

作物种质资源研究态势分析

张爱民¹, 阳文龙¹, 方红曼¹, 吕慧颖¹, 邓向东¹, 葛毅强², 魏 珣², 杨维才¹

(¹中国科学院遗传与发育生物学研究所/种子创新研究院, 北京 100101; ²中国农村技术开发中心, 北京 100045)

摘要: 农作物种质资源是作物品种遗传改良的重要物质基础, 一个国家种质资源研究水平是其育种核心竞争力的体现。本文首先分析了 SCIE 数据库种质资源鉴定与利用领域主要发文国家和研究机构, 结果表明中国是发文数量最多的国家之一。进一步对种质资源研究发展态势进行了分析, 认为种质资源的遗传多样性研究仍是主流, 但研究的性状向多方面扩展, 研究的方法上向应用 SNP 等新一代分子标记和多种分子标记综合应用发展, 作物野生资源的研究受到广泛重视。本文对我国种质资源研究发展趋势进行了综述, 介绍了我国种质资源研究的重要进展, 提出了要注重对种质资源进行精准表型鉴定的建议。

关键词: 作物; 种质资源; 遗传多样性; 精准表型鉴定

Current Status of Research on Crop Genetic Germplasms

ZHANG Ai-min¹, YANG Wen-long¹, FANG Hong-man¹, LV Hui-ying¹,
DENG Xiang-dong¹, GE Yi-qiang², WEI Xun², YANG Wei-cai¹

(¹Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences/Innovative Academy of Seed Design, Beijing 100101; ²China Rural Technology Development Center, Beijing 100045)

Abstract: Crop genetic germplasm is the most important basis for crop genetic improvement. The levels of research on crop germplasm indicated the core competing ability of crop breeding. In this paper, we searched the SCIE data base and analyzed the publications in field of crop germplasms identification and utilization, the results show that China ranks in number one in all the countries in number of publications and genetic diversity is still the main objective but the characteristics and methods used extended to new generation of molecular markers such as SNP. The Wild crop germplasms were much more concerned than before. The current status of study on crop genetic germplasm in China was reviewed and precision phenotyping of crop germplasm was suggested.

Key words: crop; germplasm; genetic diversity; precision phenotyping

1 种质资源鉴定与利用领域论文分析

作物种质资源研究是世界各国都极为重视的研究领域。一个国家或研究机构在种质资源研究领域发表论文数量的多少在某种程度上反映了其研究水平和重视程度。以种质资源鉴定和利用等为关键词检索了 SCIE 数据库, 在 SCIE 数据库共获得 438 篇种质资源鉴定与利用相关的研究论文。其中, 中国发文数量最多, 为 90 篇, 位居首位; 美国发文量为

73 篇, 排名第 2; 印度发文量为 37 篇, 排名第 3; 澳大利亚、日本、韩国、巴西、意大利、伊朗和墨西哥紧随其后(表 1)。

发文数量在 5 篇及以上的机构共 10 个, 其中印度农业研究委员会发文数量最多, 为 16 篇; 美国农业部农业研究局发文 9 篇, 排名第 2; 中国农业科学院发文 8 篇, 排名第 3; 四川农业大学和西北农林科技大学发文 7 篇, 排名第 4。排名前 10 位的机构中有 4 个机构来自我国(图 1)。

收稿日期: 2018-03-06 修回日期: 2018-04-09 网络出版日期: 2018-04-17

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20180417.0932.002.html>

基金项目: 中国农村技术开发中心“农作物育种行业动态专题研究”项目
第一作者主要从事小麦遗传育种研究。E-mail: amzhang@genetics.ac.cn

表 1 种质资源鉴定与利用领域主要发文国家

Table 1 Publications in field of crop germplasm identification and utilization

排序 Rank	国家 Country	发文数量 Number of publications
1	中国 China	90
2	美国 USA	73
3	印度 India	37
4	澳大利亚 Australia	15
5	日本 Japan	15
6	韩国 South Korea	15
7	巴西 Brazil	12
8	意大利 Italy	12
9	伊朗 Iran	11
10	墨西哥 Mexico	10

2 种质资源研究态势分析

农作物种质资源是作物品种遗传改良的重要物质基础,开展品种资源的研究是保障作物新品种不断育成和农业生产可持续发展的重要领域,也是一个国家在作物育种领域核心竞争力的体现。

从我国和世界各国 2017 年种质资源研究的现状分析,明显看到种质资源研究从内容上正在不断深入,可以归纳为以下几个方面。

2.1 种质资源的遗传多样性研究仍是主流,但研究的性状向多方面扩展,研究的方法向应用 SNP 等新一代分子标记和多种分子标记综合应用发展

纵观 2017 年发表的有关作物种质资源研究的论文,资源的遗传多样性分析仍是主流,相当多的论

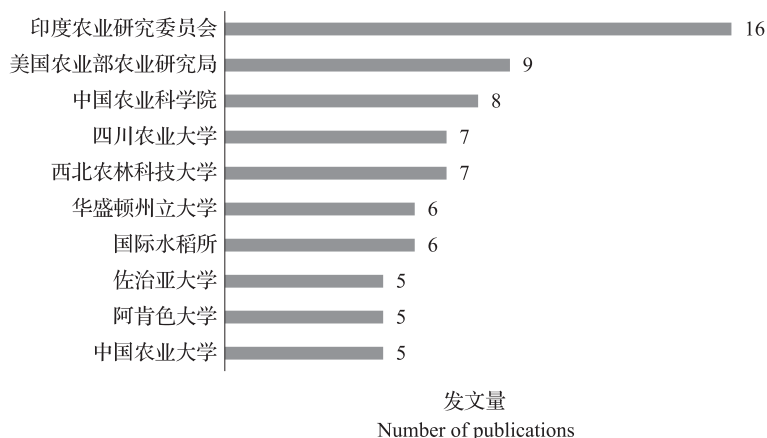


图 1 种质资源鉴定与利用主要发文机构

Fig. 1 Institutions who published papers in field of crop germplasm identification and utilization

文仍是针对所拥有的种质资源开展多样性研究,一些研究开始关注种质资源中等位基因多样性及其表达分析,以期在明确遗传多样性的基础上为育种提供具备不同遗传基础的亲本资源^[1]。一些作物也开始针对种质资源研究和保存开展核心种质构建的工作,如应用 SSR 标记开展马铃薯核心种质构建^[2]、日本油菜核心种质构建^[3]和印度的大豆核心种质构建^[4]等。种质资源多样性研究所关注的性状研究正在从以往主要关注产量等性状向同时关注品质、营养、抗性、生理性状、根部性状、除草剂抗性、耐阴性、耐深播能力等绿色性状方向发展。这些重要的性状中如品质营养性状包括子粒中矿质营养元素的含量^[5],植物化学产物^[6]以及各种次生代谢物含量如胡萝卜素含量、维生素含量^[7]等。作物本身的营养性状包括 N/P/K 利用效率、水分利用效率、

光合利用效率等^[8-10]。抗生物和非生物胁迫包括各种病的抗性、抗虫性、抗盐性、抗寒性、抗旱性、抗热性等多种抗性^[11-15]。说明种质资源研究从应用角度出发关注育种的需求和发展,力图为育种提供更为明确的种质资源和基因资源。种质资源的研究方法也更符合基因组时代种质资源研究的特点,一些传统的分子标记如 RAPD 标记、生化标记等仍有应用,但数量已经不多。更多的研究开始应用多样性更好、在基因组分布更广泛的单核苷酸多样性标记 (SNP 标记) 及 SNP 芯片^[16-17]。采用 GWAS 分析^[18]、GBS 分析^[19]、转录组分析^[20]、全基因组重测序^[21]、RNA-测序^[22]等基因组学方法和技术的种质资源研究也越来越广泛。CIMMYT 科学家 A. Rasheed 等^[23]在 *Annals of Botany* 杂志上发表的后基因组时代小麦遗传资源研究的综述性论文表明了基因组时

代作物种质资源研究的明显特点。

2.2 作物野生资源的研究受到重视

作物种质资源研究多是为育种服务的,以往研究多针对作物的农家种、地方种和育成栽培种等。2017年发表的种质资源研究论文一个明显的特点是作物野生资源的研究受到更多的重视。且以小麦、水稻和大豆野生种质资源的研究论文居多,如野生小麦粗山羊草的子粒性状 GWAS 分析^[24],野生小麦的 RNA 测序^[25],野生二粒小麦转录因子拷贝数变异的等位变异分析^[26],澳大利亚野生稻的测序^[27],野生稻子粒锌等矿物质元素含量分析^[28],野生稻叶绿体基因组测序^[29]等,野生大豆的质体基因组分析^[30],野生大豆种子中不同脂肪酸、蛋白含量的 GWAS 分析^[31]等;也有较多的野生番茄、野生棉花、野生苜蓿等种质资源的研究。野生资源研究受到高度关注和重视表明种质资源研究从野生资源的收集、保存转向深入研究和利用,将为利用野生资源改良现有作物品种,扩大遗传基础起到积极的作用。

2.3 我国种质资源研究的趋势

我国种质资源研究与国外种质资源研究有相近的发展趋势,是发展和利用基因组学方法和技术研究作物种质资源居国际先进水平的国家。在国家重点基础研究发展计划(“973”)中,最早就有重要农作物核心种质构建的项目,以后又有关于杂交育种骨干亲本的研究等重大项目,这使得我国种质资源研究取得了具有国际影响的研究成果。从以上文献分析也表明,我国是发表种质资源研究论文最多的国家之一。除了以上文献中包括的论文,还有大量发表在中文杂志上的论文和进行种质资源研究的硕博学位论文。研究方法已经广泛采用现代基因组学方法和新一代分子标记技术,如利用基因编辑技术创制水稻突变体库。更有特色的是野生种质资源的利用及种质的创新,如中国农业科学院作物科学研究所种质资源创新群体利用冰草和小麦杂交创制了一批以增加穗粒数为明显特征的种质资源,并且利用小麦 SNP 芯片分析了冰草和小麦的亲缘关系。

3 我国种质资源研究取得的重要进展

3.1 我国农作物种质资源保护利用成效显著

农作物种质资源保护与利用专项 2017 年度工作会议上认为,我国农作物种质资源保护与利用项目取得重大进展。2016 年收集与引进作物 137 种,种质资源 16207 份,共编目 16371 份,有 30 种作物 10528 份种质资源经繁种进入国家种质库长期保

存,有 79 种作物 1585 份无性繁殖作物种质资源繁殖进入国家种质圃长期保存,2016 年新增入库圃长期保存资源 12113 份。至 2016 年 12 月,我国长期保存的种质资源总计 481617 份,其中国家种质库长期保存总份数 415232 份,43 个种质圃保存总份数 66385 份,保存总量位居世界第二,有效地增加了国家战略资源的储备。对收集的种质资源进行鉴定筛选,完成了 20227 份农艺性状鉴定,6145 份主要作物种质资源的抗病虫、抗逆和品质性状的精细特性鉴定,并评价筛选出 2498 份特性突出、有育种价值的种质资源,相关单位利用这些优异种质已在生产中发挥重要作用。2016 年度对外提供 219 种作物,分发种质资源 81582 份次,是专项实施前的 10 余倍,推动了我国农作物育种与现代种业的发展。

目前我国正在开展第三次全国农作物种质资源普查与收集行动,已经取得阶段性成效,完成了湖北、湖南、广西、重庆、江苏、广东等 6 省(区、市)375 个县的全面普查和 92 个县的系统调查,征集(收集)各类作物种质资源共 24638 份。(1)摸清了资源“家底”。查清了粮经饲等作物地方品种的分布、特性等基本情况,查清了列入国家重点保护名录的作物野生近缘植物的种类、分布、生态环境和濒危状况等重要信息,查清了各类作物的种植历史、栽培制度、品种更替、社会经济和环境变化、种质资源的种类等基本信息,分析了当地气候、环境、人口、文化及社会经济发展对农作物种质资源变化的影响。(2)收集了一批新资源。有目的地征集了种质资源 12924 份,抢救性收集了古老、珍稀、特有、名优作物地方品种和野生近缘植物种质资源 11714 份,共计 24638 份。(3)筛选了一批特色资源。但是通过普查发现,目前我国资源保护形势不容乐观,许多地方品种和主要农作物野生近缘种丧失情况极其严重,丧失速度明显加快。有关单位将对已收集的 2 万 multiple 份种质资源进行深度鉴定评价,挖掘一批有价值的新基因,创制一批绿色生态、品质优良、高抗广适、营养安全的特色新种质,为加快培育突破性优良品种提供丰富的育种材料。

3.2 利用基因编辑技术创制水稻突变体库

突变体是研究植物遗传、基因定位、分子克隆、基因表达与功能的良好试验材料,也是功能基因组研究的重要基础材料。构建突变体传统的方法有自发突变和理化诱变等方式。自发突变为人类提供了极为有价值的育种材料,但自发突变的频率很低,很难进行系统收集。理化诱变同样存在很多缺点,例

如分离和纯化单基因较为困难,无法控制点突变的数量,大量的具表型变异的突变体可能包含多个点突变,需要进行分离和鉴定,增加了功能基因鉴定的难度。中国科学院遗传与发育生物学研究所李家洋院士团队通过构建 sgRNA 混池文库,利用遗传转化方法获得转基因植株,随机抽取部分转基因植株分析后表明成功获得了大量基因功能缺失突变体。在 T_0 代转基因水稻的生长过程中,发现有一些由于基因突变而引起的表型改变,例如致死或不育、长斑的叶、分蘖角增大、叶色改变等。通过对所构建的载体巧妙设计,可实现基因突变类型与相关表型关联^[32]。该研究对水稻功能基因组研究及种质创新、遗传育种具有里程碑式的意义。

3.3 小麦与冰草远缘杂交取得新进展

小麦野生近缘种植物是增加小麦遗传多样性和改良小麦品种的重要遗传资源。其中冰草属植物 (*Agropyron Gaertn.*, P 基因组) 具有多花多粒、抗病和抗逆等许多优异性状,是小麦遗传改良的重要供体种。确定冰草与小麦染色体间的部分同源关系,有利于加快冰草优异基因在小麦育种中的应用,拓宽小麦的遗传基础。中国农业科学院作物科学研究所小麦种质资源创新与利用创新团队利用小麦 660 K SNP 芯片进行分析,揭示了冰草 P 基因组与小麦间染色体的部分同源关系,并鉴定了大量的小麦-冰草衍生系。该研究在二倍体冰草和蒙古冰草构建的 CP 群体基础上,利用小麦 660 K SNP 芯片构建了包含 7 个连锁群的高密度遗传连锁图谱。通过该图谱确定了 P 基因组与小麦染色体间的部分同源关系,揭示了冰草和小麦基因组间良好的共线性关系。研究同时发现冰草 P 基因组与小麦基因组相比,存在大量的染色体间的结构重排现象。结合基因分型结果和染色体间的部分同源关系,系统地鉴定了涵盖整套冰草 7 个 P 染色体的 35 个小麦-冰草附加系和代换系,明确其同源群归属^[33]。小麦与冰草染色体间部分同源关系的确定和衍生后代的检测能够显著加快冰草优异基因向小麦背景中的转移,从而为小麦遗传改良提供重要的遗传资源。

3.4 玉米种质资源生理成熟子粒脱水率 GWAS 分析

玉米成熟时子粒脱水率是适应机械化收割的重要性状,子粒含水量高会造成机械收获时子粒破碎率高,收获损失大。吉林农业大学 L. Q. Dai 等^[21]对吉林省 80 个玉米优良自交系进行了子粒含水量分析和全基因组重测序,研究结果表明子粒含水量的

广义遗传力为 0.76,说明该性状主要受遗传控制;重测序获得约 149 万个 SNP, GWAS 分析发现 13 个染色体区段 19 个 SNP 与子粒脱水率相关联;其中 7 个区段曾发现有控制脱水率的 QTL,对可能的基因进行了预测。该项研究对于我国目前玉米品种改良具有重要的参考价值。

3.5 东乡野生稻原位和异地群体的遗传结构分析

原位和异地保存是种质资源保存的主要方法。中国农业科学院作物科学研究所杨庆文课题组对 278 个从 3 个原位保存群体和 9 个异地群体搜集的个体用 32 个 SSR 标记进行遗传结构分析,不同分析方法结果均表明两种保存方法的群体结构存在明显差异,原位保存群体分类和地理起源相关联,而异地保存群体高度杂合并没有明显差异。认为结合两种方法进行种质资源保存是重要的,但要强调原位保存的重要性。该研究对于野生作物种质资源保存有参考价值^[34]。

3.6 农作物种质资源优质性状研究新进展

我国农作物生产正在从注重数量向注重质量和有利于营养健康方向发展,因此种质资源优质性状研究得到更多的重视。中国农业科学院作物科学研究所韩龙植课题组和延边大学刘宪虎合作,对特种稻种质营养及功能性成分进行分析,分析了 40 份具有有色种皮、巨胚、甜味、香味、糯性等单一特殊性状或 2 个以上特殊性状聚合于一体的新创制特种稻种质;对黑米、黑褐米、红米、香糯米、黑巨胚糯米、红巨胚糯米、巨胚糯米、黑甜米、红甜米、白甜米等不同类型特种稻种质的营养及功能性成分含量的差异评价,结果表明黑褐米、红米、黑巨胚糯米、红巨胚糯米、巨胚糯米、红甜米和白甜米等 7 种类型的赖氨酸含量显著或极显著高于白米,黑米、黑褐米、红米、香糯米、黑巨胚糯米和红甜米等 6 种类型的铁含量显著或极显著高于白米,黑褐米、红米、黑巨胚糯米、红巨胚糯米、黑甜米、红甜米、白甜米等 7 种类型的钙含量显著或极显著高于白米,黑米、黑褐米、红米、黑甜米、红甜米、白甜米等 6 种类型的锌含量显著或极显著高于白米。由此表明,具有有色种皮、巨胚、甜味、香味、糯性等单一特殊性状或 2~3 个特殊性状的聚合对赖氨酸含量与铁、钙和锌含量的提高方面具有一定的增加效应,认为在今后以赖氨酸、铁、钙和锌含量为目标性状的功能性水稻育种中,多个特殊性状的聚合将是增加上述功能性成分含量的有效途径之一。通过鉴定评价,从创新种质中还筛选出一些功能性成分含量相对较高的优异种质。这些新

创制的功能性成分含量较高的水稻种质有待于今后在育种、生态适应性鉴定与产业化中进一步得到利用^[35]。

山东省农业科学院管延安课题组对 270 份谷子种质资源的蛋白质和脂肪含量进行分析,发现育成品种的蛋白质含量显著低于地方品种,不同生态区种质间蛋白质含量差异较大,西北早熟春谷区种质蛋白质含量明显高于华北夏谷区种质的蛋白质含量。认为提高谷子品种蛋白质含量和脂肪含量的品质改良工作应受到重视^[36]。

中国科学院遗传与发育生物学研究所张爱民课题组采用 EcoTILLING 方法,对我国小麦品种种质资源硬度基因分布进行了研究。对 1787 个小麦品种(系)的分析表明,我国小麦品种硬度指数存在广泛的遗传变异,品种硬度变异幅度为 1.4 ~ 102.7,检测发现 Pina 存在 6 个等位变异,Pinb 有 9 个等位变异,组成 15 个基因型。对于 Pina,野生型等位 Pina-D1a 频率最高,达 90.4%,而 Pina-D1b 仅占 7.4%;对于 Pinb,Pinb-D1b 频率最高,占 43.6%,其次为野生型等位 Pinb-D1a,占 41.1%;中国小麦硬度基因型频率最高的是 Pina-D1a/Pinb-D1b,为 46.3%;新育成品种相对于老品种,品种子粒硬度有明显的增加;在 Pina 位点检测到新的缺失等位变异 Pina-D1x,在 Pinb 位点也检测到新的缺失等位变异 Pinb-D1ah;双缺失基因型有很高的子粒硬度,硬度值相当于硬粒小麦的子粒硬度值;有 7 个国内小麦品种系为双缺失基因型,可以作为提高小麦子粒硬度育种的基因供体^[37]。

3.7 水稻引进种质资源对我国水稻育种的贡献

中国人民大学胡瑞法课题组对国外引进的水稻品种资源对我国水稻育种的贡献进行了分析,范围覆盖 16 个水稻种植省区,通过对 1982-2011 年近 30 年的种植面积、农艺性状、品种系谱的分析,结果表明期间我国水稻育种家育成大量水稻新品种,其产量和品质水平有了大幅度提高,但新育成品种对病虫害的抗性有所下降。来自国际水稻研究所(IRRI)和日本的种质资源对我国品种的贡献分别为 16.4% 和 11.2%,IRRI 种质主要贡献了产量、抗性和生育期等性状,日本种质则主要贡献了品质性状^[38]。

3.8 小麦人工合成种的 GWAS 分析

小麦人工合成种作为小麦遗传改良的重要资源在国际上受到普遍重视。四川省农业科学院利用合成种曾育成优良的栽培小麦品种。西北农林科技大

学马翎健课题组对 86 份人工合成小麦和 24 份普通小麦进行农艺性状的 GWAS 分析,结果表明人工合成种有较大的遗传变异,聚类分析和遗传群体结构分析表明人工合成种和普通小麦育成品种有明显的区分。研究结果有利于更好的在小麦遗传改良中利用人工合成种的有利基因和遗传多样性^[39]。

4 建议应充分利用表型平台建设加速种质资源精准鉴定

种质资源的表型是指作物基因型和环境决定的形状、结构、大小、颜色等生物体的外在性状。表型组学就是在基因组水平上系统研究生物在不同环境条件下所有表型的学科。表型平台是进行种质资源表型研究和精准鉴定的重大科学装置或设施。特异基因资源的发现及利用是育种的基础,近年,随着多数代表性植物基因组测序的完成,育种家和种质资源科学家越来越认识到植物表型研究的重要性。

在未来的国家竞争中,种质资源作为一种战略性资源,争夺将更趋激烈。而表型组学作为挖掘种质资源利用广度和深度的有效手段,已经有了较全面的发展,欧洲、美国、日本、澳大利亚等发达国家已先后建立作物表型组学研究机构,我国也正在筹建大型表型基础设施。

目前,我国保存的种质资源已达 45 万份(约 2300 个物种),如何用好这些种质资源必须重视起来。因此,建议种质资源研究应与农作物种质表型和基因研究设施建设紧密结合,为种质资源表型精准鉴定及有效保护提供新手段。

致谢:文中有关文献数据分析内容由中国科学院文献中心提供。

参考文献

- [1] Baytar A A, Erdogan O, Frary A, et al. Molecular diversity and identification of alleles for Verticillium wilt resistance in elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm [J]. *Euphytica*, 2017, 213(2): 31
- [2] Anoumaa M, Yao N K, Kouam E B, et al. Genetic Diversity and Core Collection for Potato (*Solanum tuberosum* L.) Cultivars from Cameroon as Revealed by SSR Markers [J]. *Am J Potato Res*, 2017, 94(4): 449-463
- [3] Chen R, Hara T, Ohsawa R, et al. Analysis of genetic diversity of rapeseed genetic resources in Japan and core collection construction [J]. *Breeding Sci*, 2017, 67(3): 239-247
- [4] Gireesh C, Husain S M, Shivakumar M, et al. Integrating principal component score strategy with power core method for development of core collection in Indian soybean germplasm [J]. *Plant Genetic Resources-Characterization and Utilization*, 2017, 15(3): 230-238
- [5] Bityutskii N, Yakkonen K, Loskutov I, et al. Content of iron, zinc and manganese in grains of *Triticum aestivum*, *Secale cereale*, *Hor-*

- deum vulgare* and *Avena sativa* cultivars registered in Russia[J]. Genet Resour Crop Evol, 2017, 64(8):1955-1961
- [6] Butts-Wilmsmeyer C J, Mumm R H, Bohn M O, et al. Concentration of Beneficial Phytochemicals in Harvested Grain of US Yellow Dent Maize (*Zea mays* L.) Germplasm [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2017, 65(38):8311-8318
- [7] Menkir A, Maziya-Dixon B, Mengesha W, et al. Accruing genetic gain in pro-vitamin A enrichment from harnessing diverse maize germplasm[J]. Euphytica, 2017, 213(5):105
- [8] Dissanayaka D M S B, Maruyama H, Nishida S, et al. Landrace of japonica rice, Akamai exhibits enhanced root growth and efficient leaf phosphorus remobilization in response to limited phosphorus availability[J]. Plant Soil, 2017, 414:327-338
- [9] Fullana-Pericas M, Conesa M A, Soler S, et al. Variations of leaf morphology, photosynthetic traits and water-use efficiency in Western-Mediterranean tomato landraces [J]. Photosynthetica, 2017, 55(1):121-133
- [10] Sung J, Lee S, Chung J W, et al. Photosynthesis, Metabolite Composition and Anatomical Structure of *Oryza sativa* and Two Wild Relatives, *O. grandiglumis* and *O. alta* [J]. Rice Sci, 2017, 24(4):218-227
- [11] Dilla-Ermita C J, Tandayu E, Juanillas V M, et al. Genome-wide Association Analysis Tracks Bacterial Leaf Blight Resistance Loci In Rice Diverse Germplasm [J]. Rice, 2017, 10:8
- [12] Chang H X, Hartman G L. Characterization of Insect Resistance Loci in the USDA Soybean Germplasm Collection Using Genome-Wide Association Studies [J]. Frontiers Plant Sci, 2017, 8:670
- [13] Zeng A, Chen P, Korsh K, et al. Genome-wide association study (GWAS) of salt tolerance in worldwide soybean germplasm lines [J]. Mol Breeding, 2017, 37(3):30
- [14] Pandit E, Tasleem S, Barik S R, et al. Genome-Wide Association Mapping Reveals Multiple QTLs Governing Tolerance Response for Seedling Stage Chilling Stress in Indica Rice [J]. Frontiers Plant Sci, 2017, 8:552
- [15] Abd El-Moghny A M, Santosh H B, Raghavendra K P, et al. Microsatellite marker based genetic diversity analysis among cotton (*Gossypium hirsutum*) accessions differing for their response to drought stress [J]. J Plant Biochemistry and Biotechnology, 2017, 26(3):366-370
- [16] Baloch F S, Alsaleh A, Shahid M Q, et al. A Whole Genome DArT-seq and SNP Analysis for Genetic Diversity Assessment in Durum Wheat from Central Fertile Crescent [J]. PLoS One, 2017, 12(1):e016781
- [17] Hinze L L, Hulse-Kemp A M, Wilson I W, et al. Diversity analysis of cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm using the Cotton-SNP63K Array [J]. BMC Plant Biology, 2017, 17:37
- [18] Gapare W, Conaty W, Zhu Q H, et al. Genome-wide association study of yield components and fibre quality traits in a cotton germplasm diversity panel [J]. Euphytica, 2017, 213(3):66
- [19] Alipour H, Bihamta M R, Mohammadi V, et al. Genotyping-by-Sequencing (GBS) Revealed Molecular Genetic Diversity of Iranian Wheat Landraces and Cultivars [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8:1293
- [20] Wei Y Y, Xu Y C, Lu P, et al. Salt stress responsiveness of a wild cotton species (*Gossypium klotzschianum*) based on transcriptomic analysis [J]. PLoS One, 2017, 12(5):e0178313
- [21] Dai L Q, Wu L, Dong Q S, et al. Genome-wide association study of field grain drying rate after physiological maturity based on a resequencing approach in elite maize germplasm [J]. Euphytica, 2017, 213(8):182
- [22] Waldeck N, Burkey K, Carter T, et al. RNA-Seq study reveals genetic responses of diverse wild soybean accessions to increased ozone levels [J]. BMC Genomics, 2017, 18:498
- [23] Rasheed A, Mujeeb-Kazi A, Ogbonnaya F C, et al. Wheat genetic resources in the post-genomics era: promise and challenges [J]. Annals of Botany, 2017, doi:10.1093/aob/mcx148
- [24] Arora S, Singh N, Kaur S, et al. Genome-Wide Association Study of Grain Architecture in Wild Wheat *Aegilops tauschii* [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8:886
- [25] Cagirici H B, Alptekin B, Budak H. RNA Sequencing and Co-expressed Long Non-coding RNA in Modern and Wild Wheats [J]. Scientific Reports, 2017, 7:10670
- [26] Domb K, Keidar D, Yaakov B, et al. Transposable elements generate population-specific insertional patterns and allelic variation in genes of wild emmer wheat (*Triticum turgidum* ssp *dicoccoides*) [J]. BMC Plant Biology, 2017, 17:175
- [27] Brozynska M, Copetti D, Furtado A, et al. Sequencing of Australian wild rice genomes reveals ancestral relationships with domesticated rice [J]. Plant Biotechnology Journal, 2017, 15(6):765-774
- [28] Ishikawa R, Iwata M, Taniko K, et al. Detection of quantitative trait loci controlling grain zinc concentration using Australian wild rice, *Oryza meridionalis*, a potential genetic resource for biofortification of rice [J]. PLoS One, 2017, 12(10):e0187224
- [29] Asaf S, Waqas M, Khan A L, et al. The Complete Chloroplast Genome of Wild Rice (*Oryza minuta*) and Its Comparison to Related Species [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8:304
- [30] Asaf S, Khan A L, Khan M A, et al. Comparative analysis of complete plastid genomes from wild soybean (*Glycine soja*) and nine other Glycine species [J]. PLoS One, 2017, 12(8):e0182281
- [31] Leamy L J, Zhang H Y, Li C B, et al. A genome-wide association study of seed composition traits in wild soybean (*Glycine soja*) [J]. BMC Genomics, 2017, 18:18
- [32] Meng X B, Yu H, Zhang Y, et al. Construction of a Genome-Wide Mutant Library in Rice Using CRISPR/Cas9 [J]. Molecular Plant, 2017, 10, 1238-1241
- [33] Zhou S H, Zhang J, Che Y H, et al. Construction of *Agropyron Gaertn.* genetic linkage maps using a wheat 660K SNP array reveals a homoeologous relationship with the wheat genome [J]. Plant Biotechnology Journal, 2018, 16(3):818-827
- [34] Liu S, Zheng X M, Yu L Q, et al. Comparison of the Genetic Structure between In Situ and Ex Situ Populations of Dongxiang Wild Rice (*Oryza rufipogon* Griff.) [J]. Crop Sci, 2017, 57(6):3075-3084
- [35] 柏鹤, 马小定, 曹桂兰, 等. 不同类型特种稻种质营养及功能性成分含量的差异 [J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(6):1013-1022
- [36] 杨延兵, 秦岭, 陈二影, 等. 谷子籽粒蛋白质、脂肪、千粒重的遗传变异 [J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(5):819-829
- [37] Ma X L, Sajjad M, Wang J, et al. Diversity, distribution of Puroindoline genes and their effect on kernel hardness in a diverse panel of Chinese wheat germplasm [J]. BMC Plant Biology, 2017, 17:158
- [38] Shi X H, Hu R F. Rice variety improvement and the contribution of foreign germplasms in China [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2017, 16(10):2337-2345
- [39] Zhang H X, Zhang F N, Li G D, et al. Genetic diversity and association mapping of agronomic yield traits in eighty six synthetic hexaploid wheat [J]. Euphytica, 2017, 213(5):111