

# 利用 SSR 标记构建江西稻种资源核心种质库的研究

黎毛毛, 黄永兰, 余丽琴, 王记林, 芦明, 熊玉珍, 束爱萍, 范志洁, 万建林  
(江西省农业科学院水稻研究所, 南昌 330200)

**摘要:**以 3187 份江西地方稻种资源为材料, 依据籼粳、早中晚、粘糯、糙米色和谷粒形状等 5 个质量性状进行分组, 组内按 8 个稻作区再分为不同的亚组。利用 SSR 标记对各亚组和组内种质资源进行遗传多样性和聚类分析, 建立了包括 296 份种质的江西地方稻种资源核心种质库, 占资源总数的 9.28%。

**关键词:**江西; 稻种资源; SSR 标记; 核心种质库

## Development of a Core Collection for Jiangxi Traditional Rice Germplasm by SSR markers

LI Mao-mao, HUANG Yong-lan, YU Li-qin, WANG Ji-lin, LU Ming, XIONG Yu-zhen,  
SHU Ai-ping, FAN Zhi-jie, WAN Jian-lin  
(Rice Research institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang, 330200)

**Abstract:** A total of 3187 traditional rice germplasm were studied to develop a core collection for Jiangxi traditional rice germplasm. The germplasm were classified to different team using five qualitative characters *Indica/Japonica*, early/middle/late season rice, waxy/non-waxy, the color of brown rice and grain shape. Each team was classified to sub-team by eight rice plant region. Genetic diversity and clusing analysis of the team and sub-team was reseached by SSR maskers. A core collection bank including 296 germplasm were constructed, which accounted for 9.28% of total germplasm.

**Key words:** Jiangxi; Rice germplasm; SSR Markers; Core collection

人类对植物遗传资源的研究经过了认识、考查、收集、利用和创造等漫长的历史过程, 主要包括 3 个阶段: 第 1 阶段对植物遗传资源的地理分类、系统进化等问题进行了研究; 第 2 阶段是二战后世界工业迅猛发展, 生态系统遭到严重破坏, 为防止植物遗传资源大量流失, 各国都加强了对遗传资源的收集并保存了大量的遗传材料, 使保存的遗传资源增加到 450 万份, 其中禾谷类 253 万份, 水稻 40.8 万份<sup>[1]</sup>; 第 3 阶段是目前开展的对遗传资源进行保存、评价、创新和有效利用的研究<sup>[2]</sup>。至 2000 年, 我国已编目国内稻种资源 75597 份, 其中古老地方品种 52320

份<sup>[3]</sup>。如何保存和利用如此众多的遗传资源成为近年遗传资源研究的重要课题。Frankel<sup>[4]</sup>于 1984 年提出核心种质的概念, 即用一定的方法选择整个种质资源的一部分, 以最小的资源数量和遗传重复最大程度的代表整个遗传资源的多样性。因此, 可优先对核心种质进行生活力检测、繁殖、交换和分送, 以加速种质资源的交流, 提高利用率; 利用核心种质的代表性, 发展新的种质评价和保存方法, 筛选需要的性状, 提高育种效率<sup>[4-5]</sup>。李自超等<sup>[6]</sup>对国家作种质库编目入库的 50526 份中国地方稻种资源研究认为, 以丁颖分类体系分组、按平方根或对数比

收稿日期: 2012-01-05 修回日期: 2012-02-15

基金项目: 江西省自然科学基金项目(2009GZN0054); 转基因生物新品种培育重大专项(2009ZX08001-024B); 江西省科技支撑计划项目(20111BBF60046)

作者简介: 黎毛毛, 博士, 研究员, 主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: lmm056@yahoo.com.cn

通信作者: 万建林, 博士, 研究员, 主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: newanj1@163.com

例在组内随机取样的策略为中国地方稻种核心种质初级样品的可行策略;在初级核心种质取样量上,以计算机提取 6%,加上人工定向取样增加优异种质和极值材料约 2%,使初级核心种质总数达 4000 份。魏兴华等<sup>[7]</sup>对 1367 份浙江粳稻地方品种的研究认为,变种类型下聚类分组取样优于直接随机取样。孙强等<sup>[8]</sup>研究认为,总体取样量 15%、按代码分组、组内简单比例取样及组内聚类取样的取样方案是构建吉林省稻种资源核心种质的最佳方案,并按照最佳方案构建了包括 477 份稻种资源的核心种质库。通过构建核心种质库研究遗传资源在大麦<sup>[9]</sup>、芝麻<sup>[10]</sup>、高粱<sup>[11]</sup>、小麦<sup>[12]</sup>、珍珠粟<sup>[13]</sup>、水稻<sup>[14-15]</sup>等农作物中被广泛的采用。

江西是中国稻种资源比较丰富的省份之一,“七五”、“八五”期间,全国入国家作物种质库的地方水稻品种总计 24578 份,其中江西省 2881 份,占 11.31%,仅次于云南、广西<sup>[16-17]</sup>。本研究利用 3187 份江西地方稻种资源为试验材料,利用 SSR 分子标记技术,开展江西地方稻种资源遗传多样性和聚类分析研究,建立江西地方稻种资源核心种质库,为提高江西省稻种资源的利用率、发掘优异基因资源提供理论依据和核心材料。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

江西省农业科学院水稻研究所保存的江西地方稻种资源 3187 份。

### 1.2 研究方法

**1.2.1 资源分组** 试验基础数据来自《中国稻种资源目录》<sup>[16-17]</sup>和《江西省农作物品种资源目录》<sup>[18]</sup>,经 2009 年和 2010 年 2 年在江西省农业科学院水稻研究所试验站种植,调查核实身份;并对相关质量性状根据韩龙植<sup>[19]</sup>制定的“水稻种质资源描述规范和数据标准”进行整理和规范。将稻种资源按籼粳(籼稻和粳稻,共 2 组)、早中晚(早稻、中稻和晚稻,共 3 组)、粘糯(粘米和糯米,共 2 组)、糙米色(白米和红米,共 2 组)、谷粒形状(短圆、阔卵、椭圆和细长,共 4 组)等 5 个质量性状进行分组。组内按赣州、吉安、抚州、南昌、九江、上饶、宜春和江西(地方稻种资源中未知具体来源的种质)等 8 个稻作区划分为不同的亚组。

**1.2.2 SSR 引物的筛选及 PCR 扩增** 根据前人研究结果,筛选 24 对在籼稻和粳稻中均表现出多态性的 SSR 引物,每条染色体各 2 对<sup>[20-23]</sup>,用于江西

地方稻种资源的 DNA 分析(24 对 SSR 引物信息见表 1)。按 Edwards 等<sup>[24]</sup>并稍有改进的 CTAB 法提取 DNA,并进行 DNA 纯化。PCR 体系(总反应体积为 20 $\mu$ l)含 10 $\times$  PCR buffer (含 Mg<sup>2+</sup>) 2.0 $\mu$ l, 2.5mmol/L dNTP 1.5 $\mu$ l, 5U/ $\mu$ l *Taq* 0.5 $\mu$ l, 2 $\mu$ mol/L SSR 引物 2.0 $\mu$ l, 20ng/ $\mu$ l DNA 2.0 $\mu$ l, dd H<sub>2</sub>O 12.0 $\mu$ l。PCR 扩增程序为 94 $^{\circ}$ C 变性 30s, 58 $^{\circ}$ C 复性 30s, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1min, 共进行 36 个循环,然后在 72 $^{\circ}$ C 延伸 10min,待温度降至 10 $^{\circ}$ C 后,取出放入 4 $^{\circ}$ C 冰箱内备用。采用 6% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳及银染法检测扩增结果。

表 1 12 对 SSR 标记的引物信息

Table 1 The information of 12 SSR markers

标记 Marker	染色体 Chromosome	正向序列 Forward primer	反向序列 Reverse primer
RM259	1	tggagtttgagaggagg	cttgttgcaltggtccatgt
RM23	1	cattggagtggaggctgg	gtcaggcttctgccattctc
RM211	2	ccgatctcatcaaccaactg	cttcacgaggtatcacaagg
RM250	2	ggttcaaaccaagctgatca	galgaaggccttccacgcag
RM251	3	gaatggcaatggcgctag	atcgggtcaagattcgtac
RM231	3	ccagattatttctgaggtc	cacttgcattgttctgattg
RM335	4	gtcacaccacacatcgagaag	gctctatgcgagtatccatgg
RM252	4	ttcgtgacgtgataggttg	atgacttgcaccgagaacg
RM405	5	tcacacactgacagctgac	aatgtggcacgtgaggttaag
RM169	5	tggtgctctccgtggtagctg	tccctgttccgttcatccctcc
RM190	6	ctttgtctatctcaagacac	ttgcagatgttcttctgatg
RM253	6	tcctcaagagtgcacaacc	gcattgtcatgtcgaagcc
RM336	7	cttcacagagaacggcatcg	gctggtttgttccaggttcg
RM125	7	atcagcagccatggcagcgacc	aggggatcatgtgccgaaggcc
RM152	8	gaaaccaccacacctaccg	ccgtagacccttctgaaatag
RM331	8	gaaccagaggacaaaaatgc	catcatacatttgcagccag
RM242	9	ggccaacgtgtgtatgtctc	tatatgccaagacggatggg
RM219	9	cgtcggatgatgtaaaacct	catatcgccattcgcctcg
RM216	10	gcatggccgatgtaaaag	tgtataaaaccacacggcca
RM222	10	cttaaatgggccatcgcg	caaagcttccggccaaaag
RM206	11	cccatgcgttaactattct	cgttccatcatcctgatgg
RM209	11	atatgagttgctgctgctcg	caacttgcactcctccctcc
RM17	12	tgccctgttatttctctctc	gggtatccttcccatttca
RM247	12	tagtggccgatgtaaacg	catatggtttgacaaaagcg

以 0、1 统计 SSR 扩增带型,并建立相应的数据库。在相同迁移率位置上,有带记为 1,无带记为 0。数据经转化后用 Popgene 32 程序进行 Nei' 遗传距离

和遗传相似性分析;根据遗传相似性矩阵用 NTSYS-pc V2.0 进行 UPGMA 聚类分析。

**1.2.3 取样策略与方法** 江西地方稻种资源核心种质构建采用优先保存-双重聚类取样策略;组内及亚组内取样方法采用聚类和随机 2 种方法相结合,避免采用受环境等因素影响较大的数量性状进行直接随机取样而产生的误差。组内取样原则为稻种资源数多的在核心种质库中所占的比例可小一些,稻种资源数较少的所占比例可相对大一些;遗传多样性小的在核心种质库中所占的比例可小一些,遗传多样性大的所占的比例可大一些。取样步骤如下。

步骤 1:对需要优先保存的种质资源直接入选核心种质,包括早期大面积推广种植的品种、重要亲本或特色资源,以及按照质量性状分组时组内只有 1 份材料的种质。

步骤 2:利用 SSR 标记对各试验材料进行 DNA 分析。根据 DNA 分析结果,对各亚组内种质进行遗传多样性和聚类分析。根据遗传多样性和聚类分析结果,确定各亚组遗传相似性阈值,将各亚组种质按遗传相似性阈值划分为不同的取样小组。根据各取样小组的种质数和所设计初级核心种质的规模(初级核心种质的规模为核心种质的 3 倍),在各取样

表 2 江西省地方稻种资源类型分析

Table 2 Type analysis of Jiangxi local rice resource

类型 Type	份数 Number	白米 White rice		红米 Red rice	
		粘米 Waxy	糯米 Non-waxy	粘米 Waxy	糯米 Non-waxy
早籼 Early-Indica	1494	1167	43	278	6
早粳 Early-Japonica	44	15	27	1	1
中籼 Middle-Indica	286	127	23	135	1
中粳 Middle-Japonica	11	11	0	0	0
晚籼 Late-Indica	1012	528	73	408	3
晚粳 Late-Japonica	340	50	284	6	0
合计 Total	3187	1898	450	828	11

## 2.2 核心种质取样策略

采用籼粳、早中晚、粘糯、糙米色和谷粒形状等 5 个质量性状,将 3187 份江西地方稻种资源分为 49 个组。有 14 个组的种质数仅有 1 份,组内种质数大于 100 份的有 7 个,其中早籼-粘-白米-椭圆组的种质数最多,为 1075 份。根据赣州、吉安、抚州、南昌、九江、上饶、宜春和江西等 8 个稻种区,将各组划分为 1~8 个不等的亚组,49 个组共划分为 185 个亚组(表 3)。

小组内随机抽取一定数量的种质(约占各取样小组种质数的 30%)。

步骤 3:将各亚组抽取的种质按组进行归类,对各组内的种质进行遗传多样性和聚类分析;根据遗传多样性和聚类分析结果,确定各组遗传相似性阈值,将各组按遗传相似性阈值分为不同的取样小组。根据各取样小组的种质数和所设计核心种质的规模(约占稻种资源总数的 10%),在各取样小组内随机抽取一定数量的种质(约占各取样小组种质数的 30%)。为避免主要生态类型的遗漏,对各入选材料进行核对,确保各组内的每个亚组至少有一份种质入选。

## 2 结果与分析

### 2.1 江西地方稻种资源分析

江西省农业科学院水稻研究所保存了江西省地方稻种资源 3187 份,其中籼稻 2792 份、粳稻 395 份,分别占资源总数的 87.61% 和 12.39%;粘稻 2726 份、糯稻 461 份,分别占资源总数的 85.53% 和 14.47%;白米 2348 份、红米 839 份,分别占资源总数的 73.67% 和 26.33%。收集到的江西地方稻种资源均为水稻,未收集到陆稻和黑米种质(表 2)。

根据前人研究结果,初步确定核心种质的规模为资源总数的 10% 左右。对需要优先保存的用于加工年糕的江西特色优质加工水稻品种弋阳大禾谷、江西特色红米种质奉新柳条红、江西特色优质稻品种万年贡谷、高抗稻瘟病优异种质油粘子、优质早籼种质南特号、20 世纪 50 年代南方稻区大面积推广种植的优良品种莲塘早等 6 份种质和组内种质数只有 1 份的材料(14 份)首先入选,约占整个核心种质的 6.75%。

表 3 江西稻种资源及核心种质比较分析

Table 3 Comparison of Jiangxi local rice resource and core collection

类型 Type	粘糯 Waxy/Non-waxy	糙米色 Brown rice color	谷粒形状 Grain shape	种质数 No. of Germplasm	亚组数 No. of sub-team	入选核心种质数 No. of core collection
早籼 EI	糯	白	短圆	1	1	1
早籼 EI	糯	白	阔卵	1	1	1
早籼 EI	糯	白	椭圆	31	7	7
早籼 EI	糯	白	细长	10	4	4
早籼 EI	糯	红	椭圆	5	3	3
早籼 EI	糯	红	细长	1	1	1
早籼 EI	粘	白	阔卵	6	3	3
早籼 EI	粘	白	椭圆	1075	8	58
早籼 EI	粘	白	细长	86	7	11
早籼 EI	粘	红	椭圆	268	8	19
早籼 EI	粘	红	细长	10	3	3
早粳 EJ	糯	白	短圆	1	1	1
早粳 EJ	糯	白	阔卵	12	4	4
早粳 EJ	糯	白	椭圆	13	3	3
早粳 EJ	糯	白	细长	1	1	1
早粳 EJ	糯	红	椭圆	1	1	1
早粳 EJ	粘	白	阔卵	4	3	3
早粳 EJ	粘	白	椭圆	10	3	3
早粳 EJ	粘	白	细长	1	1	1
早粳 EJ	粘	红	椭圆	1	1	1
中籼 MI	糯	白	椭圆	7	4	4
中籼 MI	糯	白	细长	16	3	3
中籼 MI	糯	红	椭圆	1	1	1
中籼 MI	粘	白	阔卵	1	1	1
中籼 MI	粘	白	椭圆	103	7	10
中籼 MI	粘	白	细长	23	6	6
中籼 MI	粘	红	阔卵	1	1	1
中籼 MI	粘	红	椭圆	110	8	12
中籼 MI	粘	红	细长	24	4	4
中粳 MJ	糯	白	短圆	2	2	2
中粳 MJ	糯	白	阔卵	5	3	3
中粳 MJ	糯	白	椭圆	3	1	1
中粳 MJ	粘	白	椭圆	1	1	1
晚籼 LI	糯	白	短圆	1	1	1
晚籼 LI	糯	白	阔卵	3	2	2
晚籼 LI	糯	白	椭圆	32	7	7
晚籼 LI	糯	白	细长	37	7	7
晚籼 LI	糯	红	椭圆	3	1	1
晚籼 LI	粘	白	阔卵	1	1	1
晚籼 LI	粘	白	椭圆	455	8	26
晚籼 LI	粘	白	细长	72	8	11
晚籼 LI	粘	红	椭圆	331	8	16
晚籼 LI	粘	红	细长	77	6	8
晚粳 LJ	糯	白	阔卵	87	6	9
晚粳 LJ	糯	白	椭圆	194	8	13
晚粳 LJ	糯	白	细长	3	3	3
晚粳 LJ	粘	白	阔卵	24	4	4
晚粳 LJ	粘	白	椭圆	26	5	5
晚粳 LJ	粘	红	椭圆	6	4	4
合计 Total				3187	185	296

EI: Early-Indica; EJ: Early-Japonica; MI: Middle-Indica; MJ: Middle-Japonica; LI: Late-Indica; LJ: Late-Japonica

根据江西地方稻种资源 DNA 分析和分组结果,首先对各亚组进行遗传多样性和聚类分析;根据遗传多样性和聚类分析结果以及各亚组遗传资源数,确定各亚组的遗传相似性阈值。将各亚组种质按遗传相似性阈值分成不同的取样小组。在各取样小组内随机抽取 30% 左右的种质,建立了含有 845 份种质的初级核心种质。

将 845 份初级核心种质按组进行归类,根据其 DNA 分析结果,对各组内种质进行遗传多样性和聚类分析;根据遗传多样性和聚类分析结果以及各组内遗传资源数,确定各组的遗传相似性阈值。将各组内种质按遗传相似性阈值划分为不同的取样小组。在各取样小组内随机抽取 30% 左右的种质,并对取样种质进行核对,确保每组内的每个亚组至少有 1 份种质入选。

### 2.3 核心种质构建结果

通过对江西地方稻种资源分组、取样策略和方法的研究,确定了优先保留 - 双重聚类取样策略,最终建立了一套包含 296 份种质的江西地方稻种资源核心种质库,占稻种资源总数的 9.29%。表 3 列出了建立的江西地方稻种资源核心种质库相关信息,其中早籼稻 111 份,占早籼稻种资源总数的 7.43%;早粳稻 18 份,占早粳稻种资源总数的 40.91%;中籼稻 42 份,占中籼稻种资源总数的 14.69%;中粳稻 7 份,占中粳稻种资源总数的 63.64%;晚籼稻 80 份,占晚籼稻种资源总数的 7.91%;晚粳稻 38 份,占晚粳稻种资源总数的 11.18%。

## 3 讨论

### 3.1 取样策略与方法的确定

Frank 于 1984 年提出构建核心库的理论以来,核心种质库的研究取得了显著的进展,一些学者不断提出新的构建方法和理论,建成了多种作物的核心种质。由于种质资源研究的群体庞大、考种程序繁琐和试验数据庞杂等局限性,目前尚未形成一套明确的构建理论。构建核心种质的主要目的是为作物种质资源的保护、鉴定、评价和发掘特殊基因资源提供优先研究的材料,合理高效的抽样方法是构建核心种质的关键。常用的取样方法有完全随机取样法、优先取样 + 多次聚类随机取样法、优先取样 + 多次聚类偏离度取样法和按偏离度取样法<sup>[25-27]</sup>。江西省的气候、水利和耕地等条件适合于水稻生长发育,农民有种植水稻的传统习惯,形成了一批如弋阳大禾谷、奉新柳条红、万年贡谷等江西地方特色水稻

种质;江西地方稻种资源具有籼稻多粳稻少、椭圆形谷粒品种多短圆形极少、早晚稻品种多中稻少的特点;根据江西地方稻种资源的特点,本研究采用了优先保存 - 双重聚类取样方法。

从一个较大的种质资源样品中,取哪一类样品是很重要的,分组就是将遗传上相似的样品归在一起。Hintum 等<sup>[28]</sup>研究认为,类型下不分组直接取样的方法会丢失某些特殊类型的基因。分组的依据有分类学、地理起源、生态分布、遗传标记和农艺性状等,形态性状是研究核心样品最常用的指标<sup>[29]</sup>。数量性状的表型值易受环境、生长季节和栽培措施等因素的影响,利用数量性状对稻种资源进行分组研究,其结果不一定能真实度量基因型间的差异<sup>[30]</sup>。质量性状不受环境因素的影响,具有稳定准确直观的优点,是作物遗传资源基因型在表现型上的直观反映。SSR 标记随机分布于整个水稻基因组中,能直接反映出 DNA 序列水平上的变化,具有极高的多态性检测能力,在农作物遗传资源的保护、利用和评价中被广泛的应用,是评价作物种质资源多样性、确定核心样品的好指标。本研究选用籼粳、早中晚、粘糯、糙米色和谷粒形状等 5 个质量性状为基础数据对江西地方稻种资源进行分组,组内按照江西稻作区再划分为不同的亚组。利用 SSR 标记对各亚组和组内的遗传资源进行遗传多样性与聚类分析,确定各组遗传差异的方法进行取样,以保持不同生态类型的种质资源,取得的样品代表性强,尽可能多的保持了江西地方稻种资源的遗传多样性。

### 3.2 核心种质的规模

李自超等<sup>[6,31]</sup>研究指出,10% 和 5% 的取样比例虽然能保存 97% 和 96% 以上的表型性状,但其遗传多样性丢失过多,而以 16% 的取样比例来构建云南地方稻种的核心种质,可以保存原资源 97.8% 的遗传多样性。Yonezawa 等<sup>[32]</sup>研究认为,根据保持群体遗传变异量或等位基因变异的要求,选择资源总量的 20% ~ 30% 作为核心样本具有较好的代表性。Brown<sup>[33]</sup>根据物种基因库内各类基因的频率特征,建议核心样品的规模在 5% ~ 10%。在国内外不同作物核心种质构建中,核心种质的比例为该物种全部收集品的 5% ~ 30%,一般为 10% 左右。

由于研究群体的大小和群体内材料间的差异各异,至今为止,前人的研究均未能提供一个合理的取样比例和合适的核心种质规模。本研究认为,核心种质占总资源的比例应根据资源总数、遗传多样性的大小和实际工作的需要决定,总资源份数多的物

种其核心种质所占的比例可小一些,总资源份数较少的物种核心种质所占比例可相对大一些;遗传多样性小的群体其核心种质所占的比例可小一些,遗传多样性大的群体其核心种质所占的比例可大一些。如本研究材料籼稻种质 2792 份,入选核心种质 133 份,入选率 4.76%;粳稻种质 395 份,入选核心种质 63 份,入选率 15.95%。另外还可以根据实际工作的需要,构建不同规模、不同研究方向的核心种质,以满足不同层次和不同研究方向的研究者对核心种质的需求。

### 参考文献

- [1] FAO. Report on the state of the world's plant genetic resources for food and agriculture, Leipzig; prepared for the international technical conference on plant genetic resources[C]. 1996:17-23
- [2] 李自超,张洪亮,孙传清,等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J]. 中国农业大学学报,1999,4(5):51-62
- [3] 徐匡迪,沈国舫. 依靠稻作科技创新,推动中国水稻产业发展[J]. 中国稻米,2002(6):8-11
- [4] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation. [M]//Arber W K, Llimensee K, Peacock W J. et al. Genetic Manipulation; Impact on Man and Society Cambridge: Cambridge University Press, 1984:161-170
- [5] 胡晋. 植物遗传资源核心库及其建立[J]. 种子,1996(5):22-24
- [6] 李自超,张洪亮,曹永生,等. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究[J]. 作物学报,2003,29(1):20-24
- [7] 魏兴华,汤圣祥,余汉勇. 浙江粳稻地方品种核心样品的构建方法[J]. 作物学报,2001,27(3):324-328
- [8] 孙强,林秀云,李明生,等. 吉林省稻种资源核心种质构建的研究[J]. 吉林农业科学,2006,31(1):21-24
- [9] Van T R, Tchoudinova I, Van S L, et al. Marker-assisted acquisition and core collection formation: a case study in barley using AFLPs and pedigree data[J]. Genet Res Crop Evol, 2006, 53:43-52
- [10] Mahajan R K, Bisht I S, Dhilon B S. Establishment of a core collection of world sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm accessions[J]. Sabrao J Breed Genet, 2007, 39(1):53-64
- [11] Deu M, Rattunde F, Chantereau J. A global view of genetic diversity in cultivated sorghums using a core collection[J]. Genome, 2006, 49:168-180
- [12] Hao C Y, Zhang X Y, Wang L F, et al. Genetic diversity and core collection evaluations in common wheat germplasm from the Northwestern Spring Wheat Region in China[J]. Mol Breed, 2006, 17:69-77
- [13] Ranjana B, Khairwal I S, Paula J B, et al. Establishment of a pearl millet [*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.] core collection based on geographical distribution and quantitative traits[J]. Euphytica, 2007, 155:35-45
- [14] Kaworu E, Yiochiro K, Shuichi F, et al. Development of mini core collection of Japanese rice landrace[J]. Breed sci, 2008, 58:281-291
- [15] 金铭路,杨春刚,余腾琼,等. 中国水稻核心种质不同生育时期耐冷性鉴定及其相关分析[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(4):540-54
- [16] 黄清洪,盛锦山. 中国稻种资源目录[M]. 北京:农业出版社,1992
- [17] 盛锦山,黄清洪. 中国稻种资源目录[M]. 北京:农业出版社,1996
- [18] 江西省农业厅. 江西省农作物品种资源目录[M]. 南昌:江西省科技出版社,1997
- [19] 韩龙植. 水稻种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006
- [20] 魏兴华,袁筱萍,余汉勇,等. 我国常规稻主栽品种的遗传变异分析[J]. 中国水稻科学,2009,23(3):237-244
- [21] 吕广磊,蔺忠龙,白现广,等. 云南栽培稻种 SSR 遗传多样性比较[J]. 植物学报,2009,44(4):457-463
- [22] 束爱萍,张媛媛,曹桂兰,等. 中国不同省份粳稻选育品种的遗传相似性[J]. 中国农业科学,2009,42(10):3381-3387
- [23] 玄英实,姜文洙,刘宪虎,等. 中国东北地区水稻主要栽培品种的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(2):206-212
- [24] Edwards K, Johnstone C, Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis[J]. Nucl Acid Res, 1991, 19(6):1349
- [25] 胡晋,徐海明,朱军. 基因型值多次聚类法构建作物种质资源核心库[J]. 生物数学学报,2000, 15(1):103-109
- [26] Hu J, Xu H M, Zhu J. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops[J]. Theor Appl Genet, 2000, 101(1):264-268
- [27] 徐海明,邱英雄,胡晋,等. 不同遗传距离聚类法和抽样方法构建作物核心种质[J]. 作物学报,2004,30(9):932-936
- [28] Hintum V T, Buther R V, Visser D L. Sampling strategies for composing a core collection of cultivated barley (*Hordeum vulgare* L.) collected in China[J]. Hereditas, 1995, 122:7-17
- [29] Upadhyaya H D, Ortiz R. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resource in crop improvement[J]. Theor Appl Genet, 2001, 102:1292-1298
- [30] Steven D T, McCouch S R. Seed bank and molecular maps. Unlocking genetic potential from the wild[J]. Science, 1997, 277:1063-1066
- [31] 李自超,张洪亮,曾亚文,等. 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究[J]. 中国农业科学,2000,33(5):1-7
- [32] Yonezawa K, Nomura T, Morishima H. Sampling strategies for use in stratified germplasm collections [M]//: Hodgkon T. Core collection of plant genetics resources chichester. UK: John wiley-sons publication, 1995:35-53
- [33] Brown A H D. Core collection: A practical approach to genetic resources management [J]. Genome, 1989, 31:818-824