



研究报告
Article Report

118 份水稻种质资源 SSR 遗传多样性分析

束爱萍^{1,2}, 黄永兰³, 黎毛毛^{1,2}, 刘增兵⁴, 余丽琴^{1,2}

1. 江西省农业科学院水稻研究所, 南昌, 330200
2. 水稻国家工程实验室(南昌), 南昌, 330200
3. 江西省超级水稻研究发展中心, 南昌, 330200
4. 江西省农业科学院土肥与资环研究所, 南昌, 330200

✉ 通讯作者: lqyu480@163.com; ✉ 作者

分子植物育种, 2013 年, 第 11 卷, 第 22 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2013.11.0022

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式(中文):

束爱萍等, 2013, 118 份水稻种质资源 SSR 遗传多样性分析, 分子植物育种(online), 11(22): 1154-1160 (doi: 10.5376/mpb.cn.2013.11.0022)

引用格式(英文):

Shu et al., 2013, Analysis of Genetic Diversity of 118 Rice Germplasm Resource by SSR, Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding), 11(22): 1154-1160 (doi: 10.5376/mpb.cn.2013.11.0022)

摘要 为明确江西省农业科学院水稻研究所品种资源室保存的 118 份水稻种质资源的遗传多样性。本研究利用筛选到的 19 对 SSR 引物对其进行 PCR 扩增和遗传多样性研究。每对 SSR 引物检测的等位基因约 2~9 个, 共检测到 99 个等位基因。供试水稻种质资源间的遗传相似系数为 0.05~0.90, 平均 0.39, 表明所选水稻种质资源的遗传基础丰富, 具有保存价值。聚类分析结果显示, 所选 SSR 标记不能区分水稻种质资源的籼粳亚种, 这可能与利用的引物有关, 也可能是因为所用的粳稻材料与同组的籼稻材料有更大的遗传相似性。聚类结果与地理来源有密切联系。这些水稻种质资源丰富的遗传多样性将为水稻育种亲本的选育提供了依据, 减少育种工作中亲本选配的盲目性, 提高育种效率。

关键词 水稻种质资源; SSR 标记; 遗传多样性

Analysis of Genetic Diversity of 118 Rice Germplasm Resource by SSR

Shu Aiping^{1,2}, Huang Yonglan³, Li Maomao^{1,2}, Liu Zengbing⁴, Yu Liqin^{1,2}

1. Rice Research Institute of Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang, 330200, P.R., China
2. National Engineering Laboratory for Rice(Nanchang), Nanchang, 330200, P.R., China
3. Super Rice Research and Development Center of Jiangxi, Nanchang, 330200, P.R., China
4. Soil and Fertilizer Institute of Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang, 330200, P.R., China

✉ Corresponding author, lqyu480@163.com; ✉ Authors

Abstract 19 pairs SSR markers were used in PCR and genetic diversity analysis with intent to clear the genetic diversity of 118 accessions, which collected and preserved from Research Laboratory of Rice Resource in Rice Research Institute of Jiangxi Academy of Agricultural Sciences. 99 bands were amplified from 19 SSR primers, with 2~9 bands per pair of primers. The genetic similarity coefficient of 118 rice germplasm resource varied from 0.053~0.895, with an average of 0.393. Results indicated that the genetic basis of 118 rice germplasm resources was rich and had preservative value. According to the dendrogram by UPGMA cluster analysis with software NTSYS, 118 rice germplasm resources couldn't distinguish as *indica* and *japonica*. This maybe relate to the using SSR, or maybe the *japonica* material have higher genetic coefficient with the *indica* material in the same group than *japonica* material. The cluster could classify into groups according to geographical regions. Rich genetic diversity of above rice germplasm will reduce blind and improve efficiency in rice breeding.

Keywords Rice germplasm resource; SSR marker; Genetic diversity

收稿日期: 2013 年 06 月 18 日

接受日期: 2013 年 06 月 19 日

发表日期: 2013 年 07 月 22 日

基金项目: 本研究由江西省农业科学院青年创新基金(2010CQN005)、江西省农业科学院创新基金(2009 博-2)和十二五国家科技支撑计划子课题(2013BAD01B01)共同资助

研究背景

种质资源又称遗传资源或基因资源, 是作物育种和农业生产及其它农业科学研究中的物质基础。育种成功的基础在于试验材料中可利用的遗传变异及对所需性状的了解及合理的选育策略。一个育



种单位能否育成好的品种,除了正确的育种目标和选育技术路线外,还取决于所掌握的品种资源的数量和质量(吴澎等, 2010)。

江西稻种资源丰富,“1986-1990年”、“1991-1995年”期间,江西省入国家作物种质库的地方水稻品种2881份,占全国的11.31%,仅次于云南、广西。对水稻种质资源进行遗传多样性分析,能够阐明种质资源之间的遗传背景及相互关系、发现新基因、构建核心种质资源,对于水稻遗传改良具有重要意义。

1 结果与分析

1.1 数据统计分析

以“0”、“1”、“9”记录SSR扩增带型,建立相应的数据库。在相同迁移率位置上,有带记录为“1”,无带记录为“0”,缺失记录为“9”。数据经转化后,用Popgene 32程序计算SSR标记的等位基因数、有效等位基因数、遗传多样性指数;用NTSYS-pc V2.0进行遗传相似性系数分析,并绘制

UPGMA聚类图。

1.2 SSR标记的多态性分析

利用筛选到的19对具有多态性的SSR引物,对118份水稻种质资源进行DNA检测(图1)。共扩增出99个等位基因,SSR引物的等位基因范围为2~9个。引物RM335的等位基因最多,为9个;引物RM259、RM251、RM336的等位变异也较多,均为8个;引物RM216、RM190的等位变异最少,均为2个。观测到的平均等位基因数为5.21,平均有效等位基因数为3.07。标记多态性分析结果(表1)。



图1 引物RM242对部分水稻种质资源的扩增结果

Figure 1 Amplified result of RM242 for part of rice germplasm resource

表1 19对SSR标记及其扩增结果

Table 1 Amplification results of 19 SSR primers in 118 rice germplasm resource

引物 Locus	染色体 Chr.	观测到的等位基因数 na*	有效等位基因数 ne*	遗传多样性指数 I*
RM259	1	8	6.02	1.91
RM23	1	7	5.76	1.83
RM211	2	4	1.76	0.79
RM251	3	8	5.19	1.82
RM335	4	9	2.83	1.44
RM250	2	3	1.38	0.51
RM405	5	3	2.14	0.84
RM169	5	6	4.76	1.64
RM336	7	8	4.24	1.63
RM252	4	3	2.46	0.99
RM190	6	2	2.00	0.69
RM209	11	5	2.72	1.13
RM247	12	5	1.67	0.85
RM17	12	3	2.057	0.76
RM216	10	2	1.267	0.36
RM242	9	6	3.26	1.35
RM152	8	6	2.82	1.23
RM222	10	5	2.92	1.22
RM219	9	6	3.08	1.40
Mean		5.21	3.07	1.18
St.Dev		2.16	1.46	0.46

注: * na: 观测到的等位基因数; * ne: 有效等位基因数(Kimura and Crow, 1964); I: 遗传多样性指数(Lewontin, 1972)

Note: * na: Detected number of alleles; * ne: Effective allele number (Kimura and Crow, 1964); * I: Shannon's Information index (Lewontin, 1972)

1.3 SSR 标记的遗传相似性分析

基于 19 个引物的扩增结果, 利用软件分析参试种质资源遗传相似系数矩阵(表略), 118 个水稻品种间的遗传相似系数为 0.05~0.90, 平均为 0.39。表明利用 SSR 技术可以检测水稻品种的遗传多样性。计算得到 6 903 个遗传相似系数, 对其进行次数分布统计, 作次数分布表(图 2)。

由图 2 可见, 118 份种质资源间的遗传相似系数次数呈正态分布。有 1 188 个遗传相似系数在 0.50 以上, 占总数的 17.21%; 0.80 以上的数据仅为 3 个。说明供试种质资源间的遗传相似性较低, 种质资源间的遗传差异大, 遗传基础丰富, 具有保存价值。

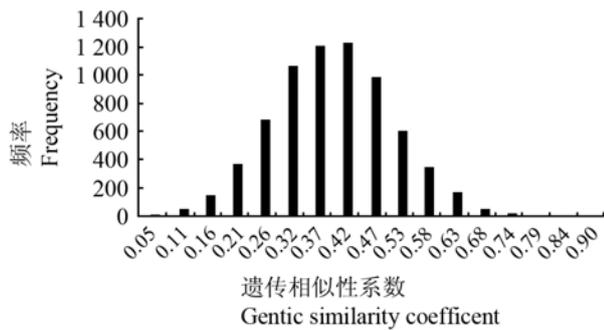


图 2 118 个水稻种质资源的遗传相似性系数的次数分布
Figure 2 The number of genetic similarity distribution of 118 rice germplasm resource

1.4 聚类分析

利用 NTSYS-pc V2.0 软件进行 UPGMA 聚类分析, 作聚类图(图 3)。在遗传相似性系数 0.302 处, 所有水稻种质资源分为两大类, 923、东野一号、甜糯、926、赣晚粳 9 号、赣优晚 8 号、SG89320 为第一类群, 包括 7 份种质资源。其余 174 份种质资源为第二类群。第二类群在遗传相似系数接近 0.398 处(图中虚线处)可以分为 7 个亚类。第一亚类包括信江晚 1 号、双竹粘、九云晚 1 号和赣农 3425 四份种质资源; 第二亚类包括 R15 和早 R218 两份种质资源; 第三亚类包括新香 B、饶晚 6 号、R4015 和萍恢 2028 四份种质资源; 第四亚类包括粘丰早 1 号、江农早 1 号 B 和早 25 等六十八份种质资源; 第五亚类包括早粳 559、R71、丝苗王、03B 和 1504 等 11 份种质资源; 第六亚类包括晚糯 53、赣晚粳 34 号、农大 9908、赣吉一号、井冈早稻 1 号、R288 等 6 份种质资源; 第七亚类包括 R838、鹰优早 4 号和 R121 等 16 份种质资源。第

四亚类中的品种总数占有所有材料的 57.63%, 说明这部分种质资源相似程度相对较高, 遗传差异相对较小。在这个亚类中, 可以看到, 大多数种质资源较好的反映了材料间的亲缘关系。如大部分的萍恢系列种质资源(江西省萍乡市农科所引进)、鹰优系列种质资源(江西省鹰潭市引进)、赣早粳系列种质资源被归在同一个或者临近的亚群体中, 表明这些种质资源的亲缘关系较近。

从聚类图上可以看出, 在遗传相似系数为 0.58 处, 可以聚为五十多个小类群。参试水稻种质资源所聚类型较多, 遗传相似度较低, 遗传差异大。进一步证明了参试水稻种质资源丰富的遗传多样性。

2 讨论

观测到的平均等位基因数和平均有效等位基因数分别为 5.21 和 3.07。118 份水稻种质间的遗传相似系数范围为 0.05~0.90, 平均遗传相似系数为 0.39。证明了 SSR 标记具有丰富的多态性, 是研究水稻种质资源遗传多样性的工具, 这与前人研究的结果一致(赵勇等, 2002; 刘炜等, 2005)。说明了近年江西省农业科学院水稻研究所品种资源室收集和保存的水稻种质资源差异大, 遗传多样性丰富, 具有保存价值。

聚类结果显示, SSR 分子标记不能区分水稻种质资源的籼粳亚种。东野一号是利用耐冷性特强的东乡野生稻和粳稻亲本 0298 进行杂交并回交选育而成的粳稻类品种, 可自然越冬; R253 属于北方粳稻。这两个品种都属于粳稻, 但并没有聚在一起。这可能与所选用的引物有关, 也可能是因为它们与同组的籼稻具有更大的遗传相似性。多数学者认为, 亚洲栽培稻可分为两个亚种, 即籼亚种(*indica*)和粳亚种(*japonica*)。水稻品种的亚种间遗传分化极显著, 遗传变异主要来自亚种内。朱作峰等(2002)利用 SSR 引物比较了 86 份水稻的遗传多样性, 认为 SSR 标记能将栽培稻和野生稻分开, 也较好地进行籼粳稻的分类。但肖宇龙等(2012)在研究中也指出, 一些被认为粳稻的品种被归为籼稻组, 一些被认为是籼稻的品种被归于粳稻组。他认为, 试验中所用的 SSR 标记所在的位点上, 参试品种可能表现出与同组的籼稻或者粳稻最大的遗传相似性。本研究倾向于肖宇龙等(2012)等的观点。

从聚类图可以看出, 大部分的萍恢(萍乡市农科所品种)、鹰优(江西鹰潭市)、赣早粳品种被归在同

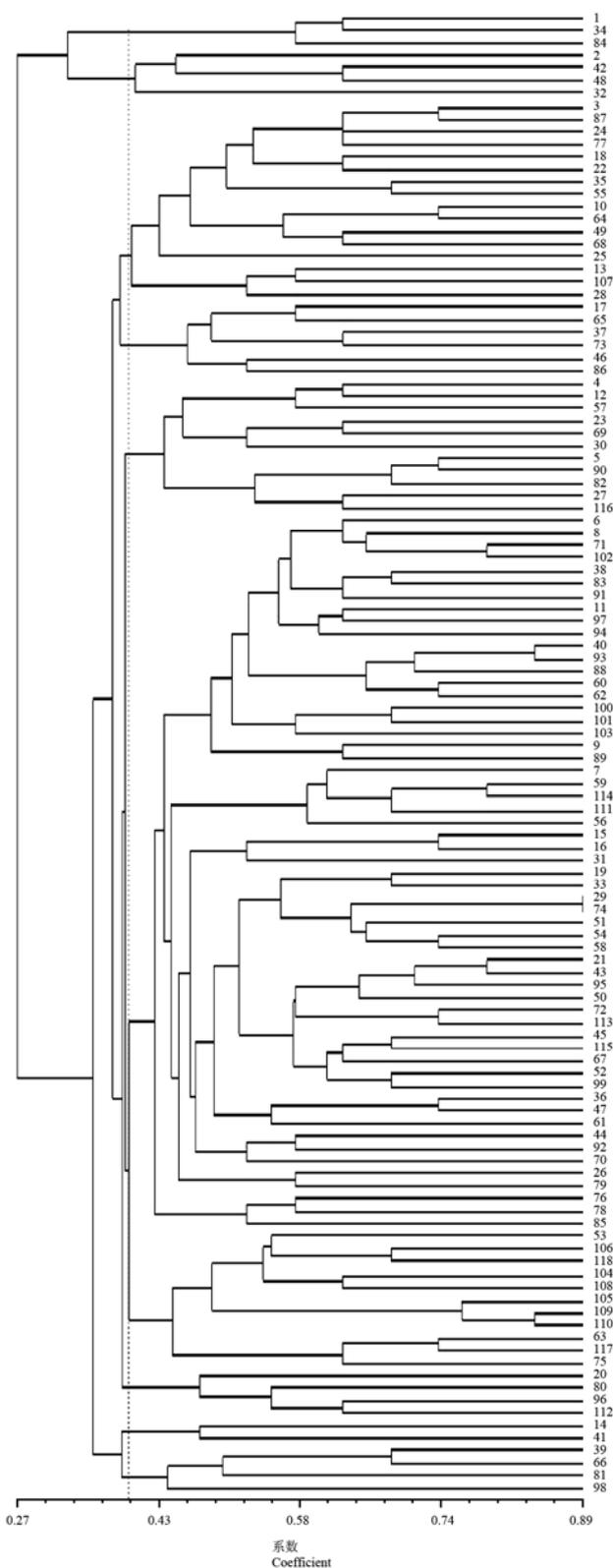


图3 118个水稻种质资源的聚类图
注: 右侧为材料编号, 编号与表2对应
Figure 3 UPGMA clustering of 118 rice germplasm resource based on genetic similarity coefficients
Note: The number on the right is the material number, which is corresponding to table 2

一个或者临近的亚群体中, 表明这些群体的亲缘关系较近。说明 SSR 标记聚类结果与地理来源有密切的联系。聚类结果与前人研究结果一致。赵勇等(2002)以 23 份水稻种质资源为研究对象, 利用 16 对功能基因的 SSR 引物研究其遗传多样性, 通过 SSR 可以有效的进行水稻种质资源分类、地理分布、生态类型和系谱分析。刘炜等(2005)用 37 对 SSR 引物研究了 72 个粳稻品种的遗传多样性, 通过聚类认为 SSR 标记能把不同来源和不同生态类型的品种分到相应的类群。

在育种实践中, 育种家要选择地理位置较远的亲本进行选配, 这样有利于创造好的育种材料。作物种质遗传资源及遗传多样性是作物基因发掘、遗传改良及新品种培育等研究的重要基础(Zhao et al., 2011; Glaszmann et al., 2010)。本试验减少了水稻育种的盲目性, 提高了育种效率。

3 材料和方法

3.1 供试材料

以江西省农业科学院水稻研究所品种资源室近年收集和保存的材料中选取 118 份水稻种质资源为试验材料(表 2)。其中, 东野一号和 R253 属于粳稻类, 其余为籼稻类。

3.2 SSR 引物筛选及 PCR 扩增

对吕广磊等(2009)、束爱萍等(2009)、玄英实等(2010)人研究中表现较好的引物进行筛选, 得到 19 对条带清晰、多态性较好的 SSR 引物, 这些引物均匀分布于 12 条染色体上。根据已发表的序列(Temnykh et al., 2000; Temnykh et al., 2001), 引物由北京赛百盛基因技术有限公司合成。利用筛选到了 19 对 SSR 引物对 118 份水稻种质资源进行 DNA 多态性分析。按 Edwards 等(1991)的 CTAB 方法提取 DNA, 且稍有修改, 并进行 DNA 的纯化。PCR 体系(总反应体积为 20 μ L)如下: 10 \times PCR buffer (含 Mg^{2+}) 2.0 μ L, 2.5 mmol/L dNTP 1.5 μ L, ddH₂O 12.0 μ L, 5 U/ μ L Taq 0.5 μ L, 2 μ mol/L SSR 引物 2.0 μ L, 20 ng/ μ L DNA 2.0 μ L。扩增程序为 94 $^{\circ}$ C 5 min (预变性), 95 $^{\circ}$ C 30 s (变性), 60 $^{\circ}$ C 30 s (退火), 72 $^{\circ}$ C 1 min (延伸), 38 个循环, 然后 72 $^{\circ}$ C 10 min (延伸), 待温度降至 10 $^{\circ}$ C 后, 放在 4 $^{\circ}$ C 冰箱内备用。反应产物采用 6% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳, 银染法检测扩增结果。

表 2 118 份材料序号及其对应名称

Table 2 Number and name of 118 rice materials

编号	名称	编号	名称	编号	名称
No.	Name	No.	Name	No.	Name
1	923	41	赣农早 Gan nongzao	80	饶晚 6 号 Raowan No.6
2	926	42	赣晚籼 9 号 Gan wanxian No.9	81	双竹粘 Shuangzhuzhan
3	962	43	赣晚籼 15 号 Gan wanxian No.15	82	丝苗王 Simiaowang
4	974	44	赣晚籼 20 号 Gan wanxian No.20	83	特早紫 1 号 Tezaozi No.1
5	1504	45	赣晚籼 32 号 Gan wanxian No.32	84	甜糯 Tiannuo
6	6188	46	赣晚籼 34 号 Gan wanxian No.34	85	晚恢 8884 Wanhui No.8884
7	9194	47	赣香糯 Gan xiangnuo	86	晚糯 53 Wannuo No.53
8	7004	48	赣优晚 8 号 Gan youwan No.8	87	先恢 1 号 Xianhui No.1
9	F6	49	赣优早 5 号 Gan youzao No.5	88	献改 B Xiangai B
10	R084	50	赣早籼 24 号 Gan zaoxian No.24	89	G4B
11	R102	51	赣早籼 26 号 Gan zaoxian No.26	90	03B
12	R107	52	赣早籼 30 号 Gan zaoxian No.30	91	博 II B Bo II B
13	R121	53	赣早籼 34 号 Gan zaoxian No.34	92	博 B BoB
14	R15	54	赣早籼 37 号 Gan zaoxian No.37	93	萍 II B Ping II B
15	R253	55	赣早籼 40 号 Gan zaoxian No.40	94	协青早 B Xieqingzao B
16	R258	56	赣早籼 41 号 Gan zaoxian No.41	95	新露 B Xinlu B
17	R288	57	赣早籼 45 号 Gan zaoxian No.45	96	新香 B Xinxiang B
18	R3027	58	赣早籼 48 号 Gan zaoxian No.48	97	珍汕 97B Zenshan 97b
19	R3032	59	赣早籼 53 号 Gan zaoxian No.53	98	信江晚 1 号 Xinjiangwan No.1
20	R4015	60	广陆矮 4 号 Guang luai No.4	99	秀江晚 3 号 Xiujiangwan No.3



续表 2

Continuing table 2

编号 No.	名称 Name	编号 No.	名称 Name	编号 No.	名称 Name
21	R402	61	恢 2374 Hui 2374	100	秀江早 4 号 Xiujiangzao No.4
22	R432	62	恢复系 1126 Huifuxi 1126	101	秀江早 9 号 Xiujiangzao No.9
23	R458	63	江农早 1 号 B Jiang nongzao No.1 B	102	宜矮 1 号 Yiai No.1
24	R463	64	江西香丝苗 Jiangxi simiaowang	103	宜丰 089 Yifeng No.089
25	R5010	65	井冈旱稻 1 号 Jinggang handao No.1	104	鹰优早 1 号 Yingyouzao No.1
26	R66	66	九云晚 1 号 Jiu yunwan No.1	105	鹰优早 2 号 Yingyouzao No.2
27	R71	67	莲塘晚 Liantang wan	106	鹰优早 3 号 Yingyouzao No.3
28	R838	68	泸红早 1 号 Lu hongzao No.1	107	鹰优早 4 号 Yingyouzao No.4
29	R9113	69	密阳 46 Miyang No.46	108	鹰优早 8 号 Yingyouzao No.8
30	R98049	70	密野 1 号 Miye No.1	109	鹰育早 3 号 Yingyuzao No.3
31	R 桂 99 R gui 99	71	南特号 Nantehao	110	早 25 Zao No.25
32	SG89320	72	农大 295 Nnongda No.295	111	早 89—01 Zao 89-01
33	SG98786	73	农大 9908 Nnongda No.9908	112	早 R218 Zao R218
34	东野一号 Dongye No.1	74	萍恢 141 Pinghui No.141	113	早籼 14 Zaoxian No.14
35	丰圆香稻 Fengyuan xiangnuo	75	萍恢 2028 Pinghui No.2028	114	早籼 152 Zaoxian No.152
36	凤晚糯 1 号 Fengwannuo No.1	76	萍恢 6003 Pinghui No.6003	115	早籼 240 Zaoxian No.240
37	赣吉一号 Ganji N0.1	77	萍恢 6013 Pinghui No.6013	116	早籼 559 Zaoxian No.559
38	赣良早 3 号 Ganliangzao No.3	78	萍恢 7019 Pinghui No.7019	117	粘丰早 1 号 Nianfengzao No.1
39	赣农 3425 Gannong No.3425	79	萍恢 7029 Pinghui No.7029	118	粘丰占 1 号 Nianfengzhan No.1
40	赣农晚粳 2 号 Gannong wangeng No.2				

作者贡献

余丽琴是本研究的实验设计人; 束爱萍完成数据分析、论文的写作及修改; 黄永兰、黎毛毛进行了 SSR 引物筛选及 PCR 扩增, 刘增兵参与实验设计, 试验结果分析。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由江西省农业科学院青年创新基金(2010CQN005)、江西省农业科学院创新基金(2009 博-2)和十二五国家科技支撑计划子课题(2013BAD01B01)共同资助。

参考文献

- Edwards K., Johnstone C., and Thompson C., 1991, A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis, *Nucleic Acids Research*, 19(6): 1349
<http://dx.doi.org/10.1093/nar/19.6.1349>
 PMid:2030957 PMCID:PMC333874
- Glaszmann J.C., Kilian B., Upadhyaya H.D., and Varshne R.K., 2010, Accessing genetic diversity for crop improvement, *Curr. Opin. Plant Biol.*, 13(2): 167-173
<http://dx.doi.org/10.1016/j.pbi.2010.01.004>
 PMid:20167531
- Liu W., Li Z.C., Shi Y.L., Wang J., Ma H.W., and Zhang H.L., 2005, Genetic diversity of Japonica rice varieties based on SSR markers, *Xinan Nongye Xuebao (Southwest China Journal of Agricultural Sciences)*, 18(5): 509-513 (刘炜, 李自超, 史延丽, 王坚, 马洪文, 张洪亮, 2005, 利用 SSR 标记进行粳稻品种的遗传多样性研究, *西北农业学报*, 18(5): 509-513)
- Lv G.L., Lin Z.L., Bai X.G., Ma K.H., Fu J., Liu F.F., Huang X.Q., Gway J.G., and Cheng Z.Q., 2009, Comparative assessment of simple repeat genetic diversity in cultivated rice from Yunnan, 2009, *Zhiwu Xuebao (Chinese Bulletin of Botany)* 44(4): 457-463 (吕广磊, 蔺忠龙, 白现广, Ma K.H., 付坚, 刘芳芳, 黄兴奇, Gway J.G., 程在全, 2009, 云南栽培稻种 SSR 遗传多样性比较, *植物学报*, 44(4): 457-463)
- Shu A.P., Zhang Y.Y., Cai G.L., Lu Q., Zhang S.Y., and Han L.Z., 2009, Analysis of genetic similarity of improved japonica rice varieties from different provinces in China, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 42(10): 3381-3387 (束爱萍, 张媛媛, 曹桂兰, 卢勤, 张三元, 韩龙植, 2009, 中国不同省份粳稻选育品种的遗传相似性, *中国农业科学*, 42(10): 3381-3387)
- Temnykh S., DeClerck G., Lukashova A., Lipovich L., Cartinhour S., and McCouch S., 2001, Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential, *Genome Res.*, 11(8): 1441-1152
<http://dx.doi.org/10.1101/gr.184001>
 PMid:11483586 PMCID:PMC311097
- Temnykh S., Park W.D., Ayres N., Cartinhour S., Harek N., Lipovich L., Cho Y.G., Ishii T., and McCouch S.R., 2000, Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.), *Theor. Appl. Genet.*, 100(5): 697-712
<http://dx.doi.org/10.1007/s001220051342>
- Wu P., Chen J.S., and Tian J.C., 2010, Cluster analysis of phytic acid for 137 wheat micro-core collections, *Zhongguo Youliao Xuebao (Journal of the Chinese Cereals and Oils Association)*, 25(10): 19-23 (吴澎, 陈建省, 田纪春, 2010, 137 个微核心种质资源植酸含量的聚类分析, *中国粮油学报*, 25(10): 19-23)
- Xiao Y.L., Lei J.G., Yu C.Y., Dela Cruz Q.D., Castillo J.M., and Tabanao D.A., 2012, Genetic similarity and population structure in a rice drought stress adaptation panel, *Jiangxi Nongye Daxue Xuebao (Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis)*, 34(5): 886-892 (肖宇龙, 雷建国, 余传元, Dela Cruz Q.D., Castillo J.M., Tabanao D.A., 2012, 一组水稻种质资源的遗传相似性及群体结构分析, *江西农业大学学报*, 34(5): 886-892)
- Xuan Y.S., Jiang W.Z., Liu X.H., Cheng Z.H., Koh H.J., and Yuan D.L., 2010, *Zhiwu Yichuan Xuebao (Scientia Agricultura Sinica)*, 11(2): 206-212 (玄英实, 姜文洙, 刘宪虎, 程正海, Koh H.J., 元东林, 2010, 中国东北地区水稻主要栽培品种的遗传多样性分析, *植物遗传资源学报*, 11(2): 206-212)
- Zhao K.Y., Tung C.W., Eizenga G.C., Wright M.H., Ali M.L., Price A.H., Norton G.J., Islam M.R., Reynolds A., Mezey J., McClung A.M., Bustamante C.D., and McCouch S.R., 2011, Genome-wide association mapping reveals a rich genetic architecture of complex traits in *Oryza sativa*, *Nat. Commun.*, 2: 467
<http://dx.doi.org/10.1038/ncomms1467>
 PMid:21915109 PMCID:PMC3195253
- Zhao Y., Yang K., Cheema A.A., and Weng Y.J., 2002, Evaluation of rice germplasm using SSR markers of functional gene in rice, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 35(4): 349-353 (赵勇, 杨凯, Cheema A.A., 翁跃进, 2002, 利用水稻功能基因 SSR 标记鉴定水稻种质资源, *中国农业科学*, 35(4): 349-353)
- Zhu Z.F., Sun C.Q., Fu Y.C., Zhang P.J., and Wang X.K., 2002, Comparison of the genetic diversity of common wild rice and cultivated rice using SSR markers, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)* 35(12): 1437-1441 (朱作峰, 孙传清, 付永彩, 张培江, 王象坤, 2002, 用 SSR 标记比较亚洲栽培稻与普通野生稻的遗传多样性, *中国农业科学*, 35(12): 1437-1441)