

基于 SSR 标记的寒地水稻品种骨干亲本分析

刘化龙^{1,2}, 王敬国², 刘华招³, 赵宏伟², 陈温福¹, 邹德堂², 徐正进¹

(¹ 沈阳农业大学水稻研究所, 沈阳 110161; ² 东北农业大学水稻所, 哈尔滨 150030; ³ 黑龙江省农垦科学院水稻研究所, 佳木斯 154007)

摘要:富士光、藤系 138、上育 397 和五优稻 1 是 20 世纪 90 年代至今寒地水稻品种选育的骨干亲本。利用 50 对 SSR 引物对上述骨干亲本及其衍生品种进行聚类分析和主坐标分析, 结果表明, 50 对 SSR 引物在 51 份供试材料中共检测到 150 个等位基因, 变化范围为 2~6 个, 平均为 3 个; 引物 PIC 的变化范围为 0.0725~0.6845, 平均 0.3655; 聚类分析将 51 份材料分为 4 类, 4 个骨干亲本分别被聚到 4 类中; PCO 分析显示, 4 个骨干亲本相距较远, 呈独立的分支, 衍生品种围绕着骨干亲本分布; 在检测出的 39 个稀有等位基因中, 仅有 3 个存在骨干亲本中。表明近年寒地水稻品种遗传改良是围绕少数骨干亲本进行的, 骨干亲本将大部分优良基因传递到了衍生品种中, SSR 分析和 PCO 分析与系谱分析得到了一致的结果。

关键词:寒地水稻; 骨干亲本; SSR 标记

Main Parent in Cold Rice by SSR Marker

LIU Hua-long^{1,2}, WANG Jing-guo², LIU Hua-zhao³, ZHAO Hong-wei²,
CHEN Wen-fu¹, ZOU De-tang², XU Zheng-jin¹

(¹ Rice Research Institute, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161;

² Rice institute, Northeast Agricultural University, Harbin 150030;

³ Rice Research Institute, Heilongjiang Academy of Land Reclamation Sciences, Jiamusi 154007)

Abstract: Fushiguang, Tengxi138, Shangyu397 and Wuyoudao1 are the founder parents of rice breeding at cold region from the 1990s. 50 SSR markers were used to cluster and PCO analyze the founder parents and their derivatives. The results showed that 150 alleles were detected and allelic variation of single SSR loci ranged from 2 to 6, mean allelic variation was 3. PIC ranged from 0.0725 to 0.6845, mean was 0.3655. 51 experiment varieties were separated into four classes and four founder parents were in four classes separately. four founder parents were far from each other and their derivatives distributed around them through PCO analysis. Only 3 in 39 rare alleles detected existed in founder parents. This showed that genetic improvement of cold rice has progressed to surround a few founder parents in recent years. Founder parents has transmitted their most fine genes to derivatives and pedigree analysis has the same result with SSR and PCO analysis.

Key words: Cold rice; Founder parents; SSR marker

在农作物的品种选育过程中, 有一些材料表现出很好的丰产性、抗病性和广泛的适应性, 并能衍生出很多品种, 称为骨干亲本。追溯不同作物的系谱, 可以发现存在骨干亲本现象。詹克慧等^[1]对河南省 1990 年后审定的 122 个小麦品种进行骨干亲本

分析, 发现豫麦 2 号是利用率最高的骨干亲本; 我国南方稻区主要籼稻矮秆良种亲缘可追溯到矮子占、低脚乌尖、矮秆水田谷、南特号、胜利籼、竹粘及中山 1 号等几个原始亲本; 绝大多数以 IR 命名的育成品种, 以及南亚和东南亚地区国家培育的矮秆品种具

收稿日期: 2011-04-14 修回日期: 2011-05-13

基金项目: 国家科技支撑计划项目 (2007BAD65B01); 辽宁省科技攻关计划重大项目 (GA09B102-1); 东北农业大学创新团队项目 (CXT001-2-1)

作者简介: 刘化龙, 助理研究员, 博士研究生, 主要从事水稻育种工作。E-mail: liuhualongneau@163.com

通讯作者: 徐正进, 教授, 博士生导师, 主要从事水稻栽培与育种研究工作。E-mail: xuzhengjin@126.com

邹德堂, 教授, 博士生导师, 主要从事水稻遗传育种研究工作。E-mail: zoudt@163.com

有的矮秆基因,都来自中国的矮源品种低脚乌尖及其衍生品种 TN1^[2];分析辽宁省 1973-1998 年育成的 65 个品种的血缘关系发现,6 个品种的遗传贡献率最大^[3];追溯黑龙江省 1949-1991 年育成的 106 个水稻品种的亲本,发现石狩白毛、虾夷、富国 3 个品种的成份占 48%^[4]。水稻的发展离不开骨干亲本的应用,分析某阶段育成品种的骨干亲本及其在衍生品种中的遗传贡献,对亲本的选配具有重要的参考价值。

随着分子生物学的高速发展,SSR 标记技术被广泛地应用于作物骨干亲本评价研究^[5-9]。张军等^[10]利用 85 对 SSR 引物对黄淮和南方 190 份大豆育成品种的农艺性状进行关联分析,结果表明,其中 163 份品种按系谱祖先归为 5 个原始家族;邱福林等^[11]利用 15 对 SSR 引物对北方杂交粳稻 29 份骨干亲本进行鉴定,结果分成 5 组,每组间遗传差异相对较大;陈新民等^[12]利用 59 对 SSR 引物研究了 48 份优质小麦品种的遗传多样性,认为品种间的遗传差异与系谱结果相吻合;束爱萍等^[13]利用 34 对 SSR 引物对 12 个省 139 份粳稻选育品种进行遗传相似性分析,粳稻选育品种的遗传相似性与其亲本的遗传基础有着密切相关。这些研究使得研究者对

育成品种的来源有了理论性认识。

富士光、藤系 138 和上育 397 均是来源于日本的著名水稻品种,自引入以来,在黑龙江省水稻品种的选育中起到了巨大的作用。分析 20 世纪 90 年代至今育成品种的血缘,大都可以追溯到藤系 138、上育 397 和富士光^[14]。五优稻 1 是黑龙江省农业科学院五常水稻研究所选育的品质优良的水稻品种,是近几年利用率较高的骨干亲本。

本研究利用富士光、藤系 138、上育 397 和五优稻 1 及其衍生的部分品种为研究对象,选用均匀分布于水稻 12 条染色体上的 50 个微卫星标记对供试材料进行全基因组的分子标记分析,并结合系谱分析,旨在研究骨干亲本在水稻育种中的重要性,为水稻种质资源的遗传基础拓宽、有利基因的发掘、水稻生产及新品种的选育提供基础资料 and 理论参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

富士光、藤系 138、上育 397、五优稻 1 及其衍生品种共计 51 份(表 1),由东北农业大学水稻研究所提供。

表 1 供试材料

Table 1 Tested materials

编码 Code	品种名称 Variety	编码 Code	品种名称 Variety	编码 Code	品种名称 Variety	编码 Code	品种名称 Variety	编码 Code	品种名称 Variety
1	龙稻 2	12	垦稻 7	23	龙粳 27	34	绥粳 11	45	垦鉴稻 6
2	龙稻 3	13	垦稻 8	24	五优稻 1	35	绥粳 12	46	系选 1
3	龙稻 4	14	垦稻 10	25	五优稻 3	36	绥粳 13	47	龙盾 101
4	龙稻 6	15	垦稻 12	26	五优稻 4	37	松粳 9	48	龙盾 106
5	龙稻 7	16	垦稻 13	27	五工稻 1	38	牡丹江 25	49	藤系 138
6	东农 425	17	垦稻 14	28	绥粳 3	39	牡丹江 28	50	上育 397
7	东农 426	18	龙粳 7	29	绥粳 5	40	牡丹江 30	51	富士光
8	东农 427	19	龙粳 10	30	绥粳 6	41	北稻 1		
9	东农 428	20	龙粳 12	31	绥粳 8	42	北稻 2		
10	东农 429	21	龙粳 19	32	绥粳 9	43	北稻 3		
11	东农 430	22	龙粳 26	33	绥粳 10	44	北稻 4		

1.2 基因组 DNA 提取及 SSR 分析

取苗期水稻叶片,按 Zheng 等^[15]的方法提取水稻基因组 DNA。

选用 400 对均匀分布于水稻 12 条染色体上的 SSR 引物进行引物的多态性的分析,从网站(www.gramene.org)获取引物的序列信息,引物由上海生工合成。10 μ l PCR 反应体系包括:1.0 mmol/L MgCl₂ 0.75 μ l, 10 \times PCR Buffer 1 μ l, 0.2 mmol/L

dNTP 0.15 μ l, 0.75U Taq 酶 0.1 μ l, 0.4 μ mol/L 正反向引物各 1.5 μ l, 50 ng/ μ l 模板 DNA 1.5 μ l, ddH₂O 5 μ l。PCR 反应在 eppendorf 5333 型 PCR 仪中进行,程序为:94 $^{\circ}$ C 预变性 5min;94 $^{\circ}$ C 变性 30s, 55 $^{\circ}$ C 退火 30s(具体温度由梯度 PCR 决定), 72 $^{\circ}$ C 延伸 30s, 35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 6min, 4 $^{\circ}$ C 保存。扩增产物在 6% 的变性聚丙烯酰胺凝胶上恒压电泳,经银染检测后记录带型。

1.3 数据分析

每对 SSR 引物检测到 1 个位点,视每条多态性带为 1 个等位基因,将观测到的每条带视为一个性状,有带时赋值为 1,无带时赋值为 0,缺失时赋值为 2。应用 POPGENE1.31 统计软件^[16]计算等位基因数(Na);根据 Bostein 等^[17]描述的多态性信息含量(polymorphism information content, PIC)计算引物的多态性, $PIC = 1 - \sum P_{ij}^2$, P_{ij} 是第 i 个位点上第 j 个等位片段的频度。

应用 NTSYS - PC2.10 统计分析软件进行主坐标分析(principal coordinate analysis, PCO),并计算品种间遗传相似系数(genetic similarity, GS),根据相似系数的数据集,采用非加权配对算术平均法(unweighted pair group method with arithmetic average, UPGMA)构建遗传关系树状图。

2 结果与分析

2.1 SSR 的多态性分析

400 对 SSR 引物中表现出多态性的共计 50 对,占引物总数的 8.3%。50 对 SSR 引物在 51 份供试材料中共检测到 150 个等位基因,变化范围为 2~6 个,平均为 3 个,仅有 3 对引物(RM246、RM249、RM336)的等位基因数多于 4 个。引物 PIC 的变化范围为 0.0725~0.6845,平均 0.3655,仅有 9 对 SSR 引物的 PIC 大于 0.5,在等位基因数多于 4 个的引物中,仅有 RM336 的 PIC 大于 0.5(表 2)。说明大部分引物在某一等位基因上过于集中,在供试材料中没有良好的多态性。以上分析结果也表明富士光、藤系 137、上育 397、五优稻 1 衍生后代的亲缘关系较近,遗传基础狭窄。

表 2 SSR 引物在 51 份供试品种中的遗传多样性信息

Table 2 Genetic diversity information of SSR primer at experiment varieties

标记 Marker	染色体 Chromosome	等位基因数 Na	多态性信息含量 PIC	标记 Marker	染色体 Chromosome	等位基因数 Na	多态性信息含量 PIC
RM246	1	5	0.4674	RM528	6	3	0.4636
RM297	1	3	0.5381	RM336	7	6	0.6641
RM265	1	4	0.3645	RM214	7	2	0.4264
RM23	1	2	0.1589	RM182	7	2	0.3524
RM341	2	3	0.5217	RM346	7	2	0.2295
RM154	2	3	0.4204	RM1702	8	2	0.1228
RM208	2	3	0.4176	RM264	8	2	0.0747
RM482	2	3	0.2809	RM210	8	3	0.4264
RM227	3	2	0.0725	RM25	8	2	0.3749
RM232	3	2	0.3749	RM223	8	2	0.2055
RM156	3	4	0.4772	RM201	9	3	0.2478
RM7	3	3	0.5397	RM242	9	2	0.0725
RM335	4	3	0.5770	RM215	9	3	0.4999
RM241	4	4	0.4710	RM160	9	4	0.6845
RM349	4	3	0.5694	RM239	10	2	0.3134
RM317	4	3	0.3249	RM3451	10	3	0.2649
RM163	5	4	0.5841	RM467	10	2	0.1089
RM249	5	6	0.4276	RM332	11	2	0.3290
RM122	5	2	0.1861	RM224	11	4	0.3817
RM159	5	3	0.4554	RM229	11	4	0.4062
RM169	5	4	0.3225	RM21	11	4	0.4441
RM587	6	2	0.0725	RM235	12	2	0.3395
RM217	6	3	0.3602	RM247	12	3	0.2756
RM225	6	4	0.4301	RM20	12	2	0.3524
RM276	6	3	0.5639	RM260	12	3	0.2365

2.2 聚类分析

为探讨骨干亲本与其衍生品种的亲缘关系,用基于 SSR 标记计算的遗传相似系数对 51 份材料进行了 UPGMA 聚类分析(图 1)。结果显示,51 份材料在遗传相似系数 0.60 处被分为 4 类,每一类中均

有 1 个骨干亲本。第 I 类由五优稻 1 及其衍生品种组成,第 II 类由富士光及其衍生品种组成,第 III 类由藤系 138 及其衍生品种组成,第 IV 类由上育 397 及其衍生品种组成。

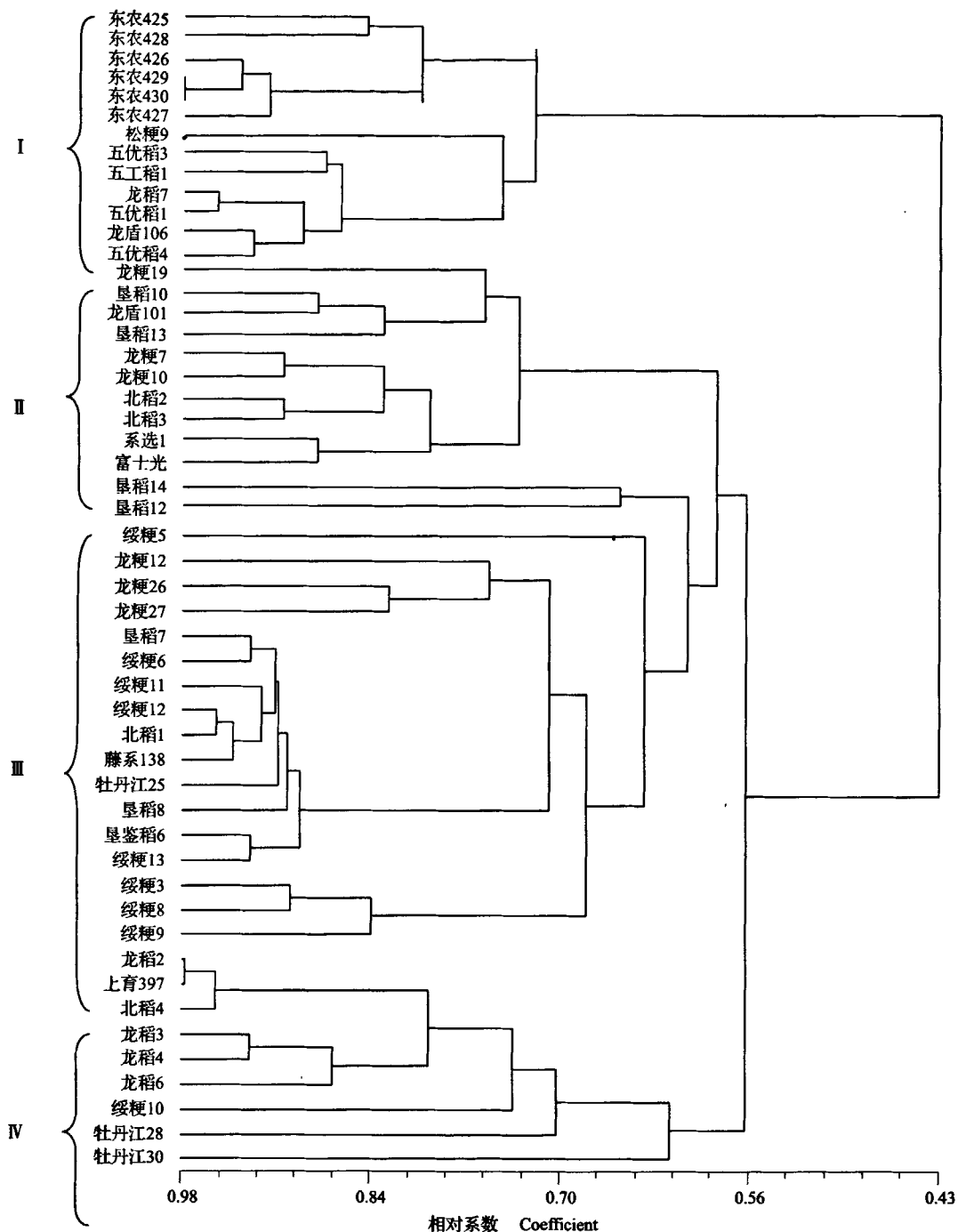


图1 骨干亲本及其衍生品种的SSR聚类图

Fig. 1 The dendrogram for founder parents and their derivatives based on SSR marker

从选育单位来看,由同一单位选育的品种大多数都被聚为一类。第I类主要由黑龙江省农业科学院五常水稻研究所和东北农业大学等南部地区的单位选育的品种组成,说明由五优稻1衍生而来的品种都适合于在温度相对较高的南部地区种植。黑龙江省农业科学院水稻研究所、黑龙江省农垦科学院水稻研究所、黑龙江省农业科学院绥化分院等中北部地区单位选育的品种主要集中在第II、III类,说明由富士光和藤系138衍生而来的品种大都能适应黑

龙江省中北部气候更加寒冷的环境条件。第IV类主要由黑龙江省农业科学院耕作栽培研究所和牡丹江分院选育的品种组成,大都适于在南部地区种植。

PCO分析(图2)可以从三维的角度直观地分析4个类群的分布情况。首先,4个骨干亲本相距较远,呈独立的分支,衍生品种围绕着骨干亲本分布;其次,第I类与其他3类区别明显,第II类与第III类距离较近,部分材料交错分布,且第III类各材料之间相距紧凑,遗传基础较为狭窄。

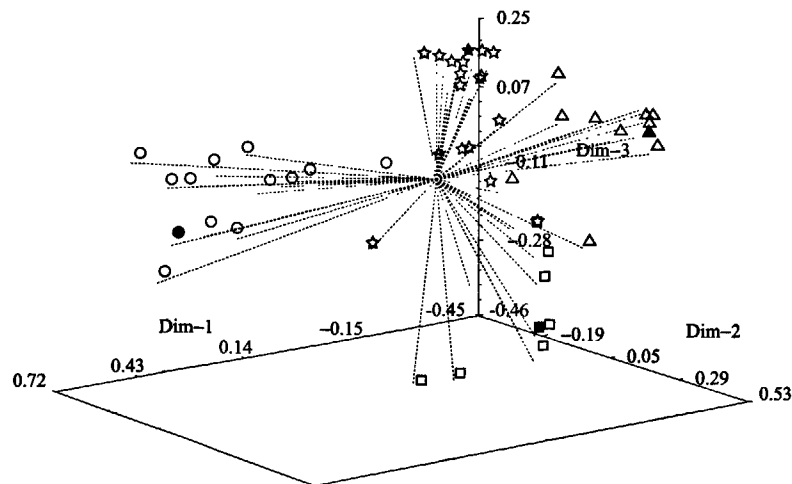


图 2 基于 SSR 标记的供试材料 PCO 分析图

Fig.2 The PCO analysis of experiment varieties based on SSR marker

- : 第 I 类,五优稻 1 的衍生品种; △: 第 II 类,富士光的衍生品种; ☆: 第 III 类,藤系 138 的衍生品种;
 □: 第 IV 类,上育 397 的衍生品种; ●: 五优稻 1; ▲: 富士光; ★: 藤系 138; ■: 上育 397
 ○: Group I, Derivatives of Wuyoudaol; △: Group II, Derivatives of Fushiguang;
 ☆: Group III, Derivatives of Tengxil38; □: Group IV, Derivatives of Shangyu397;
 ●: Wuyoudaol; ▲: Fushiguang; ★: Tengxil38; ■: Shangyu397

2.3 SSR 标记结果与供试材料系谱的比较分析

从骨干亲本的系谱图(图 3)可以看出,富士光、藤系 138、上育 397 和五优稻 1 作为骨干亲本,直接或间接衍生了大量水稻品种。例如,利用上育 397 直接系选育成了 1 个品种,而与其他品种杂交则选育出了 10 个品种。五优稻 1 和富士光也通过系选和杂交的方式选育出大量品种,而藤系 138 则与富士光通过单交、复交、三交等多种杂交方式选育出一大批垦稻系列品种。充分说明了 4 个骨干亲本不但自身性状优良,而且具有较高的配合力,能把优良的基因有效地传递到后代中。

通过系谱图还可以看出,聚类分析中各类别的所有品种与系谱完全吻合。五优稻 1 及其衍生品种组成了独立的分支,追溯其祖先亲本,也与其他 3 个骨干亲本相差较远。而藤系 138 和富士光的衍生品种间则互相交织,亲缘关系较近。SSR 聚类分析和 PCO 分析结果也与这一点相吻合。

基于 SSR 标记的遗传相似系数(GS)结果显示,垦稻 12 与富士光和藤系 138 的 GS 分别为 0.7134 和 0.6920,垦稻 14 与富士光和藤系 138 的 GS 分别为 0.7105 和 0.7036,说明垦稻 12 和垦稻 14 与两亲本的亲缘关系均较近,平均分配着两个亲本传递的等位基因;而垦稻 13 与富士光和藤系 138 的 GS 分别为 0.8762 和 0.5998,可能是因为垦稻 13 更多接受的是来自富士光的遗传物质。这也与垦稻 12、垦稻 13 和垦稻 14 同时具有藤系 138 和富士光的血缘

的事实相吻合。

2.4 稀有等位基因在骨干亲本中的分布

在扩增出的 150 个等位基因中,有 39 个稀有等位基因,引物 RM246 和 RM336 分别检测出 3 个稀有等位基因, RM249 和 RM224 分别检测出 4 个稀有等位基因。这些稀有的等位基因无论在种质资源保护还是在有利基因挖掘中都应当得到足够的重视。在这 39 个稀有等位基因中,仅有 2 个存在于五优稻 1 中,而仅有 1 个可以从富士光和藤系 138 中扩增出,说明在利用上述骨干亲本进行品种选育的过程中,很多优良基因已经被充分利用,后代与骨干亲本具有相近的遗传组成,遗传同源性较高,差异较小,使后代群体具有较近的亲缘关系,也反应出骨干亲本在品种选育过程中的重要作用。

3 讨论

3.1 骨干亲本及其衍生品种的遗传基础

寒地稻区是指 43°N 以北的黑龙江省稻作区,年平均气温为 -5℃ ~ 4℃,是全国气温最低、无霜期最短的稻区,昼夜温差大,日照时间长^[4],特殊的生态条件为寒地水稻品种选育提出了特殊的要求。富士光、藤系 138 和上育 397 都来源于日本中北部地区,生态条件与黑龙江相近,加之综合性状优良,配合力高,不断被用作杂交亲本,衍生出一大批优良品种。五优稻 1 也以其优良的米质、较高的配合力成为利用率较高的骨干亲本之一。

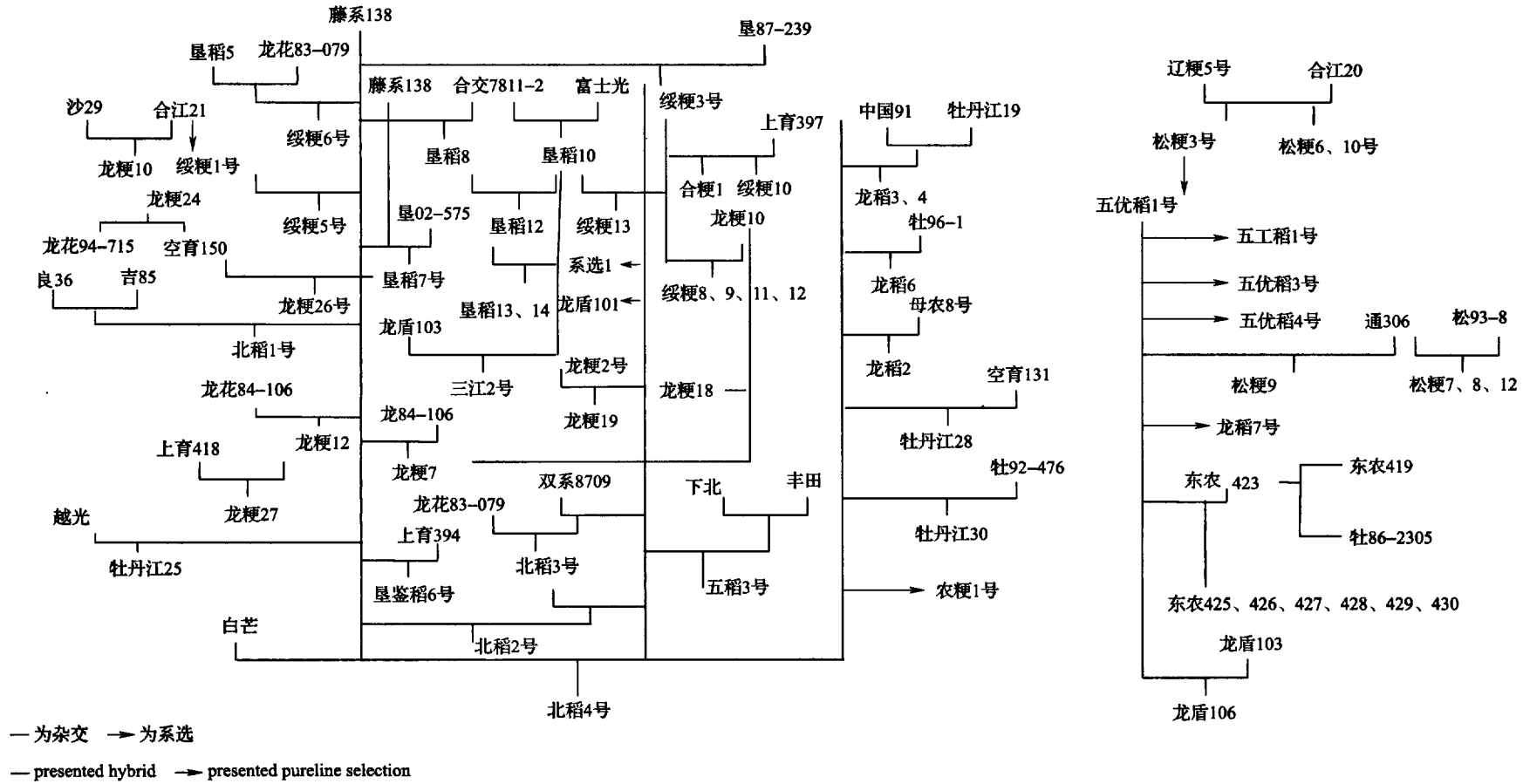


图3 20世纪90年代后推广的寒地水稻品种及育种骨干亲本的系谱图
 Fig.3 The genealogical tree of commercial rice varieties and their founder parents since the 1990s

本研究利用 50 对 SSR 引物对骨干亲本及其衍生品种进行聚类分析,可以将所有品种完全区分开,说明 SSR 标记在品种遗传关系分析中是非常有效的。在供试的 51 份材料中共检测到 150 个等位基因,平均为 3 个,引物 PIC 的变化范围为 0.0725 ~ 0.6845,平均仅为 0.3655,反应出所选 SSR 引物在骨干亲本及其衍生品种中具有较低的多态性,各骨干亲本与其衍生品种大都具有相同的等位基因,虽然 PCO 分析表明 4 个骨干亲本向不同方向的发散性较好,呈现独立的分支,但已有类群间出现了部分品种的交叉分布,随着相互引种的加剧,4 个类群的遗传背景会越来越狭窄。

种质资源是作物品种选育的基础,由于长期的人工驯化和育种选择,导致作物的遗传背景日趋狭窄,因此,拓宽遗传基础是十分必要和迫切的。1933 年丁颖院士利用野生稻选育出的中山 1 号共衍生了 8 代 95 个品种,累计推广面积达 824.6 万 hm^2 以上,说明普通野生稻是拓宽水稻遗传基础的重要材料^[18]。石狩白毛是 1935 年在日本北海道育成,20 世纪 40 年代初引入黑龙江省被直接或间接利用长达 35 年之久,共衍生了 6 代 115 个品种,统计累计推广 583.4 万 hm^2 ,说明引进的外来种质资源是拓宽当地水稻遗传基础的重要材料^[19]。本研究中的藤系 138 是 20 世纪 90 年代后育种的骨干亲本,共衍生出 35 个品种,其中衍生的垦鉴稻 6 号、绥粳 3 号、龙粳 26 号年种植面积超过 20 万 hm^2 ,也证实了外引种质资源能有效地拓宽当地种质资源的遗传基础。以上育种实践证明,引进外来种质拓宽品种遗传基础有利于提高育成品种的生态适应性。

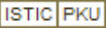
3.2 骨干亲本与水稻育种

水稻育种是个连续的过程,是不断引进新种质对新育成品种或品系加以改良的结果,是骨干亲本优良基因转入核心基因库的结果。20 世纪 50 - 60 年代利用率较高的石狩白毛被称为原始核心基因库,以此为基础与当地的优良或外引基因相互配组。20 世纪 70 - 80 年代骨干亲本农林 11 号和虾夷进入核心基因库,与当地和外引的优良种质资源经多轮的杂交后,优良的基因已得到很好的重组,成功地选育出了合江 19、牡丹江 19、东农 415 等一批在寒地稻区大面积推广的优良品种,并长期占据主导地位,一改石狩白毛直接或间接应用 35 年之久的局面。20 世纪 90 年代以后逐渐将骨干亲本藤系 138、上育 397 和富士光的优良基因引入核心基因库,育种方法上不再局限于材料间杂交和系统选育,而是

广泛采用花培育种、辐射诱变育种和整体 DNA 导入等育种手段,创造出大量广亲和、遗传基础较宽、性状优良的中间材料和新品种。以这些材料为基础,进行品种(系)杂交或地理远缘杂交,育成推广面积较大,使用年限较长的品种东农 416、龙粳 8 号、黑粳 7 号、垦稻 8、绥粳 3 号、垦稻 12、垦鉴稻 6 号^[20]。这一时期育成的品种较 20 世纪 90 年代前明显增多,但平均使用年限仅为 2.4 年,所以充分发挥我国种质资源丰富的特点,不断引进新种质,扩大现有品种的遗传基础,同时筛选评价新的骨干亲本,是选育具有突破性品种的重要途径。

参考文献

- [1] 詹克慧,高翔,范平,等. 河南审定小麦品种的骨干亲本分析[J]. 河南农业大学学报,2006,40(1): 11-14
- [2] 赵一洲,王绍林,张战. 水稻骨干亲本育种价值分析[J]. 垦殖与稻作,2006(4): 6-9
- [3] 张秀茹,李德华,韩勇,等. 水稻骨干亲本在育种中的作用[J]. 水稻育种,1998(3): 6-7
- [4] 孙岩松. 从寒地水稻育种实践看骨干亲本的作用[J]. 作物品种资源,1993(1): 8-9
- [5] 杨文鹏,关琦,杨留启. 贵州 70 份玉米自交系的 SSR 标记遗传多样性及其杂种优势群分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(2): 241-248
- [6] 朱学海,张艳红,宋燕春,等. 基于 SSR 标记的谷子遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(6): 698-702
- [7] 马延飞,卢新雄,陈晓玲,等. 基于 SSR 标记的 30 份玉米种质遗传完整性分析[J]. 植物遗传资源学报,2007,8(4): 387-391
- [8] 张逸鸣,李英慧,郑桂萍,等. 吉林省大豆育成品种的遗传多样性特点分析[J]. 植物遗传资源学报,2007,8(4): 456-463
- [9] 杨华,刘灶长,陈海荣,等. 上海地区芸蓼属蔬菜遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报,2006,7(3): 264-269
- [10] 张军,赵团结,盖钧镒. 我国黄淮和南方主要大豆育成品种家族产量和品质优异等位变异在系谱中遗传的研究[J]. 作物学报,2009,35(2): 191-202
- [11] 邱福林,庄杰云,华泽田,等. 北方杂交粳稻骨干亲本遗传差异的 SSR 标记检测[J]. 中国水稻科学,2005,19(2): 101-104
- [12] 陈新民,何中虎,史建荣,等. 利用 SSR 标记进行优质冬小麦品种(系)的遗传多样性研究[J]. 作物学报,2003,29(1): 13-19
- [13] 束爱萍,张媛媛,曹桂兰,等. 中国不同省份稻穗选育品种的遗传相似性[J]. 中国农业科学,2009,42(10): 3381-3387
- [14] 刘华招,杜欣谊,吴洪然,等. 黑龙江省早熟粳稻育成品种亲本选配研究[J]. 北方水稻,2009,39(3): 4-6
- [15] Zheng K L, Subudi P K, Domingo J, et al. Rapid DNA isolation for marker-assisted selection in rice breeding[J]. Rice Genet Newsl, 1995, 12: 255-258
- [16] Yeh F C, Yang R C, Boyle T. POPGENE Version 1.31, microsoft window-based freeware for population genetic analysis. Quick User Guide [EB/OL]. [2011-05-01]. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/popgene.pdf>, 1999
- [17] Bostein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism[J]. Amer Hum Genet, 1980, 32: 314-331
- [18] 李金泉,杨秀青,卢永根. 水稻中山 1 号及其衍生品种选育和推广的回顾与启示[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(2): 317-323
- [19] 张矢. 黑龙江水稻[M]. 哈尔滨: 黑龙江科学技术出版社, 1998: 7
- [20] 刘华招. 黑龙江垦区 1995 - 2004 年水稻品种种植演变情况[J]. 现代化农业, 2006(12): 8-9

作者: 刘化龙, 王敬国, 刘华招, 赵宏伟, 陈温福, 邹德堂, 徐正进, LIU Hua-long, WANG Jing-guo, LIU Hua-zhao, ZHAO Hong-wei, CHEN Wen-fu, ZOU De-tang, XU Zheng-jin
作者单位: 刘化龙, LIU Hua-long (沈阳农业大学水稻研究所, 沈阳110161; 东北农业大学水稻所, 哈尔滨150030), 王敬国, 赵宏伟, 邹德堂, WANG Jing-guo, ZHAO Hong-wei, ZOU De-tang (东北农业大学水稻所, 哈尔滨, 150030), 刘华招, LIU Hua-zhao (黑龙江省农垦科学院水稻研究所, 佳木斯, 154007), 陈温福, 徐正进, CHEN Wen-fu, XU Zheng-jin (沈阳农业大学水稻研究所, 沈阳, 110161)
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: Journal of Plant Genetic Resources
年, 卷(期): 2011, 12(6)

参考文献(20条)

1. 刘华招 黑龙江垦区1995-2004年水稻品种种植演变情况 2006(12)
2. 张矢 黑龙江水稻 1998
3. 李金泉;杨秀青;卢永根 水稻中山1号及其衍生品种选育和推广的回顾与启示[期刊论文]-植物遗传资源学报 2009(02)
4. Bostein D;White R L;Skolnick M Construction of genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism 1980
5. Yeh F C;Yang R C;Boyle T POPGENE Version 1.31,microsoft window-based freeware for population genetic analysis.Quick User Guide 2011
6. Zheng K L;Subudi P K;Domingo J Rapid DNA isolation for marker-assisted selection in rice breeding 1995
7. 刘华招;杜欣宜;吴洪然 黑龙江省早熟粳稻育成品种亲本选配研究[期刊论文]-北方水稻 2009(03)
8. 束爱萍;张媛媛;曹桂兰 中国不同省份粳稻选育品种的遗传相似性[期刊论文]-中国农业科学 2009(10)
9. 张军;赵团结;盖钧镒 我国黄淮和南方主要大豆育成品种家族产量和品质优异等位变异在系谱中遗传的研究[期刊论文]-作物学报 2009(02)
10. 杨华;刘灶长;陈海荣 上海地区芸薹属蔬菜遗传多样性研究[期刊论文]-植物遗传资源学报 2006(03)
11. 张逸鸣;李英慧;郑桂萍 吉林省大豆育成品种的遗传多样性特点分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2007(04)
12. 马延飞;卢新雄;陈晓玲 基于SSR标记的30份玉米种质遗传完整性分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2007(04)
13. 朱学海;张艳红;宋燕春 基于SSR标记的谷子遗传多样性研究[期刊论文]-植物遗传资源学报 2010(06)
14. 杨文鹏;关琦;杨留启 贵州70份玉米自交系的SSR标记遗传多样性及其杂种优势群分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2011(02)
15. 孙岩松 从寒地水稻育种实践看骨干亲本的作用 1993(01)
16. 张秀茹;李德华;韩勇 水稻骨干亲本在育种中的作用 1998(03)
17. 赵一洲;王绍林;张战 水稻骨干亲本育种价值分析[期刊论文]-垦殖与稻作 2006(04)
18. 詹克慧;高翔;范平 河南审定小麦品种的骨干亲本分析[期刊论文]-河南农业大学学报 2006(01)
19. 陈新民;何中虎;史建荣 利用SSR标记进行优质冬小麦品种(系)的遗传多样性研究[期刊论文]-作物学报 2003(01)
20. 邱福林;庄杰云;华泽田 北方杂交粳稻骨干亲本遗传差异的SSR标记检测[期刊论文]-中国水稻科学 2005(02)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201106006.aspx