维普资讯 http://www.cqvip.com

用 SSR 标记分析广西香稻与南亚香稻的遗传多样性

陈远孟[1,3]，张向军[2]，陈传华[1]，杨新庆[1*]，李容柏[2,3*]，李杨瑞[2,3*]

(1. 广西农业科学院 水稻研究所，南宁 530007；2. 广西农业科学院 广西作物遗传改良生物技术重点实验室，南宁 530007；3. 广西大学 农学院，南宁 530004)

摘　要：利用16对分布于水稻12条染色体上的SSR引物分析78份来自南亚的香稻资源和18份广西种植的香稻的遗传多样性。结果表明：在南亚的香稻资源中，每对引物检测到的等位基因数为3～13个，平均每个位点的等位基因数为5.31个，广西的香稻资源中，每对引物检测到等位基因数2～9个，平均每个位点的等位基因数为3.44个；南亚香稻资源平均多态信息含量(PIC)为0.55，广西香稻资源平均PIC为0.41；南亚香稻资源平均基因多样性(Hs)为0.60，广西香稻资源平均Hs为0.47；说明了南亚香稻资源比广西香稻资源具有更为丰富的遗传多样性。聚类结果表明，大部分的南亚香稻资源或大部分的广西香稻资源各自聚为一类，说明大部分南亚和广西的香稻种质资源存在遗传差异性和地理远缘性。

关键词：香稻；SSR；遗传多样性

中图分类号：Q944.58　**文献标识码**：A　**文章编号**：1000-3142(2008)02-0154-06

Assessment of genetic diversity of aromatic rice (*Oryza sativa*) from Guangxi and South Asia by using SSR markers

CHEN Yuan-Meng[1,3], ZHANG Xiang-Jun[2], CHEN Chuan-Hua[1], YANG Xin-Qing[1*], LI Rong-Bai[2,3*], LI Yang-Rui[2,3*]

(1. *Institute of Rice Research*, *Guangxi Academy of Agricultural Sciences*, Nanning 530007, China; 2. *Key Lab of Guangxi Crop Genetic Improvement and Biotechnology*, *Guangxi Academy of Agricultural Sciences*, Nanning 530007, China; 3. *College of Agriculture*, *Guangxi University*, Nanning 530004, China)

Abstract: Genetic diversity was assessed by using 16 rice microsatellite markers. The 96 rice genotypes used in this study included 78 aromatic rice genotypes from South Asia and 18 aromatic rice genotypes from Guangxi. A total of 85 and 55 alleles were present in South Asia and Guangxi aromatic rice at the 16 SSR loci respectively. The number of alleles per locus ranged from 3 to 13 and from 2 to 9, with an average of 5.31 and 3.44 respectively, polymorphism information content (PIC) values ranged from 0.171 to 0.872 and from 0.099 to 0.765, with an average of 0.55 and 0.41, average genetic multiplicity index (Hs) values ranged from 0.184 to 0.884 and from 0.105 to 0.792, with an average of 0.60 and 0.47. The results indicated genetic diversity was higher in aromatic rice germplasm from South Asia than that from Guangxi. The cluster analysis indicated that most of aromatic rice germplasm from South Asia or from Guangxi could be obviously confined to one cluster respectively. And the genetic and geographical difference lied between aromatic rice germplasm from South Asia and Guangxi.

Key words: aromatic rice; SSR; genetic diversity

收稿日期：2006-07-07　**修回日期**：2007-01-29

基金项目：广西科学基金(0339014)[Supported by the Science Foundation of Guangxi(0339014)]

作者简介：陈远孟(1971-)，男，广西容县人，博士研究生，副研究员，主要从事水稻遗传育种研究，(E-mail)cym2829@gxaas.net。

* 通讯作者(Author for correspondence, E-mail: lirongbai@126.com, nkya@public.nn.gx.cn)

维普资讯 http://www.cqvip.com

香米煮饭熬粥清香可口，而且营养品质优良，富含各种氨基酸和蛋白质，深受人们称颂。我国历代统治者把香米列为贡米，专供皇室及达官贵人享用，耕种香稻的农民是不得食用的，故有“皇米”、“贡米”、“官米”之称。目前，香米在国际市场占有特殊的地位，其销售价格比普通大米高 1～2 倍以上。如泰国科学家通过系统育种法育成的著名香稻品种 KDML105 是泰国出口创汇的主要农产品之一(Sarkarung 等，2003)；1997～1998 年，印度出口巴斯马蒂(Basmati)香稻约 58 万吨(谢黎虹等，2004)。而美国每年进口 Basmati 和泰国的 Jasmine rice(泰国香稻米)的量都在增加，1990 年进口量为 170 000 t，到 2001 年进口量达 340 000 t，占其国内大米消费量的 10％(Sha 等，2003)。

许多国家都很重视香稻的基础研究和新品种的选育工作。除巴基斯坦、泰国等传统生产国外，美国、澳洲和欧洲等发达国家，很早就利用优质香稻资源和发展优质香稻生产。我国的香稻生产源远流长、历史悠久，香稻资源也较丰富。广西相继育成一批香稻品种，如醉香、田东香、桂平香、永福香占、八桂香等。但总体看来，我国香米生产能力微弱，香米供应基本依靠进口，其主要原因是我国香米的品种质量和产量达不到要求，优质香米育种落后。因此，加强对优质香稻的遗传、育种等研究十分必要。

SSR 标记具有多态性高、共显性、操作简便、稳定可靠、重复性好等优点，已被广泛用于遗传多样性分析、种质鉴定、基因定位、构建遗传图谱等研究领域(Sha 等，2003；樊叶杨等，2000；武耀廷等，2001；刘峰等，2000)。印度等南亚国家的香稻资源具有多样性已被证实(Aggarwal 等，2002；Nagaraju 等，2002)，用 SSR 标记分析南亚香稻与广西香稻资源的遗传多样性，在分子水平上掌握南亚香稻与广西香稻资源遗传背景、遗传结构及种质资源的亲缘关系，从而有目的性地选择可用于培育优质香稻的亲本具有十分重要的意义。

1 材料与方法

1.1 材料

UPRH 系列 23 份为传统的南亚香稻，UPRB 和 B 系列 55 份为改良的南亚香稻，另外 18 份为广西种植香稻品种。材料编号及来源见表 1。

1.2 方法

1.2.1 水稻叶片 DNA 提取 在水稻分蘖期取叶片，提取方法参见 Dellaporta 的 CTAB 法。

表 1 参试品种及其来源

Table 1 Varieties tested and their source

编号 No.	品种名称 Cultivar	来源 Origin	编号 No.	品种名称 Cultivar	来源 Origin
1	UPRB3	南亚	49	永福香占	广西
2	UPRB7	南亚	50	UPRH4	南亚
3	UPRB9	南亚	51	B19	南亚
4	UPRB11	南亚	52	B3	南亚
5	UPRB15	南亚	53	UPRH23	南亚
6	UPRB17	南亚	54	UPRH25	南亚
7	UPRB21	南亚	55	UPRH31	南亚
8	UPRB23	南亚	56	美香占	广东
9	UPRB25	南亚	57	UPRH35	南亚
10	UPRB27	南亚	58	UPRH37	南亚
11	UPRB31	南亚	59	B39	南亚
12	UPRB33	南亚	60	B43	南亚
13	UPRB35	南亚	61	B41	南亚
14	UPRB39	南亚	62	B45	南亚
15	UPRB41	南亚	63	B47	南亚
16	UPRB43	南亚	64	B49	南亚
17	UPRB49	南亚	65	B51	南亚
18	UPRB51	南亚	66	B53	南亚
19	UPRB53	南亚	67	B55	南亚
20	UPRB55	南亚	68	B57	南亚
21	UPRB57	南亚	69	B59	南亚
22	UPRB59	南亚	70	B61	南亚
23	UPRB61	南亚	71	B63	南亚
24	UPRB63	南亚	72	B65	南亚
25	UPRB65	南亚	73	B68	南亚
26	UPRB67	南亚	74	B70	南亚
27	UPRB69	南亚	75	B72	南亚
28	UPRB71	南亚	76	叶青香	不详
29	UPRB73	南亚	77	台湾香稻	不详
30	UPRB75	南亚	78	UPRH2	南亚
31	UPRB80	南亚	79	UPRH5	南亚
32	UPRB82	南亚	80	UPRH7	南亚
33	B1	南亚	81	UPRH10	南亚
34	B7	南亚	82	UPRH12	南亚
35	B11	南亚	83	UPRH16	南亚
36	B13	南亚	84	UPRH19	南亚
37	香小占	广东	85	UPRH21	南亚
38	香山丝苗	广东	86	UPRH23	南亚
39	百香二号	广东	87	UPRH26	南亚
40	桂香糯	广西	88	UPRH28	南亚
41	黄壳香占	广东	89	UPRH31	南亚
42	软香占	广东	90	UPRH33	南亚
43	万家香	广西	91	UPRH35	南亚
44	早香 1 号	广西	92	八桂香	广西
45	新香占	广西	93	UPRH39	南亚
46	粤香占	广东	94	UPRH37	南亚
47	桂平香	广西	95	巴太香占 1 号	广东
48	矮香	不详	96	UPRB47	南亚

维普资讯 http://www.cqvip.com

1.2.2 SSR引物的合成与选择 根据 http://genome.cornell.edu/rice, www.gramene.org 和2002年公布的SSR相关序列进行设计合成,挑选分布在水稻12条染色体上50对引物进行PCR分析,再从中筛选多态性较好的16对SSR引物对96份研究材料进行扩增,引物的序列及其在染色体上的位置见表2。SSR引物由上海生工公司合成。

表2 16对SSR引物及其在染色体上的位置

Table 2 16 pairs of SSR primers and their location in chromosome

SSR 引物	Chr.	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer
RM216	10	gcatggccgatggtaaag	tgtataaaaccacacggcca
RM11	7	tctcctcttcccccgatc	atagcgggcgaggcttag
RM231	3	ccagattatttcctgaggtc	cacttgcatagttctgcattg
RM251	3	gaatggcaatggcgctag	atgcggttcaagattcgatc
RM279	2	gcgggagagggatctcct	ggctaggagttaacctcgcg
RM328	9	catagtggagtatgcagctgc	ccttctcccagtcgtatctg
RM475	2	cctcacgattttcctccaac	acggtgggattagactgtgc
RM169	5	tggctggctccgtgggtagctg	tcccgttgccgttcatccctcc
RM410	9	gctcaacgtttcgttcctg	gaagatgcgtaaagtgaacgg
RM84	1	taagggtccatccacaagatg	ttgcaaatgcagctagagtac
RM547	8	taggttggcagaccttttcg	gtcaagatcatcctcgtagcg
RM206	11	cccatgcgtttaactattct	cgttccatcgatccgtatgg
RM4A	12	ttgacgaggtcagcactgac	agggtgtatccgactcatcg
RM559	4	acgtacacttggccctatgc	atgggtgtcagtttgcttcc
RM5351	8	gcgataaccgacgagcttag	gggtggaagaccttagaggc
RM276	6	ctcaacgttgacacctcgtg	tcctccatcgagcagtatca

1.2.3 PCR扩增反应及电泳 每个20 μL反应体系包含12.8 μL ddH_2O, 10×PCR Buffer(含15 mmol/L $MgCl_2$)2.0 μL, dNTP(2.5 mmol/L)2.0 μL, PrimerF(15 μmol/L)1.0 μL, PrimerR(15 μmol/L) 1.0 μL, rTaq polymerase(5U/μL) 0.2μL, DNA(25ng/μL)1.0 μL。反应条件:94 ℃预变性4 min,然后是40个循环反应,每个循环94 ℃1 min、55 ℃45 s、72 ℃45 s,最后72 ℃延伸10 min。扩增产物在6%聚丙烯酰胺凝胶上分离,用硝酸银染色。

1.2.4 数据统计与分析 每对SSR引物检测到1个位点,视每条多态性带为1个等位基因;将观测到的每条带视为一个性状,有带时赋值为"1",无带时赋值为"0",建立数据库。根据Nei & Li(1979)的公式计算成对品种间的遗传距离D, $D=1-2Nxy/(Nx+Ny)$, Nx和Ny分别是x和y两个材料的总等位基因数目,Nxy为两个材料共有的总等位基因数目。按UPGMA(Unweighted Pair Group Method Arithmetic Averages)方法做聚类分析。数据统计由NTSYSpc Version2.10e软件完成。

1.2.5 遗传多样性的评价 参照孙传清等(2002)和顾万春(2004)的方法进行。

多态位点的平均等位基因数 $Ap=\sum Api/np$,式中 Ap_i 为第i个多态位点上的等位基因数,np为所检测的多态位点的总数。

多态信息含量 $PIC=1-\sum(P_i)^2-2\sum\sum P_i^2P_j^2$

平均基因多样性Hs, $Hs=1-1/n\sum P_{ij}^2$,式中 P_{ij} 为第i个多态位点上第j个等位基因的频率,n为检测的位点数。

2 结果与分析

2.1 多态位点数及平均每个位点的等位基因数比较

本试验利用16对分布于水稻12条染色体上的SSR引物对78份来自南亚的香稻资源和18份广西种植的香稻进行扩增,通过统计与数据分析,获得这些香稻种质资源16个SSR位点的等位基因频率和遗传多样性分析数据(表3),表3结果表明:总共检测到86条多态性带,其中仅在广西香稻中出现的只有1条,占1.2%,仅在南亚香稻资源中出现的为31条,占36.1%。因此广西香稻资源与南亚香稻资源差异主要来自南亚香稻。在南亚的香稻资源中,每对引物检测到的等位基因数为3~13个,总共为85个,平均每个位点的等位基因数为5.31个;广西的香稻资源中,每对引物检测到等位基因数2~9个,总共为55个,平均每个位点的等位基因数为3.44个。说明了南亚香稻资源多态性比广西香稻资源的更为丰富,基因丰富程度比广西香稻资源的高。

2.2 多态信息含量(PIC)比较

多态信息含量(polymorphism information content, PIC)用来衡量基因变异程度的高低,其衡量的标准为:PIC>0.5,该位点为高度多态位点;0.25<PIC<0.5,为中度多态性位点;PIC<0.25,为低度多态性位点。本试验中,78份来自南亚的香稻资源和18份广西种植的香稻种质资源的多态信息含量(PIC)数据见表3,比较发现:南亚香稻资源的PIC变幅为0.171~0.872,平均PIC为0.55,属于高度多态性位点范畴;广西香稻资源的PIC变幅为0.099~0.765,平均PIC为0.41,属于中度多态性位点范畴。这说明了南亚香稻资源的基因变异程度要比广西香稻资源的高一个层次,具有更为丰富的遗传变异。

维普资讯 http://www.cqvip.com

2.3 遗传多样性指数分析比较

遗传多样性指数(Hs)反映群体在N个位点上的变异，一般认为它是度量群体遗传变异的一个最适参数。78份南亚的香稻资源和18份广西种植的香稻种质资源的遗传多样性指数见表3。结果表明，南亚香稻资源的Hs变幅为0.184～0.884，平均Hs为0.60；广西香稻资源的Hs变幅为0.105～0.792，平均Hs为0.47。因此，无论从最高、最低、平均Hs来看，南亚香稻种质资源的Hs均比广西香稻资源的高，这也说明南亚香稻资源的遗传变异比广西香稻资源的丰富，具有更为丰富的遗传多样性。

2.4 聚类分析

用NTSYSpc Version2.10e软件，按UPGMA方法对78份南亚香稻和18份广西香稻进行聚类，结果见图1，聚类结果表明：在78份南亚香稻中，有64份聚为一大类，占82.5%，只有14份(34,70,36,72,54,58,52,69,51,53,35,61,33,62)与广西香稻在遗传距离为0.49处聚为一类；对18份广西香稻资源来说，有14份聚为一类，占77.8%，只有4份(76,77,95,56)与南亚香稻种质资源聚为一类。说明了大部分的南亚香稻资源或大部分的广西香稻资源可各自聚为一类，反映了大部分南亚和广西香稻种质资源存在遗传差异性和地理远缘性。

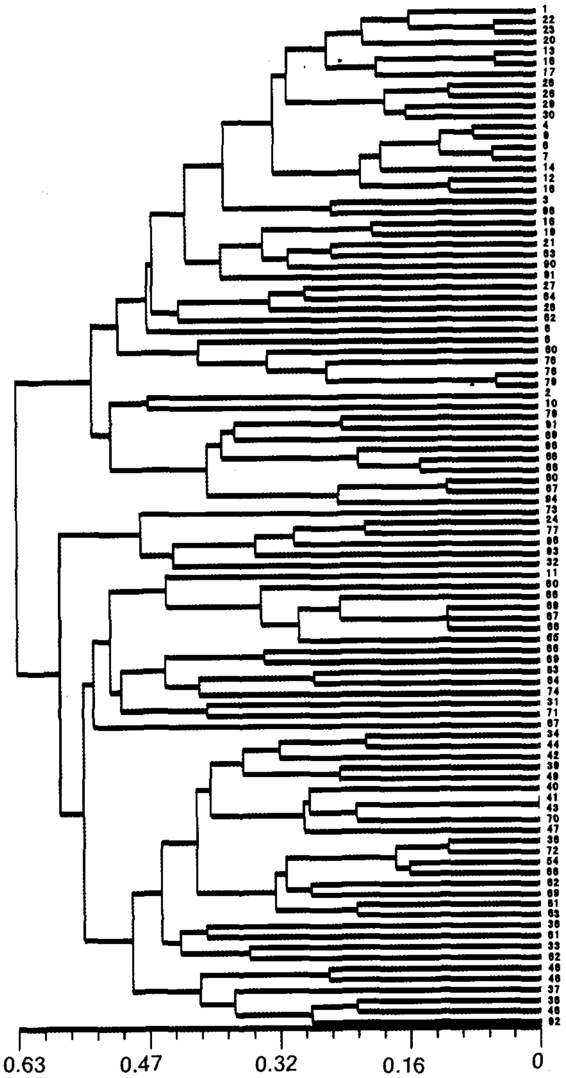

图1　96份香稻资源的聚类分析树状图及Nei's遗传距离

Fig. 1 Dendrogram of cluster analysis and Nei's genetic distances among 96 accessions of aromatic rice

3　讨论

水稻种质资源是水稻选育种的重要物质基础。近年来随着国际市场对优质香米的需求量日益增加，对我国优质香稻的育种提出了新的挑战。我区近年育种和推广种植的优质香稻如八桂香、田东香、桂平香等，和国际名牌香米相比，它们的外观品质、食味品质等方面都有待提高。来自南亚的Basmati香米，因其具有米粒长、垩白度低等优良的外观品质以及胶稠度高、中等直链淀粉含量等优异的食味品质，在国际上具有极强的竞争力。我区的优质稻表现出的直链淀粉含量偏低、胶稠度总体偏低等缺点在优质香稻中也存在(陈远孟等，2004)，如果单纯依靠我区的优质稻和优质香稻作为亲本期望培育出具有国际竞争力的优质香稻，其难度将非常大。

在水稻杂交育种实践中，正确地选配亲本是杂交育种工作的关键。其中，选配亲本的重要原则之一就是选择不同生态型、不同地理来源和不同亲缘关系的品种作为育种亲本，由于亲本间的遗传基础差异大，杂交后代分离比较广，容易选出性状超越亲本和适应性较强的新品种。在育种实践中，我们发现南亚香稻种质在表型特征特性上具有多样性：有长、中、短粒型，有红、白香米，有红壳白米、红壳红米、白壳红米等类型。因此引进、研究、利用南亚的优质香源，导入这些香源米粒长、垩白度低、胶稠度高、中等直链淀粉含量等特性，对改良和培育我区优质香稻品种都十分必要。

对传统或杂交改良的Basmati及其他一些香稻资源等作SSR遗传多样性分析结果，Surender等(2004)、Sunita等(2004)、Priyanka等(2004)研究获得的平均的PIC分别为0.447、0.6、0.62，而本研究

维普资讯 http://www.cqvip.com

表 3 96 份香稻种质资源 16 个 SSR 位点的等位基因频率和遗传多样性

Table 3 Allele frequency and genetic diversity at 16 polymorphic loci in 96 accessions of fragrant rices

SSR 引物 SSR primers	组类 Groups	等位基因频率 Allele frequency														等位基因数 No. of allele	PIC	HS
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14			
RM216	SA	0.013	0.088	0.899	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.171	0.184
	GA	0.000	0.389	0.611	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.362	0.475
RM11	SA	0.023	0.057	0.284	0.102	0.534	—	—	—	—	—	—	—	—	—	5	0.563	0.620
	GA	0.000	0.000	0.944	0.000	0.056	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.099	0.105
RM231	SA	0.215	0.696	0.089	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.408	0.461
	GA	0.445	0.222	0.333	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.568	0.642
RM251	SA	0.075	0.375	0.138	0.350	0.062	—	—	—	—	—	—	—	—	—	5	0.659	0.708
	GA	0.056	0.500	0.000	0.333	0.111	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.557	0.624
RM279	SA	0.462	0.205	0.333	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.559	0.634
	GA	0.222	0.722	0.056	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.371	0.426
RM328	SA	0.118	0.118	0.392	0.372	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.621	0.680
	GA	0.050	0.050	0.100	0.800	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.326	0.345
RM475	SA	0.037	0.469	0.494	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.426	0.535
	GA	0.050	0.350	0.600	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.424	0.515
RM169	SA	0.273	0.376	0.351	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.587	0.661
	GA	0.667	0.000	0.333	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.346	0.444
RM410	SA	0.187	0.147	0.013	0.013	0.640	—	—	—	—	—	—	—	—	—	5	0.486	0.534
	GA	0.688	0.062	0.000	0.000	0.250	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.398	0.461
RM84	SA	0.090	0.846	0.064	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.254	0.272
	GA	0.000	0.944	0.056	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.099	0.105
RM547	SA	0.042	0.115	0.000	0.012	0.012	0.018	0.067	0.176	0.079	0.012	0.067	0.121	0.115	0.164	13	0.872	0.884
	GA	0.000	0.059	0.029	0.000	0.000	0.000	0.029	0.294	0.029	0.000	0.148	0.059	0.059	0.294	9	0.765	0.792
RM206	SA	0.128	0.026	0.026	0.474	0.077	0.269	—	—	—	—	—	—	—	—	6	0.632	0.679
	GA	0.556	0.000	0.056	0.000	0.056	0.332	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.500	0.574
RM4A	SA	0.027	0.067	0.049	0.201	0.290	0.009	0.018	0.330	0.009	—	—	—	—	—	9	0.720	0.758
	GA	0.000	0.062	0.021	0.229	0.188	0.000	0.063	0.312	0.125	—	—	—	—	—	7	0.761	0.791
RM559	SA	0.012	0.012	0.059	0.012	0.541	0.364	—	—	—	—	—	—	—	—	6	0.489	0.570
	GA	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.375	0.500
RM5351	SA	0.037	0.012	0.158	0.232	0.476	0.085	—	—	—	—	—	—	—	—	6	0.643	0.686
	GA	0.000	0.000	0.056	0.833	0.111	0.000	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.269	0.290
RM276	SA	0.012	0.012	0.049	0.146	0.464	0.281	0.024	0.012	—	—	—	—	—	—	8	0.633	0.682
	GA	0.000	0.000	0.444	0.000	0.000	0.556	0.000	0.000	—	—	—	—	—	—	2	0.372	0.494
Σ	SA															85	8.723	9.547
	GA															55	6.591	7.583
平均值 Mean	SA															5.31	0.55	0.60
	GA															3.44	0.41	0.47

SA、GA 分别表示南亚香稻和广西香稻资源；PIC、Hs 的平均值为全部 16 个位点的平均值。Means of SA and GA fragrant rice from South Asia and in Guangxi province respectively. Means of PIC and Hs are averages of all 16 loci.

维普资讯 http://www.cqvip.com

的平均 PIC 为 0.55，与研究报道的结果较接近，其中的差别可能是所用的 SSR 引物不同、研究所用的香稻材料及试验材料的数量多少也不同所致。而在分子水平上对广西的香稻资源作遗传多样性分析的报道尚未发现。为此，本研究进一步在分子水平上，从多态位点数、平均每个位点的等位基因数、多态信息含量、遗传多样性指数等方面分析比较南亚香稻资源和广西栽培香稻资源的遗传背景和遗传差异，从而论证利用南亚香稻资源作为改良广西香稻品种的亲本的可行性。

比较结果(表 3)证明了南亚香稻资源的多态位点数、平均每个位点的等位基因数、多态信息含量、遗传多样性指数均显著高于广西香稻资源，说明南亚香稻资源比广西香稻资源更具丰富的遗传多样性。从聚类结果来看，大部分的南亚香稻资源或大部分的广西香稻资源可各自聚为一类(图 1)，反映了大部分南亚和广西香稻种质资源存在遗传差异性和地理远缘性，也证明了这是两类不同生态型、不同地理来源的香稻资源。因此引进这些南亚香稻资源，并从表型特征特性和分子水平上进行研究，进而有选择性地利用这些外引的南亚香稻资源作为育种亲本，将有利于培育广西的优质香稻新品种。

致谢　*本研究是在广西作物遗传改良生物技术重点开放实验室完成。*

参考文献：

谢黎虹，陈能，段斌伍，等. 2004. 印度的巴斯马蒂香稻[J]. 中国稻米，**3**:37－38

顾万春. 统计遗传学[M]. 2004. 北京：科学出版社

陈远孟，蒋显斌，罗群昌，等. 2004. 广西优质常规稻育种的若干问题及策略[J]. 广西农业科学，**3**:249－252

Aggarwal K，Shenoy V，Ramadevi J，*et al*. 2002. Molecular characterization of some Indian Basmati and other elite rice genotypes using fluorescent-AFLP[J]. *Theor Appl Genet*，**105**(5)：680－690

Fan YY(樊叶杨)，Zhuang JY(庄杰云)，Wu JL(吴建利). 2000. SSLP-based identification of subspecies in rice(*Oryza sativa*)(应用微卫星标记鉴别水稻籼粳亚种)[J]. *Hereditas*(遗传)，**22**(6)：392－394

Liu F(刘峰)，Dong FY(东方阳)，Zou JJ(邹继军). 2000. Soybean germplasm diversity and genetic variancedetected by microsatellite markers(应用微卫星标记进行大豆种质多样性和遗传变异性分析)[J]. *Acta Genet Sin*(遗传学报)，**27**(7)：628－633

Nagaraju J，Kathirvel M，Kumar R R，*et al*. 2002. Genetic analysis of traditional and evolve Basmati and non-Basmati rice variety by using fluorescence base ISSR-PCR and SSR markers[J]. *Proc Natt Acad Sci*，**99**(9)：5 836－5 841

Nei M，Li WH. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases[J]. *Proc Natl Acad Sci USA*，**76**：5 269－5 273

Priyanka S，Sunita J，Navinder S，*et al*. 2004. Allelic diversity among Basmati and non-Basmati long-grain indica rice varieties using microsatellite markers[J]. *J Plant Biochem Biotech*，**13**：125－132

Roder M S，Victor K，Katja W，*et al*. 1998. A microsatellite map of wheat[J]. *Genetics*，**149**：2 007－2 023

Sarkarung S，Somrith B，Chitrakorn S. 谢黎虹，等(译). 2003. 泰国的香稻[J]. 中国稻米，**4**：40－41

Sha X Y，Steven D，Linscombe. 2003. Specialty rice for Louisiana [J]. *Louisiana Agriculture*，**46**(3)：(from internet)

Sun CQ(孙传清)，Wang XK(王象坤)，Atsushi(吉村淳). 2002. A study of the genetic diversity of common wild rice(*O. rufipogon*) and cultivated rice (*O. sativa*) by RFLP analysis(普通野生稻和亚洲栽培稻遗传多样性的研究)[J]. *Acta Genet Sin*(遗传学报)，**27**(3)：227－234

Sunita Jain，Jain P K，McCouch S R. 2004. Genetic analysis of Indian aromatic and quality rice(*Oryza sativa*) germplasm using panels of fluorescently-labeled microsatellite markers[J]. *Theor Appl Genet*，**109**：5 965－5 977

Surender P，Sunita J，Navinder S，*et al*. 2004. Identification of microsatellite markers for differentiating some Basmati and non-Basmati rice varieties[J]. *Ind J Biotech*，**3**：4 519－4 526

Wu YT(武耀廷)，Zhang TZ(张天真)，Guo WZ(郭旺珍). 2001. Detecting polymorphism among up-land cotton(*Gossypium hirsutum*) cultivars and their roles in seed purity of hybrids with SSR markers(陆地棉品种 SSR 标记的多态性及用于杂交种纯度检测的研究)[J]. *Cotton Sci*(棉花学报)，**13**(3)：131－133