方学院理学院, 张家口 075000)

摘要:用 21 个分布在谷子 9 条染色体上的 SSR 标记, 对 120 份来自于核心种质的谷子材料进行遗传多样性研究。21 个标记共检查出 305 个等位变异, 各标记检测出的等位变异数在 3~26 个之间, 平均每个位点检测出的等位变异数为 14.5 个; 21 个位点的平均多态信息量 (PIC) 为 0.809。基于 21 个 SSR 标记的分子鉴定, 计算了 120 份材料间的遗传相似系数, 其变化范围为 0.8393~0.9672, 平均值为 0.8906。根据计算的遗传距离, 对 120 份谷子材料进行 UPGMA 聚类, 在遗传相似系数 0.8865 处这些材料被划分为 4 个类群, 分类结果与这些谷子来源地生态类型总体上表现一致, 分别为西北内陆类群、黄土高原内蒙古高原类群、华北平原类群以及华北平原近年育成种类群。

关键词:谷子; SSR; 遗传多样性; 聚类分析

Genetic Diversity Analysis of Foxtail Millet Accessions Revealed by SSR Markers

ZHU Xue-hai^{1,2}, ZHANG Yan-hong³, SONG Yan-chun¹, ZHAO Zhi-hai²,
LIU Zhi-zhai¹, SHI Yun-su¹, LI Yu¹, WANG Tian-yu¹

¹Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081;

²Zhangjiakou Institute of Agricultural Sciences, Zhangjiakou 075000;

³Faculty of Science, Hebei North University, Zhangjiakou 075000)

Abstract: 120 foxtail millet accessions selected from a core collection were genome-wide fingerprinted by 21 SSR molecular markers covered the 9 chromosomes of foxtail millet for the genetic diversity analysis. The results showed that a total of 305 alleles were captured, ranging from 3 to 26, averaged 14.5 alleles per locus, and the average PIC for all 21 SSRs was 0.809. The genetic similarities between accessions ranged from 0.8393 and 0.9672, with an average of 0.8906, based upon the SSR genotyping. Phylogenetic analysis of all the accessions was performed through the UPGMA method based on the genetic similarities. 120 accessions were separated into four clusters with the similarity value of 0.8865. These four clusters based on the SSR genotyping agreed well with the geographical origination of these accessions, which were designated as the names of Northwest Inland Group, Loess Plateau and Inner Mongolia Group, North China Plain Group, and the Synthetic Group of North China Plain.

Key words: Foxtail millet; SSR; Genetic diversity; Clustering analysis

我国是谷子的起源地, 具有类型繁多的谷子种质资源。对这些种质进行遗传多样性评价, 以便更好地发展谷子生产, 是谷子种质资源研究需要解决的问题。谷子遗传多样性研究先后经历了传统的形

态标记的鉴定与分析、细胞学水平上染色体核型和带型分析、同工酶标记以及醇溶蛋白的多态性分析等^[1-3]。尽管形态学标记以及蛋白标记等技术对于了解谷子种质的多样性可以提供有益的参考, 但这

收稿日期: 2010-03-08 修回日期: 2010-07-08

基金项目: 国家自然科学基金 (30571168); “863” 计划现代农业技术领域课题 (2006AA100201); 国家科技支撑计划课题 (2006BAD13B03)

作者简介: 朱学海与张艳红为同等贡献共同第一作者, 研究方向分别为种质资源和应用数学

通讯作者: 黎裕, 王天宇。E-mail: wangtianyu@263.net

些标记位点数相对较少,并且受研究材料生长与发育阶段的影响,因此,不利于系统揭示谷子种质资源在全基因组范围内的多样性水平。植物基因组 DNA 是遗传信息的载体,其序列变化可以直接反映品种间的遗传差异^[3]。近年来,基于 DNA 序列所开发的 RFLP、RAPD、AFLP 和 SSR 等分子标记的发展为在 DNA 水平研究遗传多样性提供了有力工具,被不同的研究者应用于各种作物的遗传多样性评价与类群划分等相关研究^[4-8]。尽管谷子是我国重要的粮食作物之一^[1],但目前该作物基于 DNA 水平上的分子标记的开发却相对较少,应用分子标记(包括 SSR 等)对谷子的遗传多样性评价的报道则更少^[3]。中国农业科学院作物科学研究所玉米资源课题组采用不同的策略,以铁谷 10 与参铁棒等谷子地方品种开发出 223 个有效的 SSR 标记,构建了一张含有 81 个 SSR 标记、20 个 RFLP 标记的遗传连锁图谱^[9-10]。本文从前期所开发的 SSR 中选取 21 个覆盖谷子 9 条染色体的标记,对 120 份来自谷子种

质库中的资源进行遗传多样性评价,并进行了聚类分析,旨在利用这一新技术研究这些资源的遗传多样性水平与类群特性,为其利用提供参考和依据。

1 材料与方法

1.1 材料

经过系统的鉴定与评价,从中国农业科学院国家种质库中保存的 1200 份核心种质材料(陆平先生等构建)与张家口农科院等单位近年育成品种中选取了 100 份较抗旱的种质和 20 份不抗旱的种质用于遗传多样性评价与聚类分析。在这 120 份谷子种质中,有 90 份为地方品种,26 份为品系,另 4 份的资源类型没有明确的记载(表 1)。除了 4 份未知类型的谷子外,另 116 份分布我国 17 个省市,共涉及华北平原、黄土高原、内蒙古高原、西北内陆、东北平原以及南方等 6 个生态区(表 1)。将这些谷子资源播种后,于展叶期剪取相同叶位的叶片,采用 CTAB 法提取各材料的 DNA^[11]。

表 1 供试谷子材料概况

Table 1 Summary information of foxtail millet accessions

生态区 Ecotype	地理来源 Geographical origin	谷子资源统计 Summary information		
		地方品种 Landrace	品系 Variety	份数 Sample size
华北平原	北京,河北南部,河南,山东	31	9	40
黄土高原	山西,陕西,甘肃,河北,宁夏	32	8	40
内蒙古高原	河北北部,内蒙古,山西	14	6	20
西北内陆	青海,西藏,新疆	5	0	5
东北平原	黑龙江,吉林,辽宁	7	2	9
南方	广东,云南	1	1	2
未知	未知	未知	未知	4
合计		90	26	120

1.2 基因型鉴定

本研究所用的 21 对谷子 SSR 标记由中国农业科学院作物科学研究所玉米资源课题组独立开发(表 2)。SSR 引物序列由上海生工北京分公司合成,而扩增所需的各种试剂则购自天根生化有限公司。所有标记的 PCR 扩增以及扩增产物的电泳检测均参考本实验室前期在 SSR 开发上所建立的方法进行^[10]。扩增产物经 6% 的变性 PAGE 胶电泳分离,所需电压为 2000V,功率为 80w。选取在电泳检测中迁移率相同的样本,将其聚在一起重新电泳,以进一步确认其迁移位置。

1.3 遗传多样性分析

在 PAGE 胶中相同迁移位置处,有带记为 1,无带记为 0,缺失记为 999,录入 Excel 表格,以此进行

所有研究材料的遗传多样性分析。按下列公式计算各遗传多样性参数。

(1) 平均等位变异数 (A)

$$A = \frac{\sum_{i=1}^n a_i}{n}, \text{其中 } a_i \text{ 表示第 } i \text{ 个 SSR 所检测到的}$$

等位变异个数。

(2) 多态性信息量 (polymorphism information content, PIC)^[12]

$$PIC_l = 1 - \sum_{u=1}^k P_{lu}^2 - \sum_{u=1}^{k-1} \sum_{v=u+1}^k 2(P_{lu}P_{lv})^2 P_{lv}, \text{其中}$$

PIC_l 表示第 l 个 SSR 位点的多态性信息含量 (PIC), P_{lu} 与 P_{lv} 分别表示第 l 个位点上第 u, v 个等位变异的频率, k 表第 l 个位点上所有等位变异个数。

表 2 谷子 SSR 标记表

Table 2 21 primer pairs used in this study

标记名称 Locus	所在染色体 Chromosome	引物序列 Primer sequence	片段大小(bp) Size	退火温度(℃) Anneal tem.
P16	1	F:TTTCTCCCTCTCTCGATTCC R:AAATTGGCGTGCTAACAACC	213	55
P87	1	F:ACCTTTGACAAAACGAGACACG R:GTTTCGACTTGCATTGACTGG	208	55
P88	1	F:CAAGCCACCCAGTCTAGAGG R:TTCATCAGAACTGCGCAAAC	199	55
P92	1	F:TGGAATTGGAACCCCTTTCC R:GCCATGCAAACACTACCATC	163	55
b115	2	F:GGTAGCGACGGATCTACAGC R:GCTAGCAAATGCTGTTCATGG	191	55
b151	2	F:TCATCTAGGTAGGCACCAAC R:TTGCTTTCTCTGTTATATGCCT	151	55
P61	3	F:CATCCCGCTCATCTGAATC R:ACCTGCTGCTATCCATCACC	200	55
P98	3	F:ATTCATCAGTAGCACAGC R:TGGAACATAAGAACAGGAAAC	155	55
P2	4	F:GCCGAAACCCCTGTCTCTAC R:CGCCACCAGCAACAATATC	183	55
b109	4	F:TGTAGAGTGGCTAGGACCAT R:GTTTCTCCATCATGCCTTCTT	175	55
P75	5	F:ATGCCATGGGAATTTGAACC R:GTTTGATGCAGGACGAGAGG	217	55
b129	5	F:CACACTCTTCTCCCCTTTTCC R:ACGGTAACGGAGGATGGCTA	149	55
P12x	6	F:ACGAGTCACAAATCACAGCAC R:ATGCCTGAGCGGAACGGAA	224	55
b123	7	F:GGTGTCTCTCTGTGTGC R:AGAGTTATTCCAGCATTAGTG	130	55
b202	7	F:AGAGCCCACGTCAAAC R:AACTGGACTAGAAGAAGCATAG	212	55
b185	8	F:GCACGTGTGACTTTCACAT R:GTGAATGGCACACGAAACTG	167	55
b253	8	F:CAAACCTAATATAGAGAGCCCG R:CCACACAAGTTGGCCTCT	194	55
P44	9	F:TTCCCGGAACAGACAAGAAC R:GCGTTGGAAGCCATGGAG	190	55
b166	9	F:CGCCATACTACCCAACAG R:ACCTCACCTTCCACTCCTC	198	55
b171	9	F:CACCACCACCCCTTATAT R:GGAGGAAGTTGGAGGGAAG	221	55
b269	9	F:GTGCGTGCTCCCTTTA R:CCAGATGCTTCCACCGT	189	55

(3) 遗传相似系数 (genetic similarity, GS)^[13]

$GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$, 其中 N_i 表示第 i 个 SSR 所检测到的等位变异, N_j 表示第 j 个 SSR 所检测到的等位变异, N_{ij} 表示 i 与 j 共有的等位变异。

1.4 聚类分析

基于 120 份谷子资源的遗传相似系数, 采用 NTSYSpc Vrsion2. 10y 对这些材料进行 UPGMA 聚类, 以此分析研究材料的类群特性。

2 结果与分析

2.1 遗传多样性

21 个 SSR 标记在 120 份谷子种质中共检测到 305 个等位变异, 不同 SSR 标记所检测到的等位变异数目范围为 3 ~ 26 个, 平均检测效率为 14.5 个/标记(表 3)。在这 21 个 SSR 中, b109 检测到的等位变异数目最多, 达到 26 个(表 1), 标记 p2、b253、b171、b185、p88 检测到的等位变异数目也分别达到 24、22、21、21、20 个, 21 对引物中只有 4 对检测到的等位变异数目小于 10 个(其中 P92 在 120 份谷子资源中仅检测到 3 个等位变异), 占标记总数的 19%,

表明本研究所选取的 21 个 SSR 标记位点在谷子种质中具有较高的多态性。从各 SSR 的 PIC 来看, b171 最高(0.935), b151 则最低(0.536), 21 个 SSR 的平均 PIC 为 0.809(表 3)。

表 3 谷子 SSR 引物扩增的等位变异数目和多态性信息量

Table 3 Polymorphisms detected by 21 SSR primers

标记名称 Locus	等位变异数目 No. of llele	多态性信息量 PIC	标记名称 Locus	等位变异数目 No. of llele	多态性信息量 PIC
P16	10	0.802	b129	16	0.803
P87	10	0.747	P12x	15	0.870
P88	20	0.787	b123	13	0.820
P92	3	0.566	b202	8	0.744
b115	10	0.759	b185	21	0.932
b151	8	0.536	b253	22	0.918
P61	10	0.753	P44	13	0.834
P98	6	0.701	b166	19	0.924
P2	24	0.934	b171	21	0.935
b109	26	0.903	b269	18	0.871
P75	12	0.852	平均	14.5	0.809

2.2 遗传相似系数

根据 21 个 SSR 引物扩增结果,计算 120 份谷子种质间的遗传相似系数,其变化范围为 0.8393 ~ 0.9672,平均值为 0.8906。其中来自山西的 59 号品系 95 汾选 3 与来自河北的 117 号地方品种粮尾粘谷遗传相似系数最低(0.8393);遗传相似系数最高的是来自黄土高原的 8 号地方品种老来变与来自吉林的 89 号地方品种红齐头(0.9672)。

2.3 基于 SSR 标记的 UPGMA 聚类

当遗传相似系数为 0.8865 时,基于 21 个 SSR 标记的基因型鉴定可以将 120 份谷子种质中的 114 份(占总研究材料的 95%)划分成 4 个明确的类群,即 GI、GII、GIII、GIV(图 1)。在这 4 个类群中,GI 所包含的材料数最多,达到 93 份,占 4 个类群总数

的 81.58%,并且这 93 份材料又组成了两个明确的亚群 GIi 与 GIii(图 1)。其中 GIi 所包括的 47 份材料中,有 32 份来自黄土高原生态区,11 份来自内蒙古高原生态区,来自东北平原的有 2 份,1 份来自广东省,1 份没有明确的地理来源。在 GIii 的 46 份材料中,30 份来自华北平原生态区,来自黄土高原与内蒙古高原生态区的各 5 份,3 份来自东北平原生态区,1 份来自云南省,2 份没有明确的地理来源。GII 包括 8 份材料,以来自华北平原生态区为主,包括华北平原育成种谷丰 2、冀谷 14、冀谷 20、豫谷 1 号,内蒙古高原育成种张 8445-721,东北平原育成种铁 9835,说明这些谷子材料具有较为相似的遗传背景。GIII 的 8 份材料中,新疆 1 份,西藏 2 份,宁夏 1 份,青海 1 份,华北平原 2 份,内蒙古高原 1 份,该类

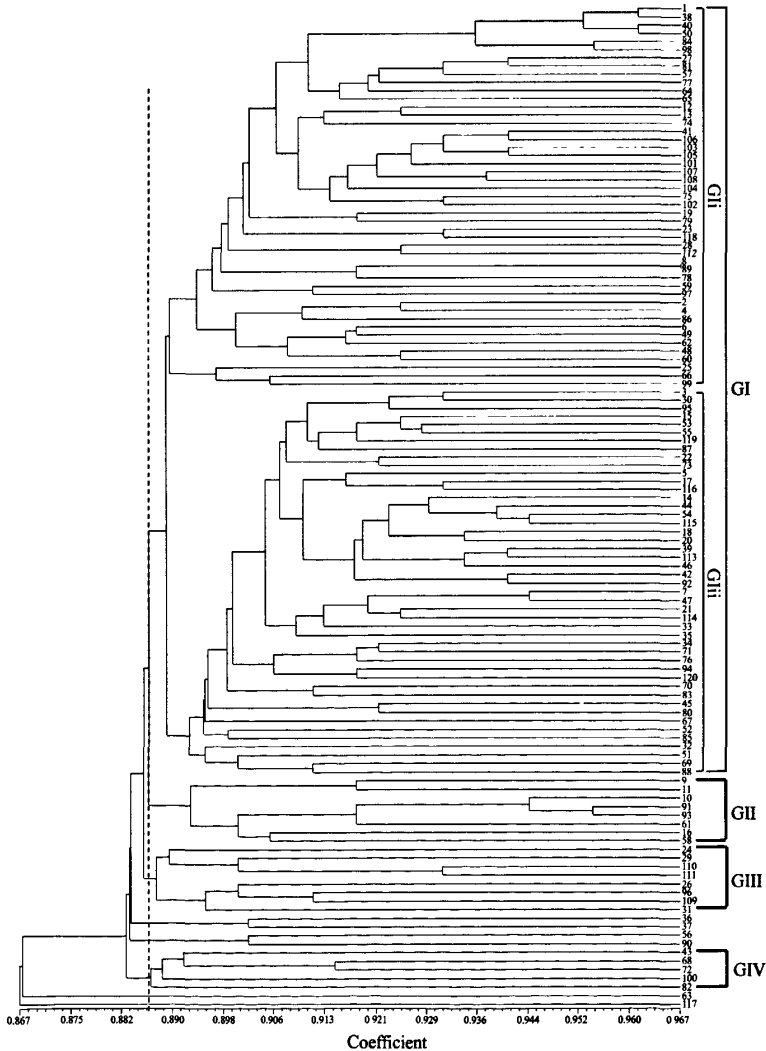


图 1 120 份谷子材料基于遗传相似系数的 UPGMA 聚类图

Fig. 1 Dendrogram of 120 foxtail millet accessions based on the genetic similarity coefficients via UPGMA method

群材料以来自西北内陆生态区为主。GIV组包括5份材料,来源较杂,华北平原3份,黑龙江1份,新疆1份。

聚类分析结果显示,GII亚组包括了91.5%的黄土高原、内蒙古高原材料;GIII亚组包括了65%的华北平原材料;GII组包括了50%的华北平原育成种;GIII组包括了62.5%的西北内陆材料;GIV组有5份材料,来源较杂。聚类结果与种质的地理来源比较结果表明,基于SSR标记的120份谷子种质的类群与其地理来源以及生态类型之间存在明显的一致性。

3 讨论

本研究选用21个在谷子9条染色体上分布较均匀的SSR引物对120份谷子地方品种(系)进行扩增,标记位点等位变异数目在3~26个之间,平均为14.5个。而这21个SSR的平均PIC则为0.809,均高于贾小平等^[3,10]利用37个SSR在40份谷子材料上所检测到的平均等位变异(6.16个/位点)与平均PIC(0.697)以及郝晓芬等^[8]利用5个SSR标记在96份谷子材料上检测到的平均等位变异(6.6个/位点)与平均PIC(0.7324);并且本研究所用SSR标记所揭示的谷子种质的基因组多态性明显高于利用A-PAGE技术所检测的蛋白多态性^[2,14]。造成这种现象的原因,一方面可能是由于两项研究所用的材料差异较大,本研究包括120份谷子种质,而在贾小平等^[15]研究中,则仅有40份谷子材料,而平均等位变异的检测效率又明显受到分析样本的影响;另一方面,则可能是由于本研究所选取的21个SSR标记,本身即具有较高的多态性,因此更能揭示同类材料的遗传变异水平。

基于SSR标记的分子鉴定所计算的遗传相似系数的聚类结果显示,来自相同生态区或省市的种质,更倾向于聚集在相同的类群,其中32份来自黄土高原的谷子种质以及11份来自内蒙古高原生态区的种质构成了一个独立的亚群(GII),来自华北平原生态区的种质则构成了一个独立的亚群(GIII),这一结果与杨天育等^[2]通过醇溶蛋白多态性对71份谷子的聚类结果相似,他们的聚类结果也将来自黄土高原与内蒙古高原生态区的材料聚在了一个类群中,这种聚类特性在贾小平等^[3,10]采用37个SSR标记对40份谷子的聚类结果中也有明确的体现。

造成这种现象的主要原因可能在于相同的生态区长期自然与人为选择所致。正是在这种漫长的人工选择作用下,在同一个生态区/省市,这些被保留的种质资源会保留更多的相似特性,因此无论是基于何种标记,在聚类结果上均可以获得较为明显的一致性。从来自华北平原的地方品种与育成种被划分成不同类群这一点上更能体现出这种特性。

除了被明确划分为4个类群的114份谷子种质外,有6份种质在本研究中没有体现出明确的类群结构,可能是由于这6个材料的遗传基础过于复杂所致,其原因有待于进一步研究。

参考文献

- [1] 黎裕,王雅儒.谷子及其近缘种的蛋白质变异[J].作物品种资源,1998,10(2):10-12
- [2] 杨天育,沈裕璇,黄相国,等.用A-PAGE鉴定谷子遗传多样性[J].作物学报,2005,31(1):131-133
- [3] 杨天育,黄相国,何继红,等.谷子遗传资源多样性研究进展[J].西北农业学报,2003,12(1):43-47
- [4] Li Y, Jia J Z, Wang Y R, et al. Intraspecific and interspecific variation in *Setaria* revealed by RAPD analysis [J]. Genetic Resour Crop Evol, 1998, 45(3): 279-285
- [5] 杨天育, 宴全文, 沈裕璇, 等. 应用 RAPD 标记研究不同生态区谷子品种的遗传差异 [J]. 西北植物学报, 2003, 23(5): 765-770
- [6] 杨延兵, 管延安, 张华文, 等. 谷子品种遗传差异的 RAPD 标记分析 [J]. 华北农业学报, 2007, 22(4): 134-136
- [7] d'Ennequ M L T, Panaud O, Toupance B, et al. Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild relative *S. viridis* using AFL Pmarkers [J]. Theor Appl Genet, 2000, 100(7): 1061-1066
- [8] 郝晓芬, 王根全, 王漪英, 等. SSR 标记分析谷子遗传多样性 [J]. 山西农业科学, 2005, 33(4): 29-31
- [9] Jia X P, Shi Y S, Song Y C et al. Development of EST-SSR in foxtail millet (*Setaria italica*) [J]. Genet Resour Crop Evol, 2007, 54: 233-236
- [10] Jia X P, Zhang Z B, Liu Y H, et al. Development and genetic mapping of SSR markers in foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] [J]. Theor Appl Genet, 2009, 118: 821-829
- [11] Saghai-Marouf M A, Soliman K M, Jorgenson R, et al. Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1984, 81: 8014-8018
- [12] Anderson J A, Churchill G A, Autrique J E. Optimizing parental selection for genetic linkage maps [J]. Genome, 1993, 36: 181-186
- [13] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. Proc Natl Acad Sci, USA, 1979, 76: 5269-5273
- [14] 杨延兵, 张华文, 秦岭, 等. 利用 A-PAGE 研究谷子籽粒蛋白多态性 [J]. 作物学报, 2009, 35(7): 1374-1378
- [15] Kalinowski S T. Counting alleles with rare faction: Private alleles and hierarchical sampling designs [J]. Conser Genet, 2004, 5: 539-543

基于SSR标记的谷子遗传多样性研究

作者: [朱学海](#), [张艳红](#), [宋燕春](#), [赵治海](#), [刘志斋](#), [石云素](#), [黎裕](#), [王天宇](#), [ZHU Xue-hai](#), [ZHANG Yan-hong](#), [SONG Yan-chun](#), [ZHAO Zhi-hai](#), [LIU Zhi-zhai](#), [SHI Yun-su](#), [LI Yu](#), [WANG Tian-yu](#)

作者单位: [朱学海, ZHU Xue-hai \(中国农业科学院作物科学研究所, 北京, 100081; 张家口市农业科学院, 张家口, 075000\)](#), [张艳红, ZHANG Yan-hong \(河北北方学院理学院, 张家口, 075000\)](#), [宋燕春, 刘志斋, 石云素, 黎裕, 王天宇, SONG Yan-chun, LIU Zhi-zhai, SHI Yun-su, LI Yu, WANG Tian-yu \(中国农业科学院作物科学研究所, 北京, 100081\)](#), [赵治海, ZHAO Zhi-hai \(张家口市农业科学院, 张家口, 075000\)](#)

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(6)

参考文献(15条)

1. [Nei M;Li W H Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases](#)[外文期刊] 1979
2. [Anderson J A;Churchill G A;Autrique J E Optimizing parental selection for genetic linkage maps](#) 1993
3. [Saghai-Marooif M A;Soliman K M;Jorgenson R Ribosomal DNA spacer length polymorphisms in barley:Mendelian inheritance, chromosomal location and population dynamics](#)[外文期刊] 1984
4. [Jia X P;Shi Y S;Song Y C Development of EST-SSR in foxtail millet \(*Setaria italica*\)](#) [外文期刊] 2007(2)
5. [郝晓芬;王根全;王潞英 SSR标记分析谷子遗传多样性](#)[期刊论文]-[山西农业科学](#) 2005(04)
6. [d'Ennequ M L T;Panaud O;Toupance B Assesment of genetic relationships between *Setaria italiae* and its wild relative *S. viridis* using AFL Pmarkers](#)[外文期刊] 2000(07)
7. [杨延兵;管延安;张华文 谷子品种遗传差异的RAPD标记分析](#)[期刊论文]-[华北农学报](#) 2007(04)
8. [杨天育;窦全文;沈裕琥 应用RAPD标记研究不同生态区谷子品种的遗传差异](#)[期刊论文]-[西北植物学报](#) 2003(05)
9. [Li Y;Jia J Z;Wang Y R Intraspacific and interspecific variation in *Setaria* revealed by RAPD analysis](#) 1998(03)
10. [杨天育;黄相国;何继红 谷子遗传资源多样性研究进展](#)[期刊论文]-[西北农业学报](#) 2003(01)
11. [杨天育;沈裕琥;黄相国 用A-PAGE鉴定谷子遗传多样性](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2005(01)
12. [Kalinowski S T Counting alleles with rare faction:Private alleles and hierarchical sampling designs](#) 2004
13. [杨延兵;张华文;秦岭 利用A-PAGE研究符子籽粒蛋白质多态性](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2009(07)
14. [Jia X P;Zhang Z B;Liu Y H Development and genetic mapping of SSR markers in foxtail millet \[*Setaria italica* \(L\)P. Beauv.\]](#) [外文期刊] 2009(4)
15. [黎裕;王雅儒 谷子及其近缘种的蛋白质变异](#) 1998(02)

引证文献(2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. [刘化龙, 王敬国, 刘华招, 赵宏伟, 陈温福, 邹德堂, 徐正进 基于SSR标记的寒地水稻品种骨干亲本分析](#)[期刊论文]-

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201006007.aspx