

## 研究报告

## Research Report

# 中国旱稻粳亚种的遗传多样性及其遗传结构

李锐<sup>✉</sup>, 杨木青<sup>✉</sup>, 高东<sup>✉</sup>, 何霞红<sup>✉</sup>

云南农业大学农业生物多样性应用技术国家工程中心, 教育部农作物多样性与病害控制重点实验室, 昆明, 650201

✉ 通讯作者: gaodong521@yahoo.com.cn ✉ 作者

分子植物育种, 2012 年, 第 10 卷, 第 17 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0017

收稿日期: 2012 年 03 月 28 日

接受日期: 2012 年 04 月 09 日

发表日期: 2012 年 05 月 14 日

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):

李锐等, 2012, 中国旱稻粳亚种的遗传多样性及其遗传结构, 分子植物育种(online) Vol.10 No.17 pp.1127-1132 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0017)

引用格式(英文):

Li et al., 2012, Genetic diversity and structure in *Japonica* upland rice in China, Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding) Vol.10 No.17 pp.1127-1132 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0017)

**摘要** 我国旱稻地方品种资源丰富, 蕴藏着大量的优异基因。因此, 研究我国旱稻资源的遗传结构和遗传多样性, 对在水稻育种过程中有效利用旱稻种质资源具有重要意义。本研究利用 72 对 SSR 引物对来自中国 14 个省份的 125 份旱稻地方品种进行了 SSR 遗传多样性、遗传距离和聚类分析。结果表明, 共检测到 573 个等位基因, 平均每对引物检测到 7.958 个, 变幅为 3~20, 平均有效等位基因座数为 3.357 个。平均 Shannon 指数为 1.327, 变幅为 0.358~2.701。Shannon 多样性指数以广西最高, 台湾、云南和贵州次之。系统聚类能较好地区分我国粳型旱稻地方品种的地理来源, 各省份粳型旱稻地方品种间遗传距离与地理位置相关。

**关键词** 旱稻; 地方品种; 微卫星标记; 遗传多样性; 遗传结构

## Genetic Diversity and Structure in *Japonica* Upland Rice in China

Li Rui<sup>✉</sup>, Yang Muqing<sup>✉</sup>, Gao Dong<sup>✉</sup>, He Xiaohong<sup>✉</sup>

The National Center for Agricultural Biodiversity, Key Laboratory of the Ministry of Education for Agricultural Biodiversity and Disease Control, Yunnan Agricultural University, Kunming, 650201, P.R. China

✉ Corresponding author, gaodong521@yahoo.com.cn; ✉ Authors

**Abstract** The upland rice landraces in China have rich genetic diversity and contain a large number of excellent genes, which are basis for rice breeding, so researching the genetic structure and the genetic diversity of upland rice landraces in China is greatly significant. The polymorphism of SSR markers, the genetic distance and the clusters of 125 upland rice landraces from 14 provinces of China were analyzed by using 72 pairs of SSR markers. A total of 573 alleles were detected, and it is averagely 7.958 per pair with a range from 3 to 20, and the mean effective alleles are 3.357. The mean Shannon's information index is 1.327 with a range from 0.358 to 2.701. Regarding geographical regions, the Shannon's information index of upland rice in Guangxi was highest, the following were that in Taiwan, Yunnan and Guizhou. The dendrogram based on Nei's genetic distance could distinguish the geographical regions. The *japonica* upland rice landraces from provinces which have geographical proximity have a similar hereditary basis.

**Keywords** Upland rice; Landraces; SSR markers; Genetic diversity; Genetic structure

## 研究背景

遗传理论和育种实践均已表明, 育种目标能否实现的基础与关键是种质资源, 特别是特异种质资源的发掘与利用。纵观近代作物育种成就, 几乎无一例外地取决于关键性优异种质资源的发现与利用。如籼稻矮源低脚乌尖(Sasaki et al., 2002)、小麦矮源农林 10 号(Peng et al., 1999)与世界范围的“绿色革命”; 油菜品种 Liho (Stefansson et al., 1961)、Bronowski (Abadi et al., 2011)与双低油菜新品种选

育; 抗根结线虫的北京小黑豆与美国大豆生产(Hartwig, 1981); 矮源矮脚南特和矮子粘与我国水稻的矮秆育种(潘家驹, 1994); Polima 雄性不育细胞质与国内外杂交油菜的发展; 小麦 IBL/1RS 易位系与小麦抗锈育种(Rabinovich, 1998); 玉米高赖氨酸突变体 Opaque-2 (Yau et al., 1999)和大麦高蛋白、赖氨酸 Hiprolys (潘家驹, 1994)与玉米和大麦营养品质的遗传改良等事实说明, 特异种质资源对农作物遗传改良起到了不可替代的作用。栽培稻经过长

期的人工驯化,特别是近代育种和集约化种植,遗传变异显著缩小,一些对不良环境因子和病虫害有益的稀有的等位基因缺失(江云珠等,2010)。中国 20 世纪 50 年代以来水稻育成品种的遗传多样性一直呈下降趋势(华蕾等,2007),同工酶等位基因仅为地方品种的 73.1%,58.3%的位点上发现存在数目不等的等位基因缺失(魏兴华等,2003),而且系谱上均可追溯到少数几个品种,如矮仔占、南特号、农垦 58 和银坊主等(魏兴华等,2010)。水稻育成品种单调的遗传背景已成为取得突破性育种改良成效的瓶颈。

旱稻(Upland Rice)属于禾本科(*Poaceae*)、稻属(*Oryza* L.)、亚洲栽培稻(*Oryza sativa* L.),是栽培稻四种生态型之一(王英等,2011),具有耐旱、耐瘠、适应性广等特点,是水稻抗逆性改良育种的天然基因库(翟伟等,2010)。我国旱稻种质资源丰富,但由于缺乏对其遗传基础的了解,限制了其在育种中的有效利用。虽然已有一些基于 RAPD (任光俊等,2005)、SSR (杨学辉等,2009b)以及表型多样性(龚志莲等,2004;杨学辉等,2009a)的旱稻种质多样性研究,但存在选择区域范围偏小,试验材料偏少、代表性较差等不足。本研究采用 72 对 SSR 引物对来自中国 14 个省份的 125 份粳型旱稻地方品种进行了 SSR 遗传多样性、遗传距离和聚类分析。旨在为旱稻种质资源在水稻育种的有效利用提供依据。

## 1 结果分析

### 1.1 微卫星位点多态性

我国旱稻地方种质资源粳亚种具有丰富的微卫星多态性。具多态性的 72 对供试 SSR 引物共检测到 573 个等位变异。不同 SSR 位点变异较大,每一位点等位基因数变幅为 3~20,平均每对引物检测到 7.958 个,平均有效等位基因座数为 3.357 个。11 号染色体上等位变异最多(RM224, RM206, RM21,  $N_a=15$ ; RM209,  $N_a=11$ ),其次 1、3、4、6、7、8、9 和 10 号染色体也有较多的等位变异,5 号染色体的等位变异较弱。等位变异 $\geq 15$ 的位点有 7 个;10 $\leq$ 等位变异 $< 15$ 的位点共有 11 个;5 $\leq$ 等位变异 $< 10$ 的位点有 45 个;等位变异 $< 5$ 的位点仅有 9 个。RM72 位点有效等位变异最高( $N_e=11.183$ ),RM147 位点有效等位变异最低( $N_e=1.378$ )。Shannon 多样性指数具有类似结果, RM72,  $I=2.701$ ; RM147,  $I=0.385$  (表 1)。

表 2 结果显示,我国 14 个省或地区粳型旱稻地方种质资源等位变异分布不均,广西、云南、贵

州和台湾省等位变异较高,分别为 263、230、215 和 205 个;海南旱稻地方种质资源等位变异最低。上述 4 省旱稻地方种质资源的有效等位变异也较高,次序稍有变动,广西(198.107) $>$ 台湾(173.094) $>$ 云南(163.402) $>$ 贵州(146.999)。Shannon 多样性指数具有类似结果,广西(1.075) $>$ 台湾(0.908) $>$ 云南(0.878) $>$ 贵州(0.776),海南最低为 0.225。

### 1.2 聚类分析与遗传结构

来自 14 个省的旱稻地方品种粳亚种间 Nei 遗传距离范围在 0.046~0.564 之间,表明 14 个省间旱稻种质遗传差异大小各异,有些省份旱稻种质遗传差异小,有些省份遗传差异大。基于 Nei 遗传距离进行 UPGMA 系统聚类(图 1),结果显示黑龙江和吉林两省间的旱稻种质遗传距离最近( $GD=0.046$ ),其次依次为天津和河北间( $GD=0.097$ ),云南和贵州间( $GD=0.132$ ),辽宁和山西间( $GD=0.140$ ),广东和广西间( $GD=0.159$ )。在 Nei 遗传距离为 0.335 处可以明显地划分为 3 类,北方组:(黑龙江 $\cup$ 吉林) $\cup$ ((河北 $\cup$ 天津) $\cup$ (辽宁 $\cup$ 山西));南方组:(((云南 $\cup$ 贵州) $\cup$ 湖南) $\cup$ 江苏) $\cup$ ((广东 $\cup$ 广西) $\cup$ 台湾);海南独立划为一类。

## 2 讨论

### 2.1 旱稻微卫星位点遗传多样性

王一平等(2007)选取 144 份分布于全球主要旱稻种植区域(南美,非洲和亚洲其他国家及中国) 15 个国家的旱稻品种,利用 38 对 SSR 标记分析表明,平均等位基因数为 3.6;杨志奇(2008)选取我国 328 份粳稻地方品种,利用 72 对 SSR 引物分析发现,平均等位基因数为 9.72;张立娜等(2010)选取我国 158 份旱稻地方品种,利用 39 对 SSR 引物分析表明,平均等位基因数为 7.90。本研究利用 72 对 SSR 引物对 125 份中国旱稻地方品种粳亚种的研究表明,平均等位基因数为 7.96。本研究检测平均等位基因数高于王一平等(2007)和张立娜(2010)等的研究结果,究其原因可能是所选用的多态性引物多;低于杨志奇的研究结果,究其原因可能是选取样品量和地理范围小,选取稻种生态型不同。可见,进行种质资源 SSR 遗传多样性分析,保证足够的样品和多态性引物数量是确保获得可靠结果的先决条件。本研究和前人研究(张立娜等,2010)结果均表明, RM72、RM241、RM232、RM224、RM206、RM21、RM219、RM412、RM551、RM220、RM209、

表 2 不同地区旱稻地方品种粳亚种 SSR 位点遗传多态性

Table 2 Genetic polymorphism of SSR loci in *japonica* upland rice landraces among 14 geographical regions of China

省份	检测到的等位基因数	有效等位基因数	香农指数
Province	Observed number of alleles ( $N_a$ )	Effective number of alleles ( $N_e$ )	Shannon's information Index ( $I$ )
广西	263	198.107	1.075
Guangxi			
云南	230	163.402	0.878
Yunnan			
贵州	215	146.999	0.776
Guizhou			
台湾	205	173.094	0.908
Tianwan			
河北	179	135.361	0.615
Hebei			
湖南	174	133.020	0.677
Hunan			
江苏	165	134.901	0.627
Jiangsu			
广东	156	145.921	0.711
Guangdong			
黑龙江	135	98.878	0.376
Heilongjiang			
辽宁	129	110.873	0.452
Liaoning			
山西	125	102.861	0.409
Shanxi			
天津	110	97.432	0.310
Tianjin			
吉林	106	90.600	0.282
Jilin			
海南	92	89.850	0.225
Hainan			
均值	163.143	130.093	0.594
Mean			

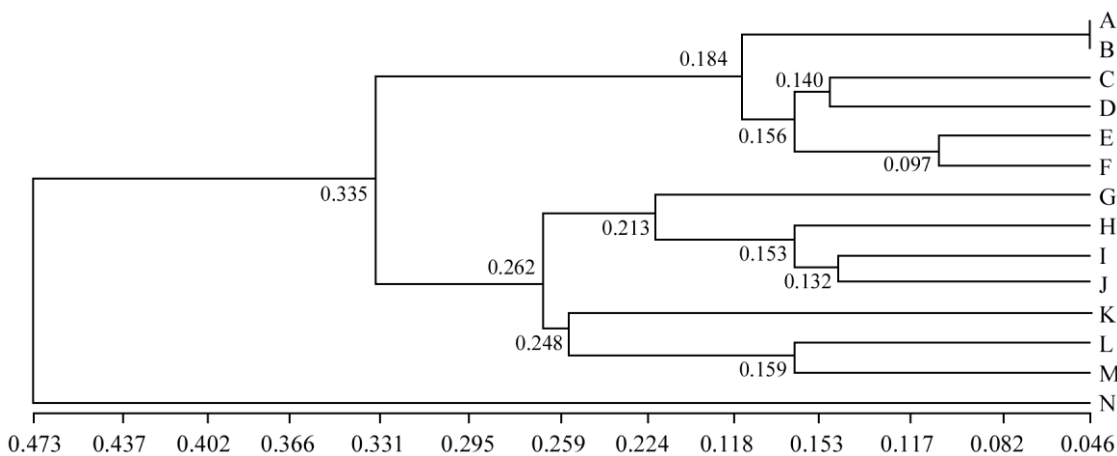


图 1 中国 14 地区旱稻地方品种粳亚种聚类图

注: A: 黑龙江; B: 吉林; C: 辽宁; D: 山西; E: 天津; F: 河北; G: 江苏; H: 湖南; I: 贵州; J: 云南; K: 台湾; L: 广东; M: 广西; N: 海南

Figure 1 Dendrogram of the *japonica* upland rice landraces from 14 geographical regions of China

Note: A: Heilongjiang; B: Jilin; C: Liaoning; D: Shanxi; E: Tianjin; F: Hebei; G: Jiangsu; H: Hunan; I: Guizhou; J: Yunnan; K: Taiwan; L: Guangdong; M: Guangxi; N: Hainan

RM278、RM11 和 RM302 等标记表现为较高的等位变异, 是分析早稻种质资源遗传多样性的理想引物。

## 2.2 早稻地方品种的遗传结构

杨志奇(2008)选取我国 20 个省份或地区粳稻地方品种, 研究表明遗传一致性为 0.213~0.902; 束爱萍等(2009)选取我国 12 个省份或地区粳稻选育品种, 研究表明遗传一致性为 0.321~0.914; 张立娜等(2010)选取我国 15 个省份或地区粳型早稻地方品种, 研究表明遗传一致性为 0.580 3~0.958 1。本研究选取我国 14 个省份或地区早稻地方品种粳亚种, 研究表明遗传一致性为 0.527~0.954。已有研究表明中国不同省份或地区的不同稻种类型具有不同的遗传多样性和遗传结构。

Nybom (2004)研究表明, 抽样群体间地理位置远近与遗传差异大小相关。张媛媛等(2007), 杨志奇(2008)和张立娜等(2010)的研究结果均基本支持这一观点。本研究聚类结果表明, 我国地理位置相近的省份或地区的粳型早稻地方品种聚在同一类群, 可以清晰的分成北方组和南方组, 基本支持前人研究结果, 我国早稻地方品种粳亚种仍然存在较高的地理隔离现象。王一平等(2007)的结果显示, 世界范围不同地理来源的早稻地理隔离现象已不明显, 这与世界范围早稻种质的交流和引种密不可分。我国早稻地方品种粳亚种较明显的地理隔离现象, 一方面反映了我国早稻各省间交流不足, 同时也显示出我国早稻地方品种粳亚种在扩大水稻亲本遗传背景方面仍具有较大潜力。

## 3 材料与方法

### 3.1 材料

供试材料来自课题组构建的滇黔贵琼早稻地方品种核心种子库和国家库, 以云南、贵州和广西为主, 基于自然地理分布密度, 随机抽取 125 份早稻地方粳亚种, 覆盖了我国 14 个省或地区, 核心种子库中仅存 1~2 份的省份没有覆盖。具体分布为云南、贵州和广西各 25 份, 山西、辽宁、吉林、江苏、湖南、天津和台湾各 4 份, 河北和黑龙江各 8 份, 广东和海南各 3 份。

### 3.2 DNA 抽提及 PCR 检测

参考前人研究结果, 每条染色体各筛选 6 对多态性高的 SSR 引物(表 1)。以 10 株混合样代表每份材料, CTAB 法混合抽提全基因组 DNA (Song et al., 2003)。PCR 反应体系(20  $\mu$ L)含 1 $\times$  Buffer,

0.2 mmol/L dNTP (每一成分均为 0.2 mmol/L), 1  $\mu$ mol SSR 引物, 50 ng 模板 DNA 及 1 U *Taq* 酶。扩增程序为: 94 $^{\circ}$ C 2 min; 94 $^{\circ}$ C 40 s, 55 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 40 s, 36 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。扩增结果检测采用 6%聚丙烯酰胺变性凝胶电泳及银染法(高东等, 2009)。

### 3.3 数据处理

SSR 扩增带型采用基因型统计, 并建立相应的数据库(高东等, 2011)。采用 POPGENE (Yeh et al., 1999)分析遗传多样性参数。NTSYS 程序(Rohlf, 1997)软件完成参试材料间欧氏距离计算, 采用非加权平均数(UPGMA), 依据遗传距离绘制树状聚类图。

### 作者贡献

高东为本研究的构思者及负责人, 李锐负责试验设计和试验研究的执行及论文初稿的写作; 何霞红参与数据分析及论文修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

### 致谢

本研究由国家重点基础研究发展计划(973项目)课题(2011CB100406)资助。

### 参考文献

- Abbadì A., and Leckband G., 2011, Rapeseed breeding for oil content, quality, and sustainability, *European Journal of Lipid Science and Technology*, 113(10): 1198-1206 <http://dx.doi.org/10.1002/ejlt.201100063>
- Gao D., Du F., and Zhu Y.Y., 2009, Low-background and high-resolution contracted silver-stained method in polyacrylamide gels electrophoresis, *Yichuan (Hereditas)*, 31(6): 668-672 (高东, 杜飞, 朱有勇, 2009, 低背景、高分辨率 PAGE 简易银染法, *遗传*, 31(6): 668-672)
- Gao D., Li R., Yang M.Q., and He X.H., 2011, Rice landraces' genetic diversity of Hani terrace wetland in Qingkou Village, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding)*, Vol.9 No.118 pp.1857-1863 (高东, 李锐, 杨木青, 何霞红, 2011, 元阳箐口村哈尼梯田水稻品种 SSR 遗传多样性分析, *分子植物育种 (online)* Vol.9 No.118 pp.1857-1863)
- Gong Z.L., Guo H.J., Sheng C.Y., and Zhou K.Y., 2004, Upland rice variety diversity and in situ conservation in the communities of Xishuangbanna, *Shengwu Duoyangxing (Biodiversity Science)*, 12(4): 427-434 (龚志莲, 郭辉军, 盛才余, 周开元, 2004, 西双版纳社区早稻品种多样性与就地保护初探, *生物多样性*, 12(4): 427-434)
- Hartwig E.E., 1981, Breeding productive soybean cultivars resistant to the soybean cyst nematode for the southern



- United States, *Plant Disease*, 65: 303-307 <http://dx.doi.org/10.1094/PD-65-303>
- Hua L., Yuan X.P., Yu H.Y., Wang Y.P., Xu Q., Tang S.Y., and Wei X.H., 2007, A comparative study on SSR diversity in Chinese major rice varieties planted in 1950s and during the most recent ten years, *Zhongguo Shuidao Kexue (Chinese Journal of Rice Science)*, 21(2): 150-154 (华蕾, 袁筱萍, 余汉勇, 王一平, 徐群, 汤圣祥, 魏兴华, 2007, 我国水稻主栽品种SSR多样性的比较分析, *中国水稻科学*, 21(2): 150-154)
- Jiang Y.Z., Tang S.Y., and Tang J., 2010, Genetic structure and geographical distribution of Chinese rice cultivars based on allozymic alleles, *Zhongguo Shuidao Kexue (Chinese Journal of Rice Science)*, 24(5): 453-462 (江云珠, 汤圣祥, 唐健, 2010, 中国栽培稻等位酶的遗传结构及地理分布, *中国水稻科学*, 24(5): 453-462)
- Nybo H., 2004, Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants, *Molecular Ecology*, 13: 1143-1155 <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02141.x> PMID:15078452
- Pan J.J., ed., 1994, *Crop breeding*, China Agricultural Press, Beijing, China, pp.4-5 (潘家驹, 编著, 1994, 作物育种学总论, 中国农业出版社, 中国, 北京, pp.4-5)
- Peng J., Richards D.E., Hartley N.M., Murphy G.P., Devos K.M., Flintham J.E., Beales J., Fish L.J., Worland A.J., Pelica F., Sudhakar D., Christou P., Snape J.W., Gale M.D., and Harberd N.P., 1999, 'Green revolution' genes encode mutant gibberellin response modulators, *Nature*, 400(6741): 256-261 <http://dx.doi.org/10.1038/22307> PMID:10421366
- Rabinovich S.V., 1998, Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivars of *Triticum aestivum* L., *Euphytica*, 100(1-3): 323-340 <http://dx.doi.org/10.1023/A:1018361819215>
- Ren G.J., Zhou L.Q., Lu X.J., Gao F.Y., Kang H.Q., Liu C.G., and Luo L.J. 2005, Genetic differences and combining ability of upland rice germplasm, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 3(5): 663-675 (任光俊, 周良强, 陆贤军, 高方远, 康海岐, 刘光春, 罗利军, 2005, 旱稻种质的遗传差异和配合力分析, *分子植物育种*, 3(5): 663-675)
- Rohlf F.J., ed., 1997, *NTSYS: numerical taxonomy and multivariate analysis system*, version 2.02a, Exeter Software Press, New York, USA, pp.33
- Sasaki A., Ashikari M., Ueguchi-Tanaka M., Itoh H., Nishimura A., Swapan D., Ishiyama K., Saito T., Kobayashi M., Khush G.S., Kitano H., and Matsuoka M., 2002, Green revolution: A mutant gibberellin-synthesis gene in rice, *Nature*, 416(6882): 701-702 <http://dx.doi.org/10.1038/416701a> PMID:11961544
- Shu A.P., Zhang Y.Y., Cao 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)
- Song Z.P., Xu X., Wang B., Chen J.K., and Lu B.R., 2003, Genetic diversity in the northernmost *Oryza rufipogon* populations estimated by SSR markers, *Theor. Appl. Genet.*, 107(8): 1492-1499 <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-003-1380-3> PMID:12920513
- Stefansson B.R., Hougen F.W., and Downey R.K., 1961, Note on the isolation of rape plants with seed oil free from erucic acid, *Can. J. Plant Sci.*, 41(1): 218-219 <http://dx.doi.org/10.4141/cjps61-028>
- Wang Y., Ye T., Qiu H.Y., and Zhuang N.S., 2011, Analysis on genetic diversity of 49 upland rice germplasm using RAPD markers, *Zhongguo Nongxue Tongbao (Chinese Agricultural Science Bulletin)*, 27(24): 21-28 (王英, 叶通, 邱海燕, 庄南生, 2011, 49份旱稻种质RAPD标记遗传多样性分析, *中国农学通报*, 27(24): 21-28)
- Wang Y.P., Wei X.H., Hua L., Yuan X.P., Yu H.Y., Xu Q., and Tang S.X., 2007, Genetic diversity in upland rice germplasm from different geographic regions, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 33(12): 2034-2040 (王一平, 魏兴华, 华蕾, 袁筱萍, 余汉勇, 徐群, 汤圣祥, 2007, 不同地理来源旱稻种质资源的遗传多样性分析, *作物学报*, 33(12): 2034-2040)
- Wei X.H., Tang S.X., Yu H.Y., Wang Y.P., Yuan X.P., and Xu Q., 2010, Beneficial analysis on introduced rice germplasm from abroad in China, *Zhongguo Shuidao Kexue (Chinese Journal of Rice Science)*, 24(1): 5-11 (魏兴华, 汤圣祥, 余汉勇, 王一平, 袁筱萍, 徐群, 2010, 中国水稻国外引种概况及效益分析, *中国水稻科学*, 24(1): 5-11)
- Wei X.H., Tang S.Y., Jiang Y.Z., Yu H.Y., Qiu Z.E., and Yan Q.C., 2003, Genetic diversity of allozyme associated with morphological traits in Chinese improved rice varieties, *Zhongguo Shuidao Kexue (Chinese Journal of Rice Science)*, 17(2): 123-128 (魏兴华, 汤圣祥, 江云珠, 余汉勇, 裴宗恩, 颜启传, 2003, 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*, 17(2): 123-128)
- Yang X.H., Yuan J., Chen H.C., He H.Y., Chen X.J., You J.M., Wu S.P., and Wang Y.Y., 2009a, Principal component analysis of major agronomic traits on upland rice germplasm resources in Guizhou, *Xi'nan Nongye Xuebao*

- (Southwest China Journal of Agricultural Science), 22(5): 1204-1208 (杨学辉, 袁洁, 陈惠查, 何海永, 陈小均, 游俊梅, 吴石平, 王云月, 2009a, 贵州早稻种质资源主要农艺性状的主成分分析, 西南农业学报, 22(5): 1204-1208)
- Yang X.H., Yuan J., Chen X.J., Ruan R.C., He H.Y., Wu S.P., and Wang Y.Y., 2009b, Genetic diversity of upland rice germplasm resources from Guizhou province based on SSR markers, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 7(5): 890-896 (杨学辉, 袁洁, 陈小均, 阮仁超, 何海永, 吴石平, 王云月, 2009b, 贵州早稻种质资源的SSR遗传多样性分析, 分子植物育种, 7(5): 890-896)
- Yang Z.Q., 2008, Evaluation of cold tolerance at the booting stage and analysis of genetic diversity for *japonica* rice landrace in China, Thesis for M.S., Chinese Academy of Agricultural Sciences, Supervisor: Han L.Z., pp.1-63 (杨志奇, 2008, 中国粳稻地方品种孕穗期耐冷性鉴定及遗传多样性分析, 硕士学位论文, 中国农业科学院, 导师: 韩龙植, pp.1-63)
- Yau J.C., Bockolt A.J., Smith J.D., Rooney L.W., and Waniska R.D., 1999, Maize endosperm protein that contribute to endosperm lysine content, *Cereal Chem.*, 76(5): 668-672
- <http://dx.doi.org/10.1094/CCHEM.1999.76.5.668>
- Yeh F.C., Yang R.C., and Boyle T., eds., 1999, POPGENE version 1.31, microsoft windows-based freeware for population genetic analysis, University of Alberta Press, Edmonton, Canada, pp.1-28
- Zhai W., Hu X.R., Zhou H.L., and Tao M., 2010, Research status on drought resistance and genetic improvement in upland rice, *Zhiwu Yichuanziyuan Xuebao (Journal of Plant Genetic Resources)*, 1(4): 394-398 (翟伟, 胡小荣, 周红立, 陶梅, 2010, 旱稻的抗旱性及遗传改良研究现状, 植物遗传资源学报, 11(4): 394-398)
- Zhang L.N., Cao G.L., and Han L.Z., 2010, Analysis of genetic gimilarity for upland landrace rices from different geographical origins in China, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 43(17): 3481-3488 (张立娜, 曹桂兰, 韩龙植, 2010, 中国不同地理来源旱稻地方品种的遗传相似性研究, 中国农业科学, 43(17): 3481-3488)
- Zhang Y.Y., Cao G.L., and Han L.Z., 2007, Analysis of relationships for *indica* local rice from different places of China, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 33(5): 757-762 (张媛媛, 曹桂兰, 韩龙植, 2007, 中国不同地理来源籼稻地方品种的亲缘关系研究, 作物学报, 33(5): 757-762)

表 1 中国旱稻地方品种亚种 SSR 位点遗传多态性

Table 1 Genetic polymorphism of SSR loci in *japonica* upland rice landraces of China

SSR 位点 SSR loci	染色体 Chr.	前引物(5'→3') Forward primer (5'→3')	后引物(5'→3') Reverse primer (5'→3')	检测到的等位基因数 Observed number of alleles ( <i>N<sub>a</sub></i> )	有效等位基因数 Effective number of alleles ( <i>N<sub>e</sub></i> )	香农指数 Shannon's information Index ( <i>I</i> )
RM5	1	TGCAACTTCTAGCTGCTCGA	GCATCCGATCTTGATGGG	9	4.793	1.826
RM29	1	TCTCTCCGGAGCCAAGGCGAGG	CGAGCCACGACGCGATGTACCC	5	3.109	1.313
RM220	1	GGAAGGTAAGTGTTC AAC	GAAATGCTTCCCACATGTCT	13	6.564	2.150
RM246	1	GAGCTCCATCAGCCATTCAG	CTGAGTGCTGCTGCGACT	10	3.832	1.675
RM302	1	TCATGTCATCTACCATCACAC	ATGGAGAAGATGGAATACTTGC	11	3.629	1.660
RM529	1	CCCTCCCTTCTGTAAGCTCC	GAAGAACAATGGGGTTCTGG	7	5.175	1.782
RM208	2	TCTGCAAGCCTTGCTGATG	TAAGTCGATCATTGTGTGGACC	7	4.420	1.651
RM211	2	CCGATCTCATCAACCAACTG	CTTCACGAGGATCTCAAAGG	5	1.380	0.445
RM213	2	ATCTGTTTGCAGGGGACAAG	AGGTCTAGACGATGTCGTGA	7	2.868	1.239
RM240	2	CCTTAATGGGTAGTGTGCAC	TGTAACCATTCCTTCCATCC	9	1.577	0.749
RM341	2	CAAGAAACCTCAATCCGAGC	CTCCTCCCGATCCCAATC	9	2.707	1.320
RM438	2	CTTATCCCCCGTCTCTCTC	CTCTCTGCCACCGATCCTAC	8	5.041	1.847
RM135	3	CTCTGTCTCCTCCCCGCGTCG	TCAGCTTCTGGCCGGCCTCCTC	7	3.132	1.253
RM232	3	CCGGTATCCTTCGATAATTGC	CCGACTTTTCCTCCTGACG	16	9.370	2.517
RM282	3	CTGTGTGCAAAGGCTGCAC	CAGTCCTGTGTTGCAGCAAG	4	1.467	0.534
RM411	3	ACACCAACTCTTGCCTGCAAT	TGAAGCAAAAACATGGCTAGG	5	1.810	0.825
RM442	3	CTTAAGCCGATGCATGAAGG	ATCCTATCGACGAATGCACC	6	2.725	1.201
RM523	3	AAGGCATTGCAGCTAGAAGC	GCACTTGGGAGGTTTGCTAG	5	3.566	1.395
RM119	4	CATCCCCCTGCTGCTGCTGCTG	CGCCGGATGTGTGGGACTAGCG	4	1.424	0.491
RM241	4	GAGCCAAATAAGATCGCTGA	TGCAAGCAGCAGATTTAGTG	16	8.257	2.442
RM280	4	ACACGATCCACTTTGCGC	TGTGTCTTGAGCAGCCAGG	6	1.433	0.550
RM471	4	ACGCACAAGCAGATGATGAG	GGGAGAAGACGAATGTTTGC	9	3.056	1.461
RM518	4	CTCTTCACTCACTCACCATGG	ATCCATCTGGAGCAAGCAAC	8	3.365	1.463
RM551	4	AGCCCAGACTAGCATGATTG	GAAGGCGAGAAGGATCACAG	13	4.375	1.982
RM178	5	TCGCGTGAAAGATAAGCGGCGC	GATCACCGTTCCTCCGCCTGC	3	1.483	0.479
RM305	5	TACTGCCAAAGGCGAGCTTC	GTGAGAGGCTACAGCTAACC	3	1.524	0.510
RM413	5	GGCGATTCTTGATGAAGAG	TCCCCACCAATCTTGTCTTC	8	2.023	1.106
RM509	5	TAGTGAGGGAGTGGAACCG	ATCGTCCCCACAATCTCATC	8	3.646	1.556

续表 1

Continuing table 1

SSR 位点 SSR loci	染色体 Chr.	前引物(5'→3') Forward primer (5'→3')	后引物(5'→3') Reverse primer (5'→3')	检测到的等位基因数 Observed number of alleles ( <i>N<sub>a</sub></i> )	有效等位基因数 Effective number of alleles ( <i>N<sub>e</sub></i> )	香农指数 Shannon's information Index ( <i>I</i> )
RM534	5	ACAAAACCAAGGGCCTAACC	CTTCGTGCGAGCCATCTC	4	1.716	0.663
RM574	5	GGCGAATTCTTTGCACTTGG	ACGGTTTGGTAGGGTGTAC	7	2.477	1.280
RM3	6	ACACTGTAGCGGCCACTG	CCTCCACTGCTCCACATCTT	9	2.762	1.415
RM30	6	GGTTAGGCATCGTCACGG	TCACCTCACCACACGACACG	6	1.651	0.761
RM345	6	ATTGGTAGCTCAATGCAAGC	GTGCAACAACCCACATG	5	3.354	1.346
RM412	6	CACTTGAGAAAGTTAGTGCAGC	CCCAAACACACCCAAATAC	14	7.164	2.271
RM454	6	CTCAAGCTTAGCTGCTGCTG	GTGATCAGTGCACCATAGCG	5	2.536	1.106
RM584	6	AGAAAGTGGATCAGGAAGGC	GATCCTGCAGGTAACCACAC	10	2.101	1.161
RM2	7	ACGTGTCACCGCTTCCTC	ATGTCCGGGATCTCATCG	6	1.692	0.809
RM11	7	TCTCTCTTCCCCGATC	ATAGCGGGCGAGGCTTAG	11	5.503	2.001
RM18	7	TTCCCTCTCATGAGCTCCAT	GAGTGCCTGGCGCTGTAC	9	4.856	1.880
RM125	7	ATCAGCAGCCATGGCAGCGACC	AGGGGATCATGTGCCGAAGGCC	4	1.679	0.673
RM234	7	ACAGTATCCAAGGCCCTGG	CACGTGAGACAAAGACGGAG	8	4.801	1.821
RM259	7	CGAGACGAGCATCGGATAAG	GATCTGGTGGAGGGGAGG	8	4.721	1.891
RM25	8	GGAAAAGAATGATCTTTTCATGG	CTACCATCAAACCAATGTTC	5	1.542	1.151
RM72	8	CCGGCGATAAAACAATGAG	GCATCGGTCCTAACTAAGGG	20	11.183	2.701
RM152	8	GAAACCACCACACCTCACCG	CCGTAGACCTTCTTGAAGTAG	5	1.545	0.643
RM407	8	GATTGAGGAGACGAGCCATC	CTTTTTCAGATCTGCGCTCC	7	2.798	1.363
RM447	8	CCCTTGTGCTGTCTCCTCTC	ACGGGCTTCTTCTCCTTCTC	6	1.670	0.803
RM531	8	GAAACATCCCATGTTCCAC	TCGGTTTTTCAGACTCGGTC	7	3.549	1.434
RM215	9	CAAAATGGAGCAGCAAGAGC	TGAGCACCTCCTTCTCTGTAG	8	4.496	1.701
RM219	9	CGTCGGATGATGTAAGCCT	CATATCGGCATTTCGCTG	15	5.320	2.021
RM242	9	GGCCAACGTGTGTATGCTTC	TATATGCCAAGACGGATGGG	10	3.832	1.675
RM278	9	GTAGTGAGCCTAACAATAATC	TCAAATCAGCATCTCTGTCC	11	5.695	2.011
RM316	9	CTAGTTGGGCATACGATGGC	ACGCTTATATGTTACGTCAAC	9	4.856	1.880
RM321	9	CCAACACTGCCACTCTGTTC	GAGGATGGACACCTTGATCG	3	1.501	0.493
RM147	10	TACGGCTTCGGCGGCTGATTCC	CCCCCGAATCCCATCGAAACCC	3	1.378	0.385
RM239	10	TACAAAATGCTGGGTACCCC	ACATATGGGACCCACCTGTC	5	3.249	1.299



续表 1

Continuing table 1

SSR 位点 SSR loci	染色体 Chr.	前引物(5'→3') Forward primer (5'→3')	后引物(5'→3') Reverse primer (5'→3')	检测到的等位基因数 Observed number of alleles ( <i>N<sub>a</sub></i> )	有效等位基因数 Effective number of alleles ( <i>N<sub>e</sub></i> )	香农指数 Shannon's information Index ( <i>I</i> )
RM244	10	CCGACTGTTTCGTCCTTATCA	CTGCTCTCGGGTGAACGT	6	3.347	1.392
RM258	10	TGCTGTATGTAGCTCGCACC	TGGCCTTTAAAGCTGTCGC	8	1.651	0.844
RM467	10	GGTCTCTCTCTCTCTCTCTCTC	CTCCTGACAATTCAACTGCG	10	5.636	2.018
RM590	10	CATCTCCGCTCTCCATGC	GGAGTTGGGGTCTTGTTTCG	5	1.692	0.721
RM21	11	ACAGTATTCCGTAGGCACGG	GCTCCATGAGGGTGGTAGAG	15	3.958	1.860
RM206	11	CCCATGCGTTTAACTATTCT	CGTTCCATCGATCCGTATGG	15	5.320	2.021
RM209	11	ATATGAGTTGCTGTCGTGCG	CAACTTGCATCCTCCCCTCC	11	1.866	1.101
RM224	11	ATCGATCGATCTTCACGAGG	TGCTATAAAAGGCATTCGGG	15	4.048	1.889
RM332	11	GCGAAGGCGAAGGTGAAG	CATGAGTGATCTCACTCACCC	6	1.992	1.006
RM536	11	TCTCTCCTCTTGTTTGGCTC	ACACACCAACACGACCACAC	6	1.854	0.944
RM12	12	TGCCCTGTTATTTTCTCTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTCA	7	1.613	0.773
RM17	12	TGCCCTGTTATTTTCTCTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTCA	6	1.670	0.803
RM19	12	CAAAAACAGAGCAGATGAC	CTCAAGATGGACGCCAAGA	6	1.692	0.809
RM277	12	CGGTCAAATCATCACCTGAC	CAAGGCTTGCAAGGGAAG	3	1.778	0.653
RM309	12	GTAGATCACGCACCTTTCTGG	AGAAGGCTCCGGTGAAG	7	2.230	1.153
RM453	12	CGCATCTCTCTCCCTTATCG	CTCTCCTCCTCGTTGTCGTC	6	3.960	1.490
均值 Mean				7.958	3.357	1.327