

我国水稻主栽品种 SSR 多样性的比较分析

华 蕾 袁筱萍 余汉勇 王一平 徐 群 汤圣祥 魏兴华*

(中国水稻研究所 水稻生物学国家重点实验室, 浙江 杭州 310006; * 通讯联系人, E-mail: xwei@mail.hz.zj.cn)

A Comparative Study on SSR Diversity in Chinese Major Rice Varieties Planted in 1950s and During the Most Recent Ten Years

HUA Lei, YUAN Xiaoping, YU Han yong, WANG Yi ping, XU Qun, TANG Sheng xiang, WEI Xing hua*

(State Key Laboratory of Rice Biology, China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China; * Corresponding author, E-mail: xwei@mail.hz.zj.cn)

Abstract: A total of 40 SSR markers were used to compare the genetic diversity in 151 Chinese major rice varieties planted in 1950s and during the most recent ten years. Of the 40 SSR loci, 39 were polymorphic while 1 locus (RM479) was found to be monomorphic. All the 39 polymorphic loci revealed a total of 213 alleles. The mean number of alleles per locus (N_a) was 5.5 with a range from 2 to 11. Total genetic diversity index of Nei (H_e) varied greatly among loci from 0.309 at RM174 to 0.869 at RM418, with an average value of 0.649. There existed a significant difference in SSR allelic diversity between indica and japonica subspecies. Indica rice had more variation than japonica rice both for N_a and H_e . By comparison of the genetic changes in N_a and H_e , it was found that varieties planted in 1950s had more alleles and higher H_e than those in recent ten years both for indica and japonica rice. The difference between two subspecies was significant in a tendency for N_a over time (indica: $z = 2.677$, $P = 0.007$; japonica: $z = 3.441$, $P = 0.001$), but not for H_e (indica: $z = 1.471$, $P = 0.141$; japonica: $z = 1.932$, $P = 0.053$). Analysis of molecular variance (AMOVA) indicated that the genetic variation was significantly different ($P < 0.05$) between the periods of the 1950s and the recent ten years, of which, more genetic variation was contributed by indica ($F_{st} = 0.050$) and japonica ($F_{st} = 0.082$) subsets. Using locus by locus AMOVA procedure, significant differentiations were observed in 13 loci for indica subset and 11 loci for japonica subset between periods. It was found a part of the genetic alleles was lost in current major rice varieties as comparison with those of 1950s. Therefore, more alien elite genetic resources should be explored in the current program of Chinese rice breeding.

Key words: rice; major varieties; simple sequence repeats; genetic diversity; analysis of molecular variance

摘要: 采用 40 个 SSR 标记, 比较分析了 151 份 20 世纪 50 年代 (78 份) 和近 10 年 (73 份) 我国常规稻主栽品种的遗传差异, 发现有 39 个标记具有多态性, 多态性位点共检测到 213 个等位基因, 每个位点 2~11 个, 平均 5.5 个; 平均 Nei 基因多样性指数 (H_e) 为 0.649, 范围在 0.309 (RM174) ~ 0.869 (RM418)。籼粳亚种间 SSR 多样性差异明显, 籼稻平均等位基因数 (N_a) 和 Nei 基因多样性指数 ($N_a = 4.4$, $H_e = 0.458$) 均高于粳稻品种 ($N_a = 4.0$, $H_e = 0.395$)。比较了 78 份 20 世纪 50 年代与 73 份近 10 年水稻主栽品种的遗传多样性, 籼、粳亚种表现出相近的变化趋势, 即 Nei 多样性指数和等位基因数 20 世纪 50 年代主栽品种高于近 10 年的。虽然 Nei 基因多样性指数的变化并不显著 (籼稻: $z = 1.471$, $P = 0.141$; 粳稻: $z = 1.932$, $P = 0.053$), 但等位基因数目的变化达到显著水平 (籼稻: $z = 2.677$, $P = 0.007$; 粳稻: $z = 3.441$, $P = 0.001$)。分子方差分析 (AMOVA) 表明, 遗传变异绝大部分存在于两时期内, 尽管时期间平均贡献的遗传变异仅占 1.9%, 但仍然达到 5% 的显著水平; 籼、粳亚种两时期平均贡献的遗传变异高于整个分析样本, 分别为 5.0% 和 8.2%; 籼、粳亚种不同位点的遗传分化程度也各不相同, 籼稻和粳稻品种分别有 13 个 (占 33.3%) 和 11 个 (占 28.2%) SSR 位点的等位基因在两时期间差异显著, 而其余位点的遗传变异则是因时期内品种间的差异引起的。研究表明近 10 年我国常规稻主栽品种丢失了一部分等位基因, 水稻育种仍应加强更广泛的种质亲本的选择。

关键词: 水稻; 主栽品种; 微卫星标记; 遗传多样性; 分子方差分析

中图分类号: Q943; S511.03

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2007)02-0150-05

通常认为, 作物育种在提高产量、满足人们各种需求的同时, 降低了遗传多样性, 使作物对逆境的遗传脆弱性增加^[1-2]。这在对欧洲面包小麦^[3-4]、加拿大燕麦^[5]和法国玉米^[6]等农作物品种的 DNA 遗传多样性比较研究中得到证实。但也有学者认为, 由于育种技术的进步以及种质交换的频繁, 育种家可采用的育种亲本范围大大增加, 现代选育品种的遗传基础有所扩大。这同样在对春小麦^[7]、硬粒小麦^[8]、英国冬小麦^[9]、阿根廷小麦^[10]以及欧洲大

麦^[11-12]等品种的研究中得到分子生物学证据。Fu 等^[5]推测, 这些研究的差异可能是由于取样规模以及标记类型的不同造成的。

水稻是我国第一大粮食作物, 全国约 60% 人口

收稿日期: 2006-09-15; 修改稿收到日期: 2006-11-19。

基金项目: 国家 973 计划资助项目 (2004CB117201), 科技部国家科技基础条件平台建设专项资助项目; 农业部农作物种质资源保护专项资助项目; 浙江省重点科研国际合作项目 (2006C24012)。

第一作者简介: 华 蕾 (1983-), 女, 硕士研究生。

以大米为主食。我国近代有计划、有目的地进行水稻良种选育始于 1919 年。经过 80 多年的育种实践,培育了 5000 多份水稻新品种并得到生产应用,但迄今对这些品种系统的 DNA 多样性比较研究较为缺乏。庄杰云等^[13]应用 50 个 RFLP 标记,分析了 25 份籼稻品种和主要亲本的遗传多样性,认为现有品种遗传基础十分狭窄。杨官品等^[14]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种低。最近,齐永文等^[15]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 年代始,遗传基础又有所扩大。本研究中,我们选用 151 份 20 世纪 50 年代和近 10 年(1995 - 2004 年)我国水稻生产上的常规稻主栽品种(年种植面积 6.67 万 hm^2 以上品种 118 个,占 78.1%),采用 40 个 SSR 标记,比较分析当前常规稻主栽品种与 20 世纪 50 年代品种的遗传差异,从而为水稻育种亲本的选择提供科学依据。

1 材料和方法

1.1 材料

选用 20 世纪 50 年代和近 10 年(1995 - 2004 年)我国生产上应用的常规稻主栽品种 151 份,两个时期的取样数相近,分别为 78 和 73 份,其中籼稻 79 份,粳稻 72 份,多数品种在生产上曾推广 6.67 万 hm^2 (100 万亩)以上(见在线辅助性材料表 1, <http://www.ricesci.cn>)。所有试验材料来自于中国水稻研究所国家水稻种质中期库。

1.2 DNA 提取和 SSR 分析

取新鲜嫩叶顶部 1 ~ 2 cm,加液氮研磨,参考 DNA 微量提取法提取、纯化核基因组 DNA^[16]。

在每 1 条染色体上选取 2 ~ 4 对共 40 对水稻 SSR 引物(表 1)(上海生工产品)进行 SSR 分析。PCR 反应体系为 10 μL ,含 10 \times buffer 2.0 μL , 2 mmol/L dNTPs 1.0 μL , 25 mmol/L MgCl_2 1.0 μL , 10 $\mu\text{mol/L}$ 正、反向 SSR 引物各 0.6 μL , *Taq* 聚合酶(5 U/ μL)0.1 μL , 20 ng 模板 DNA。应用 MJ Research 公司 PTC-100 96v 进行扩增,反应程序为:94 $^{\circ}\text{C}$ 下模板预变性 5 min 后,94 $^{\circ}\text{C}$ 下模板 DNA 变性 1 min,55 $^{\circ}\text{C}$ 下引物与模板靶位点结合 1 min(RM161 和 RM162 退火温度为 61 $^{\circ}\text{C}$; RM169、RM174 和 RM178 退火温度为 67 $^{\circ}\text{C}$),72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸 2 min,35 个循环,最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸 5 min。扩增产物在 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶中恒压电泳,银染检测^[17]。

1.3 数据分析

每 1 对 SSR 引物检测 1 个位点,每 1 条多态性带为 1 个等位基因,参照 <http://www.gramene.org/> 提供的 SSR 信息进行记录。SSR 数据应用 POPGENE v 1.31 统计软件^[18] 计算等位基因数 (N_a) 和 Nei 基因多样性指数 (H_e)^[19],采用 Wilcoxon 成对测验 (Wilcoxon Matched Pairs Test) 对 N_a 和 H_e 在两个时期的变化进行显著性检验。基于每 1 位点等位基因的差异,采用 ARLEQUIN ver 3.0 软件^[20] 中的 AMOVA (Analysis of Molecular Variance) 程序计算 F 统计量 (F statistics, F_{st}),以分析不同时期水稻主栽品种和各位点的遗传分化。

2 结果与分析

2.1 SSR 多样性

在分析 151 份 20 世纪 50 年代和近 10 年间我国水稻主栽品种时,40 对 SSR 引物中只有 RM479 为单态位点,扩增出片段大小为 253 bp 左右的 1 个等位基因,其余 39 个位点则均具有多态性,多态性位点百分率为 97.5%(表 1)。因此,本研究采用具多态性的 39 个 SSR 引物进行进一步的遗传多样性比较分析。

如表 1 所示,39 对具多态性位点的 SSR 引物在 151 份中国水稻主栽品种中共扩增出 213 个等位基因,分子量变异范围约在 95 ~ 320 bp。品种间不同位点等位基因数目不等,范围为 2 ~ 11 个,平均 5.5 个,其中稀有类型等位基因 62 个(基因频率低于 5%,占全部等位基因数的 29.1%)。平均 Nei 基因多样性指数为 0.649,变幅为 0.309 (RM174) ~ 0.869 (RM418)。由于 Nei 基因多样性指数是等位基因数和频率的函数^[19],因此具有较高基因多样性指数值的 SSR 标记(如 RM418)具有较高的检测效率。

SSR 多样性在籼粳亚种间差异明显(表 1)。在 79 份籼稻品种中,共检测到 173 个等位基因,占等位基因总数的 81.2%,不同位点等位基因数为 1 ~ 9,平均 4.4 个,其中稀有类型等位基因 48 个;平均 Nei 基因多样性指数为 0.458,不同位点在 0 ~ 0.848。粳稻品种 SSR 多样性低于籼稻品种,在 72 个粳稻品种中,等位基因数较籼稻低 9.8%,为 156 个,占总数的 73.2%,不同位点的等位基因数为 2 ~ 8,平均 4.0,其中稀有类型等位基因 60 个,高于籼稻品种;平均 Nei 基因多样性指数较籼稻低

表 1 40 对 SSR 引物的染色体位置以及在 151 份中国水稻主栽品种中的遗传多样性信息

Table 1 Chromosome location, number of rare alleles, number of alleles, and Nei's genetic diversity index (H_e) at the 40 SSR loci in 151 Chinese major rice varieties.

位点 Locus	染色体 Chromosome	稀有等位基因数 Number of rare alleles			等位基因数 Number of alleles (N_a)			Nei 基因多样性指数 Nei's genetic diversity index (H_e)		
		Number of rare alleles			Number of alleles (N_a)			Nei's genetic diversity index (H_e)		
		籼稻 indica	粳稻 japonica	总体 Total	籼稻 indica	粳稻 japonica	总体 Total	籼稻 indica	粳稻 japonica	总体 Total
RM128	1	4	3	4	6	4	7	0.571	0.081	0.655
RM265	1	0	1	0	3	4	4	0.532	0.598	0.715
RM174	2	1	1	0	3	3	3	0.366	0.224	0.309
RM211	2	2	2	2	5	3	5	0.365	0.081	0.569
RM221	2	0	1	0	2	2	3	0.292	0.080	0.580
RM341	2	6	3	4	9	6	9	0.575	0.553	0.757
RM135	3	1	2	2	2	5	6	0.049	0.674	0.659
RM231	3	0	1	0	6	4	6	0.701	0.600	0.785
RM251	3	2	3	4	5	5	7	0.544	0.448	0.712
RM293	3	0	1	0	2	3	3	0.162	0.340	0.573
RM142	4	1	1	0	2	2	2	0.025	0.054	0.498
RM261	4	1	3	1	5	5	5	0.664	0.253	0.711
RM317	4	1	1	3	5	2	6	0.603	0.027	0.666
RM335	4	1	4	5	8	8	10	0.683	0.545	0.793
RM159	5	2	2	2	5	6	7	0.631	0.698	0.795
RM161	5	0	2	1	2	4	5	0.240	0.348	0.632
RM169	5	2	2	2	8	4	8	0.807	0.462	0.790
RM178	5	1	1	1	3	2	3	0.184	0.027	0.506
RM162	6	0	2	1	1	6	6	0.000	0.738	0.660
RM190	6	4	1	3	7	4	7	0.498	0.608	0.721
RM253	6	3	2	3	8	5	8	0.712	0.594	0.763
RM125	7	0	0	1	1	2	3	0.000	0.153	0.534
RM418	7	1	1	2	8	6	9	0.848	0.786	0.869
RM427	7	0	1	0	2	2	2	0.119	0.054	0.500
RM478	7	0	1	0	4	3	4	0.497	0.156	0.624
RM152	8	1	2	3	4	4	6	0.672	0.513	0.641
RM230	8	2	1	3	6	5	7	0.670	0.683	0.694
RM215	9	1	1	2	4	5	5	0.553	0.561	0.717
RM285	9	3	0	2	5	4	6	0.189	0.721	0.593
RM288	9	0	2	2	2	3	4	0.096	0.081	0.530
RM147	10	0	1	0	2	2	2	0.292	0.054	0.494
RM222	10	1	0	2	5	5	6	0.648	0.683	0.696
RM269	10	0	2	0	5	3	5	0.778	0.107	0.641
RM311	10	1	1	1	4	3	6	0.633	0.488	0.776
RM21	11	3	4	3	9	8	11	0.844	0.747	0.855
RM332	11	1	0	1	5	3	5	0.651	0.596	0.699
RM479	11	0	0	0	1	1	1	0.000	0.000	0.000
RM101	12	1	3	1	5	7	7	0.517	0.755	0.712
RM277	12	1	1	1	3	2	3	0.186	0.054	0.537
RM463	12	0	0	0	2	2	2	0.450	0.176	0.349

13.8%, 为 0.395, 不同位点在 0.027 ~ 0.786。

通过分析每 1 个 SSR 位点各等位基因在籼粳亚种间的分布频率, 发现在 39 个 SSR 标记中, 有 18 个 SSR 位点 (RM128、RM221、RM341、RM135、RM251、RM293、RM142、RM317、RM335、RM161、RM178、RM162、RM125、RM427、RM288、RM147、

RM311 和 RM277) 表现出很强的籼粳特异性 (数据未显示), 但它们是否可以作为籼粳判断的依据, 有待进一步的试验验证。

2.2 不同时期的遗传多样性

我国 20 世纪 50 年代和近 10 年两个时期水稻主栽品种均具有较高的遗传多样性, 每 1 个 SSR 位

表 2 不同时期水稻主栽品种 39 个 SSR 位点的平均等位基因数 (Na) 和 Nei 基因多样性指数 (He)

Table 2 . Comparison of mean number of alleles per locus (Na) and average Nei's genetic diversity (He) between two rice planting periods .

时期与样本集 Period and subset	样本数 No. of varieties	等位基因数 Number of alleles (Na)			Nei 基因多样性指数 Nei's genetic diversity index (He)		
		平均数 Mean ± SD	最小值 Minimum value	最大值 Maximum value	平均数 Mean ± SD	最小值 Minimum value	最大值 Maximum value
20 世纪 50 年代 1950s							
籼稻 indica	42	4.1 ± 2.2	1	9	0.454 ± 0.281	0.000	0.830
粳稻 japonica	36	3.6 ± 1.4	2	7	0.395 ± 0.245	0.054	0.759
总体 Total	78	5.2 ± 2.2	2	10	0.646 ± 0.127	0.311	0.849
近 10 年 Recent ten years(1995 - 2004)							
籼稻 indica	37	3.5 ± 1.7	1	8	0.425 ± 0.237	0.000	0.824
粳稻 japonica	36	3.0 ± 1.4	1	6	0.349 ± 0.277	0.000	0.753
总体 Total	73	4.8 ± 2.1	2	11	0.630 ± 0.125	0.267	0.872

表 3 不同时期的分子方差分析 (AMOVA)

Table 3 . Analysis of molecular variance (AMOVA) between periods of 1950s and recent ten years .

样本 Sample subset	来源 Source	自由度 df	方差分量 Variance component	变异百分比 Percentage of variation /%	P
总体 Total	时期间 Between periods	1	0.246	1.9	0.016
	时期内 Within periods	149	12.614	98.1	
	合计 Total	150	12.860		
籼稻 indica	时期间 Between periods	1	0.466	5.0	<0.001
	时期内 Within periods	77	8.803	95.0	
	合计 Total	78	9.269		
粳稻 japonica	时期间 Between periods	1	0.669	8.2	<0.001
	时期内 Within periods	70	7.467	91.8	
	合计 Total	71	8.136		

点变异也十分丰富(表 2)。20 世纪 50 年代的 78 份主栽品种平均等位基因数 (Na) 和 Nei 基因多样性指数 (He) 分别为 5.2 和 0.646, 稍高于近 10 年的 73 份主栽品种 (Na = 4.8, He = 0.630); Wilcoxon 成对测验表明, Na 的变化达到显著水平, 而 He 的变化不显著 (Na: z = 2.259, P = 0.024; He: z = 1.828, P = 0.068)。籼、粳亚种内 Na 和 He 的变化与整个分析样本相同; 近 10 年的品种低于 20 世纪 50 年代的; Na 的变化达到显著水平 (籼稻: z = 2.677, P = 0.007; 粳稻: z = 3.441, P = 0.001), 而 He 的变化不显著 (籼稻: z = 1.471, P = 0.141; 粳稻: z = 1.932, P = 0.053)。Na 和 He 的差异可能与稀有类型基因有关。

2.3 时期间的遗传分化

AMOVA 分析表明, SSR 遗传变异绝大部分存在于时期内, 尽管时期间平均贡献的遗传变异仅占 1.9%, 但仍然达到 5% 的显著水平(表 3)。从表 3 可以发现, 籼、粳亚种两时期间的遗传分化均达到极显著水平 (P < 0.001), 平均贡献的遗传变异高于

整个分析样本, 分别为 5.0% 和 8.2%。籼、粳亚种不同位点的遗传分化程度也各不相同。籼稻品种 39 个 SSR 位点中有 13 个位点 (RM21、RM128、RM147、RM169、RM190、RM221、RM231、RM251、RM253、RM317、RM341、RM418 和 RM478) 的等位基因在两时期间差异显著, 占 33.3%, 其中 RM221 在两时期间分化程度最高, 占总变异的 37.8%。粳稻品种两时期间具显著差异的 SSR 位点数略低于籼稻品种, RM101、RM135、RM152、RM159、RM169、RM190、RM251、RM253、RM311、RM418 和 RM478 共 11 个 SSR 位点 (占 28.2%) 在两时期间差异显著, 其中 RM152 分化程度最高, 55.8% 的遗传变异是由两时期间的差异造成的 (数据未显示)。

3 讨论

与等位酶^[21]相比, SSR 具有更丰富的多态性。本研究中, 151 份中国常规稻主栽品种反映出较高的 SSR 多样性, 40 个 SSR 位点中有 39 个位点具有

多态性,平均每一多态性位点检测到 5.5 个等位基因,明显高于我国主要杂交稻亲本^[22-23]以及部分云南地方稻资源^[24]。但与中国水稻选育品种核心种质相比,平均等位基因数低 56.3%^[15];粳稻品种的多样性也明显低于刘炜等^[25]对国内外 11 个生态类型 72 份粳稻品种的研究结果。这可能与研究材料以及 SSR 标记的差异有关。另外,我们发现有较大比例的 SSR 标记(45%)具有粳粳特异性,这与较早的研究结果相近^[23-26-27]。因此,SSR 标记结合农艺性状,可以很好地鉴别粳、粳亚种。

齐永文等^[15]通过对 257 份我国 20 世纪 50~90 年代主要水稻品种的 SSR 和形态性状分析,认为多样性指数自 20 世纪 50 年代至 80 年代有下降趋势,90 年代则显著增加;等位基因和表型数 50 年代较低而 90 年代最高。在本研究中,粳、粳稻都表现出相近的趋势,即 Nei 多样性指数和等位基因数 20 世纪 50 年代主栽品种高于近 10 年的,虽然 Nei 基因多样性指数变化不显著,但等位基因数目的变化达到显著水平,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。本研究结果与前者的差异除选用材料这一因素外,可能与取样规模也有较大关系。

本研究 AMOVA 分析结果表明,尽管两时期间遗传变异极小(仅 1.9%),但遗传分化仍然达到显著水平,这支持了等位基因数目和 Nei 基因多样性指数的比较研究。同时,AMOVA 还为分析不同时期各 SSR 位点的变化提供了很好的手段。因此,结合 AMOVA 和各种遗传多样性参数分析,可以更好地评价不同类群水稻遗传多样性的变化。

参考文献:

- [1] FAO. The state of the world's plant genetic resources for food and agriculture. Rome: FAO, 1998: 30-40.
- [2] Ramanatha R V, Hodgkin T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 2002, 68: 1-19.
- [3] Roussel V, Koenig J, Beckert M, et al. Molecular diversity in French bread wheat accessions related to temporal trends and breeding programmes. *Theor Appl Genet*, 2004, 108: 920-930.
- [4] Roussel V, Leisova L, Exbrayat F, et al. SSR allelic diversity changes in 480 European bread wheat varieties released from 1840 to 2000. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 162-170.
- [5] Fu Y B, Peterson G W, Scoles G, et al. Allelic diversity changes in 96 Canadian oat cultivars released from 1886 to 2001. *Crop Sci*, 2003, 43: 1989-1995.
- [6] Clerc V L, Bazante F, Baril C, et al. Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 294-302.
- [7] Smale M, Reynolds M P, Warburton M, et al. Dimensions of diversity in modern spring bread wheat in developing countries. *Crop Sci*, 2002, 42: 1766-1779.
- [8] Maccaferri M, Sanguinetti M C, Donini P, et al. Microsatellite analysis reveals a progressive widening of the genetic basis in the elite durum wheat germplasm. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 783-797.
- [9] Donini P, Law J R, Koebner R M D, et al. Temporal trends in the diversity of UK wheat. *Theor Appl Genet*, 2000, 100: 912-917.
- [10] Manifesto M M, Schlatter A R, Hopp H E, et al. Quantitative evaluation of genetic diversity in wheat germplasm using molecular markers. *Crop Sci*, 2001, 41: 682-690.
- [11] Backes G, Hatz B, Jahoor A, et al. RFLP diversity within and between major groups of barley in Europe. *Plant Breeding*, 2003, 122: 291-299.
- [12] Koebner R M, Donini P, Reeves J C, et al. Temporal flux in the morphological and molecular diversity of UK barley. *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 550-558.
- [13] 庄杰云, 钱惠荣, 陆军, 等. 粳稻品种遗传变异性初探. 中国农业科学, 1996, 29: 17-22.
- [14] 杨官品, Maroof M A S, 张启发, 等. 水稻一多拷贝微卫星 DNA 多态性分析. 遗传, 1998, 20: 27-30.
- [15] 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. 科学通报, 2006, 51: 693-699.
- [16] Zheng K L, Subudhi P K, Domingo J, et al. Rapid DNA isolation for marker assisted selection in rice breeding. *Rice Genet NewsL*, 1995, 12: 255-258.
- [17] Panaud O, Chen X, McCouch S R. Development of a microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*O. sativa* L.). *Mol Gen Genet*, 1996, 252: 597-607.
- [18] Yeh F C, Yang R. POPGENE v 1.31. <http://www.ualberta.ca/~fyeh/>.
- [19] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1973, 70: 3321-3323.
- [20] Excoffier L, Laval L G, Schneider S. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 2005, 1: 47-50.
- [21] 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. 中国水稻科学, 2003, 17: 123-128.
- [22] 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. 中国水稻科学, 2006, 20: 1-7.
- [23] 张建勇, 袁佐清, 李仕贵. 微卫星标记分析粳粳亚种间的遗传多样性. 山东理工大学学报: 自然科学版, 2005, 9: 22-27.
- [24] 朱明雨, 王云月, 朱有勇, 等. 云南地方水稻品种遗传多样性分析及其保护意义. 华中农业大学学报, 2004, 23: 187-191.
- [25] 刘炜, 李自超, 史延丽, 等. 利用 SSR 标记进行粳稻品种的遗传多样性研究. 西南农业学报, 2005, 18: 509-513.
- [26] 樊叶杨, 庄杰云, 吴建利, 等. 应用微卫星标记鉴别水稻粳粳亚种. 遗传, 2000, 22: 392-394.
- [27] 朱作峰, 孙传清, 李自超, 等. 用 SSR 标记对水稻品种的分类研究. 农业生物技术学报, 2001, 9: 58-61.