

太湖稻区及国内部分香稻 SSR 指纹图谱构建 及遗传多样性初析

朱勇良¹, 谢裕林¹, 黄凌哲², 吴建祥², 乔中英¹, 王建平¹, 黄 萌¹, 陈培峰¹

(¹江苏太湖地区农业科学研究所 苏州 215155; ²浙江大学生物技术研究所/国家水稻重点实验室 杭州 310029)

摘要:以太湖稻区和国内其他地区的 39 个香稻品种, 以及籼型恢复系 2 个对照品种为研究材料, 利用 SSR 分子标记进行 DNA 指纹图谱构建和遗传多样性分析。从 40 对国标中公布的水稻 SSR 引物中筛选出 13 对核心引物, 在 41 个水稻品种中共检测到 36 个多态性片段。据此建立 41 个水稻品种的 DNA 指纹图谱, 进行聚类分析, 发现供试 41 个品种的遗传相似系数在 0.58 以上, 而供试香稻品种的遗传相似系数在 0.64 以上, 基本反映了不同品种间的亲缘关系。

关键词: 香稻; 微卫星; DNA 指纹图谱; 遗传多样性

Establishment of SSR Fingerprint Map and Preliminary Analysis of Genetic Diversity among Aromatic Rice from Taihu and other Areas in China

ZHU Yong-liang¹, XIE Yu-lin¹, HUANG Ling-zhe², WU Jian-xiang²,
QIAO Zhong-ying¹, WANG Jian-ping¹, HUANG Meng¹, CHEN Pen-feng¹

(¹ Institute of Agricultural Sciences of Suzhou, Suzhou 215155; ² State Key Laboratory of Rice Biology/
Institute of Biotechnology Zhejiang University Hangzhou 310029)

Abstract: 41 rice lines, including 39 aromatic rice lines and 2 indica rice restorer lines were analyzed by using 13 simple sequence repeats (SSR) primer pairs selected from 40 SSR of National Standard primer pairs that disperse on 12 chromosomes in rice. A total of 36 polymorphic bands were detected among 41 lines. Cluster analysis showed that genetics similarities among the 41 lines were above 0.58, while the genetics similarities among the aromatic rice lines were above 0.64. As expected, the result of cluster reflected basically the genetic relatives based on the pedigree analysis.

Key words: Aromatic rice; SSR; DNA fingerprint map; Genetics similarities

简单序列重复 (Simple Sequence Repeats, SSR) 又叫微卫星 DNA 标记, 随机分布于整个水稻基因组, 具有高丰度, 在不同品种中变异度高, 是一种共显性标记^[1]。其重复次数的不同产生了等位基因之间的多态性, 据此来建立水稻的 DNA 指纹图谱, 具有多态性高、重复性好、不受环境因素和生长发育期影响等优点。随着水稻基因组计划的顺利实施及水稻基因组序列测序工作的完成, 水稻 SSR 标记的密度不断提高^[2-5], 被广泛应用于遗传图谱构建和

基因定位、种质资源保存和利用及遗传多样性分析、杂种优势遗传基础和预测、品种鉴定和分子标记辅助选择等方面^[6-9]。

中国是世界水稻生产和消费大国, 随着生活水平的不断提高, 人们对生活品质的要求也越来越高, 优质香米的消费需求量也越来越大, 因此育种家也越来越重视优质香稻的研究及选育与开发。了解香稻种质资源的农艺性状、遗传背景、遗传差异, 充分发掘和利用丰富的香稻种质

收稿日期: 2011-09-10

基金项目: 苏州市基础应用(编号 YJG0902); 江苏省自然科学基金项目(BK2010207)

作者简介: 朱勇良, 副研究员, 水稻遗传育种和栽培。E-mail: zhsyl@126.com

资源 ,加快育种进程 ,已成为优质香稻育种过程中一项十分重要的工作。虽然国内和国外保存有大量的香稻种质 ,但针对香稻 SSR 分子标记的遗传多样性分析 ,特别是结合地方特色香稻种质的创新应用研究报道不多。本研究以 39 个香稻品种和 2 个非香稻品种为研究材料 ,从 40 个覆盖 12 条染色体的水稻 SSR 标记中筛选出 13 个核心 SSR 标记 ,构建了 DNA 指纹图谱 ,为太湖

流域香稻种质的评价和利用 ,以及为选育适应太湖稻区的香稻新品种提供科学指导。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选取有代表性的太湖稻区香稻和国内引进香稻共 39 个品种 ,以及籼型恢复系 2 个品种种植于江苏太湖地区农科所实验农场(表 1)。

表 1 试验材料
Table 1 Materials

品种编号 Code	品种名称 Name	来源 Source	品种编号 Code	品种名称 Name	来源 Source
DR13	镇恢 084	镇江市农科所	DC324	香稻	太湖地区农科所
DR46	扬稻 6 号	扬州市农科院	DC325	武育粳 20 号	常州市武进区农科所
DP63	南粳 46	江苏省农科院	DC326	香稻 2260	太湖地区农科所
DC286	楚香 1 号	云南农业大学	DC327	航香 18	浙江省农科院
DC288	滇昆香 1 号	云南农业大学	DC328	香水 09	太湖地区农科所
DC289	大里香谷	云南农业大学	DC329	99-98	常州市武进区农科所
DC292	大香谷	云南农业大学	DC330	香稻 103	太湖地区农科所
DC296	D05-457	常熟市农科所	DC331	香粳 9407	山东省水稻研究所
DC297	D05-517	常熟市农科所	DC332	太湖粳 6 号	苏州市农科院
DC298	大华香粳	江苏大华种业	DC334	苏香粳 1 号	苏州市农科院
DC309	锡香 1	无锡市农博园	DC335	香粳 2402	太湖地区农科所
DC310	锡香 2	无锡市农博园	DC336	宜香 1 号	宜宾市农科所
DC313	扬粳 4038	扬州市农科院	DC339	香粳 6125	太湖地区农科所
DC314	武香粳 14	常州市武进区农科所	DC341	香血粳	苏州市农科院
DC315	银玉 2084	上海市农科院	DC343	江阴 99-2	江阴市农试站
DC317	澄糯 218	江阴市农试站	DC346	武香 075	常州市武进区农科所
DC318	扬粳糯 1 号	扬州市农科院	DC347	扬香粳 31	扬州市农科院
DC319	扬辐粳 8 号	扬州市农科院	DC349	苏香粳 2 号	苏州市农科院
DC320	淮稻 10 号	淮阴市农科院	DC350	苏御糯	苏州市农科院
DC321	松粳 9 号	黑龙江五常市农科所	DC353	苏 9906	苏州市农科院
DC323	绥粳 4 号	黑龙江绥化农科所			

1.2 水稻叶片 DNA 提取

摘取 3 叶期水稻叶片 ,用 CTAB 法提取 DNA , -20℃ 保存备用。

1.3 SSR - PCR 扩增

SSR - PCR 反应体系为 25μl ,包括成分为: 10 × 缓冲液 2.5μl ,10mM dNTP 0.5μl ,Taqplus DNA 聚合酶 1.25U ,10μM 上、下游引物各 0.5μl ,模板 DNA 1μl。PCR 反应程序为: 94℃ 预变性 4min; 94℃ 变性 45s ,55℃ (部分标记为 50℃) 退火 45s ,72℃ 延伸

45s ,35 个循环; 72℃ 延伸 10min; 4℃ 保存。

1.4 电泳检测

PCR 扩增产物于 2% 琼脂糖凝胶电泳 ,EB 染色后在紫外灯下观察拍照。

1.5 SSR 标记的筛选

选择已经公布的水稻 SSR 标记 40 个 ,检测后去掉无扩增条带、杂带多以及条带不清晰的标记 ,剩下 13 个作为构建指纹图谱的核心标记(表 2 ,信息来自 <http://www.gramene.org>)。

1.6 数据分析

根据 PCR 产物的电泳结果,将每个品种在电泳图上清晰且可重复出现的条带记为 1,同一位置无带记为 0,建立原始矩阵。利用 NTSYS 2.1 中的 Qualitative date 统计分析软件计算任意两个品种间的遗传相似系数(GS),其计算公式为 $GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$,其中 N_{ij} 为材料 i 和 j 共有的扩增片段总数, N_i 为材料 i 中出现的扩增片段数目, N_j 为材料 j 中出现的扩增片段数目。根据 GS 数据按非加权类平均法(Un-weight Pair-group Method using Arithmetic Averages,UPGMA)进行遗传相似性聚类分析,绘制亲缘关系树状图。

2 结果与分析

2.1 SSR 多态性分析

从 40 对已经公布的水稻 SSR 引物中筛选出的 13 对核心引物,在 41 份样品中共扩增到 36 个多态性片段,平均每对引物能扩增到 2.77 个多态性片段,具有良好的多态性(表 2)。其中 RM128 和 RM513 检测到 1 个多态性片段, RM284、RM1375、RM3204、RM3533 和 RM5603 检测到 2 个多态性片段, RM3475、RM2855 检测到 3 个多态性片段,

表 2 13 个水稻 SSR 标记的基本信息

Table 2 The marker data of the thirteen selected SSR markers

核心标记 Core marker	染色体 Chr.	重复基序 Repeat motifs	多态性片段数 No. of alleles
RM128	1	(GAA) 9	1
RM284	8	(GA) 8	2
RM513	1	(TC) 11	1
RM1375	10	(AG) 31	2
RM2855	9	(AT) 37	3
RM3204	3	(CT) 12	2
RM3475	1	(CT) 22	3
RM3513	4	(CT) 28	4
RM3533	9	(GA) 12	2
RM5603	7	(AAG) 8	2
RM6920	1	(TTA) 19	4
RM20095	6	(AT) 35	5
RM23736	9	(AT) 44	4

RM3513、RM6920(图 1)和 RM23736 检测到 4 个多态性片段, RM20095 检测到 5 个多态性片段。表明 13 对引物在供试材料中表现出较好的多态性。

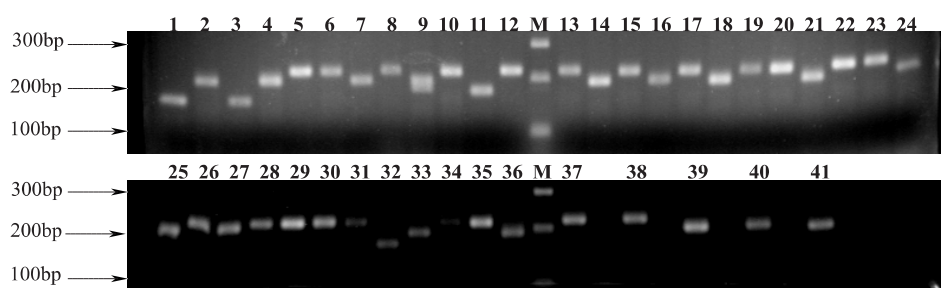


图 1 核心引物 RM6920 的 PCR 扩增多态性

Fig. 1 The PCR amplified polymorphic of core primers RM6920

M 为 DNA marker,自上而下分别为 300bp、200bp 和 100bp。1~41 泳道分别为 41 个水稻品种 DNA 在 RM6920 扩增下的多态性条带
M, DNA marker, the size is 100bp, 200bp and 300 bp. Lane 1 to lane 41, denote the RM6920 PCR products of the 41 cultivars and germplasm

2.2 DNA 指纹图谱的建立

根据 13 对核心引物扩增结果的电泳图,在相同的迁移位置上,以 1.0 的方式记录多态性片段的有无,构建了 41 个水稻品种的 DNA 指纹图谱(表 3、表 4)。

2.3 聚类分析

根据 13 对核心引物所检测出的 36 个多态性片段,对 41 个水稻品种进行聚类分析(图 2)。这 41 个水稻品种遗传相似系数的变异范围为

0.58~1.0,其中 2 个非香稻品种镇恢 084 和扬稻 6 号与其他香稻品种之间的遗传相似系数只有 0.58;而香稻品种之间的遗传相似系数都在 0.64 以上,说明香稻品种间的亲缘关系较非香稻品种近。在遗传相似系数 0.7 处可以将 41 个品种分为 4 个类群,第 I 类群包括镇恢 084 和扬稻 6 号两个非香稻品种;第 III 类群只有香稻 103 一个品种;第 IV 类群只有香粳 6125 一个品种;第 II 类群包括剩下的 37 个香稻品种。

表 3 13 对核心引物扩增的 41 个水稻品种 SSR 多态性片段矩阵

Table 3 The core thirteen SSR marker polymorphism matrix of 41 rice materials

品种编号	RM128	RM284		RM513	RM1375		RM2855				RM3204		RM3475			RM3513			
Code	a1	b1	b2	c1	d1	d2	e1	e2	e3	e4	f1	f2	g1	g2	g3	h1	h2	h3	h4
DR13	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1
DC292	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
DR46	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1
DC296	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
DP63	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC297	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
DC286	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
DC298	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC288	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC309	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0
DC289	0	0	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC310	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC313	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC320	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC314	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC321	1	0	1	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC315	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC323	1	0	1	1	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
DC317	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC324	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0	0
DC318	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0
DC325	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC319	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC326	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
DC327	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC334	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
DC328	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC335	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC329	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC336	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC330	1	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
DC339	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0
DC331	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC341	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
DC332	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
DC343	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0
DC346	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC347	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
DC349	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
DC350	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0
DC353	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	0

在遗传相似系数 0.7 处可以将第 II 类群进一步分为 5 个亚群,其中 A 亚群包括大香谷、香稻 2260、江阴 99-2、苏香粳 1 号、香粳 2402、楚香 1 号、扬粳糯 1 号、淮稻 10 号和香粳 9407 共 9 个品种; C 亚群包括滇昆香 1 号和大里香谷 2 个品种; D 亚群只有绥粳 4 号 1 个品种; E 亚群包括松粳 9 号和苏御糯 2 个品种; B 亚群包括剩下的 23 个品种。

3 讨论

近年来,越来越多的稻米消费者渐渐趋向于选择食用香米,各种香米的国际市场价格远高于普通的稻米。因此,人们对香稻的研究也越来越感兴趣。高产优质、抗病的香稻品种培育和香稻种质的研究很受重视。SSR 分子标记聚类的标记性状数目不受限制,不受生长发育时期和环境的影响,具有简单、

表 4 13 对核心引物扩增的 41 个水稻品种 SSR 多态性片段矩阵

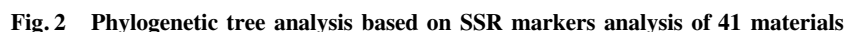
Table 4 The core thirteen SSR marker polymorphism matrix of 41 rice materials

品种编号	RM3533		RM5603		RM6920				RM20095					RM23736			
Code	i1	i2	j1	j2	k1	k2	k3	k4	l1	l2	l3	l4	l5	m1	m2	m3	m4
DR13	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
DC292	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DR46	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	0
DC296	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DP63	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
DC297	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DC286	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DC298	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC288	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
DC309	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0
DC289	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DC310	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC313	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DC320	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
DC314	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DC321	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
DC315	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC323	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
DC317	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DC324	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC318	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DC325	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DC319	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC326	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DC327	0	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
DC334	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DC328	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
DC335	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DC329	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0
DC336	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DC330	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
DC339	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
DC331	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
DC341	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0
DC332	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC343	1	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
DC346	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC347	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
DC349	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
DC350	0	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
DC353	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0

快速、灵敏等优点,已经被国内外不少学者用于各种作物种群划分和杂种优势预测。本研究中,SSR 分子标记分类结果发现供试 39 个香稻和 2 个恢复系材料的遗传相似系数在 0.58 以上,而供试香稻品种的遗传相似系数在 0.64 以上,基本揭示了不同品种间的亲缘关系。

中国地域辽阔,农业历史悠久,物种繁多,经过长期的自然选择和人工选择,形成了丰富多彩的农业植物资源^[10]。植物资源遗传多样性是育种的基

础,通过遗传多样性的研究可以从整体上把握该物种的种质资源,为研究和利用提供重要信息。遗传多样性的研究手段经历了形态水平、细胞水平、生化水平和分子水平 4 个阶段。形态学水平上进行遗传多样性研究具有简单、易行等特点,但易受环境影响,随着分子生物学和生物技术的迅猛发展,分子标记已广泛应用于种质资源研究。将形态性状、农艺性状与分子标记技术相结合的研究工作尚有待深入,以便更准确把握遗传多样性的本质。



- [5] Susan R McCouch Leonid Teytelman et al. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.) [J]. DNA Research 2002 9: 199-207
- [6] Powell W, Morgante M, Andre C et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis [J]. Molecular Breeding 1996 2: 225-238
- [7] Garland S H, Lewin L, Abedinia M et al. The use of microsatellite polymorphisms for the identification of Australian breeding lines of rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Euphytica 1999 108: 53-63
- [8] Singh R K, Sharma R K, Singh A K et al. Suitability of mapped sequence tagged microsatellite site markers for establishing distinctness, uniformity and stability in aromatic rice [J]. Euphytica 2004 135 (2): 135-143
- [9] Yashitola J, Thirumurugan T, Sundaram R M et al. Assessment of purity of rice hybrids using microsatellite and STS markers [J]. Crop Sci 2002 42 (4): 1369-1373
- [10] 王述民, 李立会, 黎裕, 等. 中国粮食和农业植物遗传资源状况报告 (I) [J]. 植物遗传资源学报 2011, 12 (1): 1-12
- [11] 于永红, 李云海, 马荣荣, 等. 用微卫星 DNA 标记建立宁 2A 的指纹图谱 [J]. 中国水稻科学 2001, 15 (3): 215-217
- [12] 李莉, 杨剑波, 汪秀峰, 等. 利用 RAPD 和微卫星标记对协优杂交稻及其亲本进行区别与鉴定 [J]. 中国水稻科学 2000, 14 (4): 203-207
- [13] 李进波, 方宣钧, 杨国才, 等. 两系杂交稻亲本 SSR 指纹图谱的建立及其在种子纯度鉴定中的应用 [J]. 杂交水稻 2005, 20 (2): 50-53
- [14] 张彦, 郭士伟, 何冰. 利用 SSR 标记建立杂交水稻分子指纹图谱数据库 [J]. 江苏农业学报 2006 22 (2): 181-183
- [15] 施勇烽, 应杰政, 王磊, 等. 鉴定水稻品种的微卫星标记筛选 [J]. 中国水稻科学 2005, 19 (3): 195-201
- [16] 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 [J]. 中国水稻科学 2006 20 (1): 1-7
- [17] 彭锁堂, 庄杰云, 颜启传, 等. 我国主要杂交水稻组合及其亲本 SSR 标记和纯度鉴定 [J]. 中国水稻科学 2003, 17 (1): 1-5
- [18] 辛业芸, 张展, 熊易平, 等. 应用 SSR 分子标记鉴定超级杂交水稻组合及其纯度 [J]. 中国水稻科学 2005, 19 (2): 95-100