

## 研究报告

### A Letter

# 中国旱稻籼亚种的遗传多样性及其遗传结构

刘雪梅<sup>✉</sup>, 高东<sup>✉</sup>, 安凤明<sup>✉</sup>, 彭燕<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 21 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0021

收稿日期: 2012 年 04 月 02 日

接受日期: 2012 年 04 月 18 日

发表日期: 2012 年 05 月 15 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。

建议最佳引用格式:

引用格式(中文):

刘雪梅等, 2012, 中国旱稻籼亚种的遗传多样性及其遗传结构, 分子植物育种(online) Vol.10 No.21 pp.1151-1156 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0021)

引用格式(英文):

Liu et al., 2012, Genetic Diversity and Structure in *indica* Upland Rice in China, Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding) Vol.10 No.21 pp.1151-1156 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0021)

**摘要** 旱稻具有耐旱、耐贫瘠、适应性广等特点, 是稻作育种中的一种特殊的遗传资源。为了更好地利用旱稻种质资源指导稻作育种, 本研究利用 72 对 SSR 引物对来自中国 11 个省份的 105 份籼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。结果表明, 共检测到 551 个等位变异, 平均每对引物检测到 7.653 个, 等位变异范围 3~16; 平均有效等位基因座数为 3.589 个, 变幅为 1.542~7.979; 平均 Shannon 指数为 1.438, 变幅为 0.671~2.364。Shannon 多样性指数以贵州最高, 广西、海南和云南次之。基于 72 对 SSR 引物的系统聚类不能较好地区分我国籼型旱稻地方品种的地理来源, 省份间地理位置距离与其籼型旱稻地方品种间遗传距离不完全一致。

**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 *indica* Upland Rice in China

Liu Xuemei<sup>✉</sup>, Gao Dong<sup>✉</sup>, An Fengming<sup>✉</sup>, Peng Yan<sup>✉</sup>, He Xiaohong<sup>✉</sup>

The National Center for Agricultural Biodiversity, Key Laboratory of Ministry of Education for Agricultural Biodiversity and Plant Disease Control, Yunnan Agricultural University, Kunming, 650201

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

**Abstract** Upland rice is drought tolerant, barren resistant, and widely adaptable, and it is a special genetic resource for rice breeding. In order to make better use of upland rice resources for rice breeding, the polymorphism of SSR markers, genetic distance and clusters of 105 *indica* upland rice germplasms from 11 provinces of China were analyzed with 72 pairs of SSR markers. A total of 551 alleles were detected, and the mean alleles per pair of primers are 7.653 ranging from 3 to 16. The average effective alleles per locus are 3.589 ranging from 1.542 to 7.979, and the average Shannon's information index is 1.438 ranging from 0.671 to 2.364 per locus. Regarding geographical regions, the Shannon's information index of upland rice in Guizhou is highest, and the following are that of Guangxi, Hainan and Yunan. Based on Nei's genetic distance using data of 72 SSR markers, not as *japonica* upland rice germplasms, 105 *indica* upland rice germplasm could not be distinguished into groups according to geographical regions. The geographical distances among the provinces are not completely consistent with the genetic distances among *indica* upland rice germplasms.

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

## 研究背景

在遗传理论和育种实践的指导下, 近代作物育种取得了显著成就, 不仅育种上取得重大突破, 而且选育出一系列突破性品种, 这些均得益于关键性优异种质资源的发现与利用。如“绿色革命”得益于籼稻矮源矮脚乌尖(Sasaki et al., 2002)、小麦矮源农林 10 号(Peng et al., 1999)等; 双低油菜新品种选育得益于油菜

品种 Liho (Stefansson et al., 1961)、Bronowski (Abadi and Leckband, 2011); 美国大豆生产得益于北京小黑豆(Hartwig, 1981); 我国水稻的矮秆育种得益于矮源矮脚南特和矮子粘(潘家驹, 1994); 国内外杂交油菜的发展得益于 Polima 雄性不育细胞质; 小麦抗锈育种得益于小麦 IBL/1RS 易位系(Rabinovich, 1998); 玉米和大麦营养品质的遗传改良得益于玉米高赖氨酸突

变体 Opaque-2 (Yau et al., 1999) 和高蛋白、赖氨酸大麦 Hiprolys (潘家驹, 1994)。事实说明, 特异种质资源是育种目标得以实现的关键。

经过长期人工驯化, 近代遗传育种和集约化种植, 栽培稻遗传基础越来越狭窄, 对不良环境因子和病虫害有益的一些稀有等位基因缺失(高东等, 2010; 江云珠等, 2010)。有研究表明从 20 世纪 50 年代起水稻选育品种的遗传多样性一直呈下降趋势(华蕾等, 2007), 系谱显示大面积推广的品种均来自于矮仔占、南特号、农垦 58 和银坊主等少数品种(魏兴华等, 2010), 其在同工酶上的等位基因数仅为地方品种的 73.1%, 58.3% 的位点上都丢失了数目不等的等位基因(魏兴华等, 2003)。水稻育成品种狭窄的遗传背景已成为育种改良的瓶颈。旱稻(Upland Rice)是栽培稻四种生态型之一(王英等, 2011), 具有耐旱、耐贫瘠、适应性广等特点, 是稻作育种中的一种特殊的遗传资源(翟伟等, 2010)。我国旱稻种质资源丰富, 有效利用不足。已报道旱稻种质 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) 的研究存在供试材料偏少、区域性代表性较差等不足。本研究利用 72 对 SSR 引物对来自中国 11 个省份的 105 份籼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中的有效利用提供依据。

## 1 结果分析

### 1.1 微卫星位点多态性

表 1 显示, 我国籼型旱稻地方种质资源具有丰富的微卫星位点多态性, 供试 72 对具多态的 SSR 引物共检测到 551 个等位变异, 且不同 SSR 位点变异较大, 每一位点等位基因数变幅为 3~16, 平均每对引物检测到 7.653 个, 平均有效等位基因座数为 3.589 个。11 染色体上等位变异最多(RM206,  $N_a=15$ ; RM224,  $N_a=13$ ; RM209,  $N_a=11$ ; RM21,  $N_a=10$ ), 其次 4 号染色体也有较多的等位变异, 3 和 5 号染色体的等位变异较弱。等位变异  $\geq 15$  的位点有 4 个;  $10 \leq$  等位变异  $< 15$  的位点共有 16 个;  $5 \leq$  等位变异  $< 10$  的位点有 43 个; 等位变异  $< 5$  的位点仅有 9 个。RM3 位点有效等位变异最高( $N_e=7.979$ ), RM25 位点有效等位变异最低( $N_e=1.542$ )。Shannon 多样性指数 RM3 位点最高( $I=2.364$ ), RM277 位点最低( $I=0.671$ ), 平均为 1.438。

表 2 结果显示, 我国 11 个省或地区籼型旱稻

地方种质资源等位变异分布不均, 贵州、广西、云南、海南和台湾省等位变异较高, 分别为 250、247、220、204 和 182 个; 湖北旱稻地方种质资源等位变异最低。上述 5 省旱稻地方种质资源的有效等位变异也较高, 次序一致, 贵州(194.014) > 广西(173.173) > 云南(169.305) > 海南(165.551) > 台湾(161.386)。Shannon 多样性指数具有类似结果, 次序稍有变动, 贵州(1.039) > 广西(0.969) > 海南(0.879) > 云南(0.849) > 台湾(0.825)。

### 1.2 聚类分析与遗传结构

来自 11 个省的籼型旱稻地方品种间 Nei 遗传距离范围在 0.133~0.465 之间, 表明 11 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), 结果显示云南和贵州及广西间的旱稻种质遗传距离最近( $GD=0.133, 0.139$ ); 其次依次为浙江和湖南间( $GD=0.188$ ), 江苏和湖北间( $GD=0.203$ )。在 Nei 遗传距离为 0.303 处可划分为 3 类: (江苏 U 湖北) U 福建; ((浙江 U 湖南) U 海南) U 广东; ((云南 U 贵州) U 广西) U 台湾。

## 2 讨论

### 2.1 旱稻籼亚种的 SSR 位点遗传多样性

王一平等(2007)研究了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 144 份旱稻品种, 38 对 SSR 标记检测到平均等位基因数为 3.6; 杨志奇(2008)研究了中国 328 份粳稻地方品种, 72 对 SSR 引物检测到平均等位基因数为 9.72; 张立娜等(2010)研究了中国 158 份旱稻地方品种, 39 对 SSR 引物检测到平均等位基因数为 7.90。本研究利用 72 对 SSR 引物对中国 105 份旱稻地方品种籼亚种的研究表明, 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)、张立娜等(2010)和杨志奇等(2008)的研究结果, 究其原因可能是所选用的多态性引物多, 试验材料的种质类型及来源不同。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, RM219、RM241、RM3、RM206、RM72、RM232、RM224、RM302、RM551、RM413、RM11 和 RM209 等标记表现为较高的等位变异, 是分析籼型旱稻资源遗传多样性的理想引物。



表 2 不同地区组早稻地方品种籼亚种 SSR 位点遗传多态性

Table 2 Genetic polymorphism of SSR loci in *indica* upland rice landraces among 11 geographical regions of China

省份 Province	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> )
贵州 Guizhou	250	194.014	1.039
广西 Guangxi	247	173.173	0.969
云南 Yunnan	220	169.305	0.849
海南 Hainan	204	165.551	0.879
台湾 Taiwan	182	161.386	0.825
福建 Fujian	181	136.134	0.706
湖南 Hunan	175	158.992	0.798
浙江 Zhejiang	164	145.013	0.742
广东 Guangdong	140	128.632	0.565
江苏 Jiangsu	129	109.872	0.427
湖北 Hubei	101	98.405	0.306
	181.182	149.134	0.737

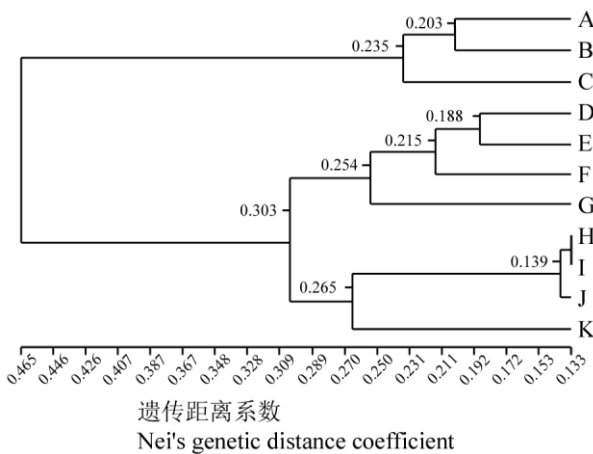


图 1 中国 11 地区早稻地方品种籼亚种聚类图  
 注: A: 江苏; B: 湖北; C: 福建; D: 浙江; E: 湖南; F: 海南;  
 G: 广东; H: 贵州; I: 云南; J: 广西; K: 台湾  
 Figure 1 Dendrogram of the *indica* upland rice landraces from 11 geographical regions, China  
 Note: A: Jiangsu; B: Hubei; C: Fujian; D: Zhejiang; E: Hunan; F: Hainan; G: Guangdong; H: Guizhou; I: Yunnan; J: Guangxi; K: Taiwan

## 2.2 早稻籼亚种的遗传结构

张媛媛等(2007; 2011)用 61 和 78 对 SSR 引物

分别对原产于中国 14 个省的 440 份和 280 份籼稻地方品种进行了遗传多样性分析, 发现遗传距离变异范围约为 0.071~0.408 和 0.113~0.341。张立娜等(2010)研究表明, 中国 11 个省份或地区籼型早稻地方品种距离变异范围为 0.104 1~0.599 3。本研究表明, 中国 11 个省份或地区早稻地方品种籼亚种间的遗传一致性为 0.133~0.465。上述研究的材料和引物不尽相同, 结果也不尽相同, 表明中国不同省份或地区的不同稻种类型不同 SSR 位点的遗传多样性和遗传结构不尽相同。

Nybom (2004)研究表明, 抽样群体间地理距离和 SSR 遗传距离相关。张媛媛等(2007; 2011), 张立娜等(2010)和杨志奇(2008)的研究结果均基本支持这一观点。本研究基于遗传距离的聚类结果表明, 中国 11 个省份或地区早稻地方品种籼亚种抽样群体间地理距离和 SSR 遗传距离的相关性不如籼亚种明晰, 结果暗示, 早稻地方品种籼亚种地理隔离现象不明显。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。我国早稻地方品种籼亚种地理隔离现象淡化的原因有待研究。

### 3 材料与amp;方法

#### 3.1 材料

供试材料来自课题组构建的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 105 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, 江苏、湖南、湖北、福建、浙江和台湾各 4 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)。取 10 个单株代表每份材料, 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 预变性 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。采用 6% 聚丙烯酰胺变性凝胶电泳及银染法检测扩增结果(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, 刘雪梅, 安凤明, 彭燕负责试验设计、试验研究的执行和论文初稿的写作; 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, *Eur. J Lipid Sci. Tech.*, 113(10): 1198-1206  
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)

Gao D., Mao R.Z., and Zhu Y.Y., 2010, Comparative analysis of intra-variety heterogeneity between rice landraces and improved varieties, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 8(3): 432-438 (高东, 毛如志, 朱有勇, 2010, 水稻地方品种与改良品种内部遗传异质性的比较分析, *分子植物育种*, 8(3): 432-438)

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, 西双版纳社区旱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)

Nyblom 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 multi-variate 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
- 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: 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.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, 袁宗恩, 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)
- 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)
- 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, 贵州旱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, 贵州旱稻种质资源的 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 Yichuan Ziyuan 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 similarity 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)
- Zhang Y.Y., Shu A.P., Zhang L.N., Cao G.L., and Han L.Z., 2011, Analysis of genetic structure for *Indica* rice landraces from different provinces in China, Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica), 37(12): 2173-2178 (张媛媛, 束爱萍, 张立娜, 曹桂兰, 韩龙植, 2011, 中国不同省份籼稻地方品种的遗传结构分析, 作物学报, 37(12): 2173-2178)

表 1 中国旱稻地方品种籼亚种 SSR 位点遗传多态性

Table 1 Genetic polymorphism of SSR loci in *indica* upland rice landraces in 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	10	4.746	1.841
RM29	1	TCTCTCCGGAGCCAAGGCGAGG	CGAGCCACGACGCGATGTACCC	4	2.235	0.938
RM220	1	GGAAGGTAAGTGTTC AAC	GAAATGCTTCCCACATGTCT	10	3.561	1.678
RM246	1	GAGCTCCATCAGCCATT CAG	CTGAGTGCTGCTGCGACT	9	4.783	1.786
RM302	1	TCATGTCATCTACCATCACAC	ATGGAGAAGATGGAATACTTGC	11	7.422	2.221
RM529	1	CCCTCCCTTCTGTAAGCTCC	GAAGAACAATGGGGTTCTGG	6	2.599	1.143
RM208	2	TCTGCAAGCCTTGTCTGATG	TAAGTCGATCATTGTGTGGACC	7	4.421	1.651
RM211	2	CCGATCTCATCAACCAACTG	CTTCACGAGGATCTCAAAGG	7	2.182	1.047
RM213	2	ATCTGTTTGCAGGGGACAAG	AGGTCTAGACGATGTCGTGA	6	3.186	1.412
RM240	2	CCTTAATGGGTAGTGTGCAC	TGTAACCATTCCTCCATCC	9	3.650	1.577
RM341	2	CAAGAAACCTCAATCCGAGC	CTCCTCCCGATCCCAATC	10	5.179	1.964
RM438	2	CTTATCCCCCGTCTCTCTC	CTCTCTGCCACCGATCCTAC	8	3.901	1.683
RM135	3	CTCTGTCTCCTCCCCCGCTCG	TCAGCTTCTGGCCGGCCTCCTC	5	2.762	1.205
RM232	3	CCGGTATCCTTCGATATTGC	CCGACTTTTCCTCCTGACG	13	6.452	2.222
RM282	3	CTGTGTCGAAAGGCTGCAC	CAGTCCTGTGTTGCAGCAAG	5	3.605	1.393
RM411	3	ACACCAACTCTTGCCTGCAT	TGAAGCAAAAACATGGCTAGG	5	2.498	1.081
RM442	3	CTTAAGCCGATGCATGAAGG	ATCCTATCGACGAATGCACC	6	2.534	1.127
RM523	3	AAGGCATTGCAGCTAGAAGC	GCACTTGGGAGGTTTGCTAG	5	2.020	0.941
RM119	4	CATCCCCCTGCTGCTGCTGCTG	CGCCGGATGTGTGGGACTAGCG	5	2.671	1.170
RM241	4	GAGCCAAATAAGATCGCTGA	TGCAAGCAGCAGATTTAGTG	15	7.896	2.356
RM280	4	ACACGATCCACTTTGCGC	TGTGTCTTGAGCAGCCAGG	9	3.736	1.633
RM471	4	ACGCACAAGCAGATGATGAG	GGGAGAAGACGAATGTTTGC	10	4.463	1.833
RM518	4	CTCTTCACTCACTACCATGG	ATCCATCTGGAGCAAGCAAC	10	5.067	1.844
RM551	4	AGCCCAGACTAGCATGATTG	GAAGGCGAGAAGGATCACAG	12	5.826	2.095
RM178	5	TCGCGTGAAAGATAAGCGGCGC	GATCACCGTTCCCTCCGCCTGC	4	2.016	0.824
RM305	5	TACTGCCAAAGGCGAGCTTC	GTGAGAGGCTACAGCTAACC	3	2.058	0.754
RM413	5	GGCGATTCTTGGATGAAGAG	TCCCCACCAATCTTGTCTTC	11	3.762	1.647
RM509	5	TAGTGAGGGAGTGGAACGG	ATCGTCCCCACAATCTCATC	6	1.997	0.976
RM534	5	ACAAAACCAAGGGCCTAACC	CTTCGTGCGAGCCATCTC	3	1.901	0.702

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> )
RM574	5	GGCGAATCTTTGCACTTGG	ACGGTTTGGTAGGGTGTAC	7	2.778	1.305
RM3	6	ACACTGTAGCGGCCACTG	CCTCCACTGCTCCACATCTT	15	7.979	2.364
RM30	6	GGTTAGGCATCGTCACGG	TCACCTCACCACACGACACG	5	3.075	1.224
RM345	6	ATTGGTAGCTCAATGCAAGC	GTGCAACAACCCACATG	5	1.871	0.860
RM412	6	CAC TTGAGAAAGTTAGTGCAGC	CCCAAACACACCCAAATAC	8	2.413	1.302
RM454	6	CTCAAGCTTAGCTGCTGCTG	GTGATCAGTGACCATAGCG	6	2.226	1.071
RM584	6	AGAAAGTGGATCAGGAAGGC	GATCCTGCAGGTAACCACAC	7	4.117	1.597
RM2	7	ACGTGTCACCGTTCCTC	ATGTCCGGGATCTCATCG	7	4.420	1.651
RM11	7	TCTCCTCTTCCCCGATC	ATAGCGGGCGAGGCTTAG	11	5.503	2.001
RM18	7	TTCCCTCTCATGAGCTCCAT	GAGTGCCTGGCGCTGTAC	8	4.346	1.729
RM125	7	ATCAGCAGCCATGGCAGCGACC	AGGGGATCATGTGCCGAAGGCC	4	2.048	0.833
RM234	7	ACAGTATCCAAGGCCCTGG	CACGTGAGACAAAGACGGAG	8	4.801	1.821
RM455	7	CGAGACGAGCATCGGATAAG	GATCTGGTGGAGGGGAGG	3	2.051	0.752
RM25	8	GGAAAGAATGATCTTTTCATGG	CTACCATCAAACCAATGTTC	5	1.542	1.151
RM72	8	CCGGCGATAAAACAATGAG	GCATCGGTCTTAECTAAGGG	14	5.180	2.006
RM152	8	GAAACCACCACACCTCACCG	CCGTAGACCTTCTTGAAGTAG	7	3.232	1.427
RM407	8	GATTGAGGAGACGAGCCATC	CTTTTTCAGATCTGCGCTCC	7	3.615	1.458
RM447	8	CCCTTGCTGTCTCCTCTC	ACGGGCTTCTTCTCCTTCTC	7	3.740	1.548
RM531	8	GAAACATCCCATGTTCCAC	TCGGTTTTTCAGACTCGGTC	5	1.961	0.983
RM215	9	CAAAATGGAGCAGCAAGAGC	TGAGCACCTCCTTCTCTGTAG	8	3.516	1.520
RM219	9	CGTCGGATGATGTAAAGCCT	CATATCGGCATTGCGCTG	16	7.379	2.347
RM242	9	GGCCAACGTGTGTATGCTTC	TATATGCCAAGACGGATGGG	10	3.832	1.675
RM278	9	GTAGTGAGCCTAAACAATAATC	TCAACTCAGCATCTCTGTCC	8	4.115	1.646
RM316	9	CTAGTTGGGCATACGATGGC	ACGCTTATATGTTACGTCAAC	9	4.856	1.880
RM321	9	CCAACACTGCCACTCTGTTC	GAGGATGGACACCTTGATCG	3	2.021	0.743
RM147	10	TACGGCTTCGGCGGCTGATTCC	CCCCCGAATCCCATCGAAACCC	3	2.176	0.787
RM239	10	TACAAAATGCTGGGTACCCC	ACATATGGGACCCACCTGTC	5	2.837	1.260
RM244	10	CCGACTGTTCGTCTTATCA	CTGCTCTCGGGTGAACGT	5	2.865	1.214
RM258	10	TGCTGTATGTAGCTCGCACC	TGGCCTTTAAAGCTGTCCG	8	4.126	1.633



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> )
RM467	10	GGTCTCTCTCTCTCTCTCTCTC	CTCCTGACAATTCAACTGCG	10	4.105	1.699
RM590	10	CATCTCCGCTCTCCATGC	GGAGTTGGGGTCTTGTTTCG	6	2.343	1.068
RM21	11	ACAGTATTCCGTAGGCACGG	GCTCCATGAGGGTGGTAGAG	10	2.050	1.212
RM206	11	CCCATGCGTTTAACTATTCT	CGTTCCATCGATCCGTATGG	15	5.320	2.021
RM209	11	ATATGAGTTGCTGTCGTGCG	CAACTTGCATCCTCCCCTCC	11	4.057	1.799
RM224	11	ATCGATCGATCTTACGAGG	TGCTATAAAAGGCATTCGGG	13	6.802	2.264
RM332	11	GCGAAGGCGAAGGTGAAG	CATGAGTGATCTCACTCACCC	6	2.843	1.282
RM536	11	TCTCTCCTCTTGTTTGGCTC	ACACACCAACACGACCACAC	6	3.562	1.408
RM12	12	TGCCCTGTTATTTTCTTCTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTTCA	7	2.466	1.250
RM17	12	TGCCCTGTTATTTTCTTCTCTC	GGTGATCCTTTCCCATTTCA	6	1.670	0.803
RM19	12	CAAAAACAGAGCAGATGAC	CTCAAGATGGACGCCAAGA	6	1.692	0.809
RM277	12	CGGTCAAATCATCACCTGAC	CAAGGCTTGCAAGGGAAG	3	1.821	0.671
RM309	12	GTAGATCACGCACCTTTCTGG	AGAAGGCCTCCGGTGAAG	8	2.809	1.397
RM453	12	CGCATCTCTCTCCCTTATCG	CTCTCCTCCTCGTTGTCTGTC	6	3.124	1.313
				7.653	3.589	1.438