

海南主要普通野生稻的调查及利用 RAPD 技术进行鉴别分析

王晓玲^{1,2}, 郭安平^{1*}, 孔 华¹, 刘恩平¹, 贺立卡¹

(1. 中国热带农业科学院 热带生物技术研究所, 海口 571101; 2. 江西省农业科学院 水稻研究所, 南昌 330200)

摘 要: 通过对海南现存的主要普通野生稻资源进行考察, 报道了海南主要普通野生稻的最新生存状况; 并用 RAPD 技术对其进行分析。从供试材料中筛选出具有多态性的 RAPD 引物 13 条, 共扩增出 155 条带, 其中多态性条带 120 条, 多态性条带比率 (PPB) 值为 77.42%。UPGMA 聚类结果表明: 海南主要普通野生稻之间遗传关系较复杂、差异较明显, 并将海南主要普通野生稻资源划分为 5 个小类群, 可以很好地将海南本地野生稻与收集保存的野生稻鉴别开来, 为海南普通野生稻资源的合理利用与有效保护提供了重要依据。

关键词: 普通野生稻; 资源; RAPD 标记; 遗传多态性

中图分类号: Q949.71 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3142(2008)06-0741-05

Investigation, identification and analysis of main common wild rice (*Oryza rufipogon*) from Hainan Province by RAPD

WANG Xiao-Ling^{1,2}, GUO An-Ping^{1*}, KONG Hua¹,
LIU En-Ping¹, HE Li-Ka¹

(1. Institute of Tropical Bioscience and Biotechnology, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences, Haikou 571101, China; 2. Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China)

Abstract: Nowadays existing state of common wild rice (*Oryza rufipogon*) from Hainan Province was investigated in this paper. Genetic diversity of them were studied and researched by random amplified polymorphic (RAPD) primers. Total 13 RAPD primers were screened. From RAPD marker graphs, 155 bands were generated, including 120 polymorphic bands, with 77.42% proportion of polymorphic bands (PPB). Clustering analysis by UPGMA showed that *O. rufipogon* from Hainan could be classified into 5 types. Common wild rices between local species and collected species could be identified. The model of utilizing reasonably and protecting effectly natural population of common wild rice was proposed.

Key words: common wild rice (*Oryza rufipogon*); resource; RAPD Marker; genetic diversity

稻属 (*Oryza*) 是和人类生存密切相关的物种之一, 现有 22 个种, 其中 2 个为栽培稻, 其余均为野生稻 (卢宝荣等, 2001; 张乃群等, 2002)。我国有 3 种野生稻: 普通野生稻 (*O. rufipogon*)、药用野生稻

收稿日期: 2007-11-07 修回日期: 2008-05-16

基金项目: 国家农业部农业结构调整重大技术研究专项 (06-11-03B); 中央级公益性科研院所基本科研业务费热带区转基因植物生物安全及生物多样性研究; 华南热带农业大学创新基金 (RBCX-0505) [Supported by the Special Fund for Major Technology Research of Agricultural Structure Adjustment, Ministry of Agriculture (06-11-03B); Special Fund for Basic Scientific Research of the National Non-profit Institutes from Chinese Government; Innovation Foundation of South China University of Tropical Agriculture (RBCX-0505)]

作者简介: 王晓玲 (1981-), 男, 江西樟树市人, 在读硕士, 主要从事野生稻研究, (E-mail) wgxoling@163.com.

* 通讯作者 (Author for correspondence, E-mail: gap211@126.com)

(*O. officinalis*)和疣粒野生稻(*O. meyeriana*)。海南是我国具有全部3种野生稻的两个省份之一,而且这3种野生稻资源丰富、类型复杂,因此海南野生稻在我国栽培稻起源演化过程中具有相当重要的地位,但是近年来海南普通野生稻和其他地方的野生稻一样遭到了严重的破坏,原来有的许多地方现已经或即将消失。为此,1992年,我国将这3种野生稻均列为国家二级保护植物(高立志等,1999)。

海南现存的普通野生稻资源遗传背景还不清楚,过去仅根据其地理分布对海南普通野生稻进行居群划分,或对个别居群进行遗传关系分析(陈良兵,2004;陈良兵等,2005),缺乏遗传水平上的系统研究,很难提供科学依据,加之海南是个天然的育种温室,除具有本地野生资源外,育种专家也会设法引入外地资源,这对本地野生资源的研究与保护加大

了难度。RAPD标记现已广泛用于遗传分析(徐鑫等,2005;何华勤等,2004;Virk等,1995)、基因定位(庄楚雄等,2000;Yong等,1999;Mohan等,1994),是一种非常廉价、有用的分子手段。本研究以收集海南主要现存的原生境普通野生稻与3个收集种为材料,运用RAPD分子标记技术,分析海南本地普通野生稻居群间的遗传差异,区分保存了不久、但现在又不明来历的野生稻,为海南现存普通野生稻资源的科学利用和有效保护提供参考。

1 材料和方法

1.1 材料

以海南原生境收集的7个主要居群普通野生稻(*Oryza rufipogon*)及收藏、保存的3个野生稻为

表1 海南现存主要普通野生稻调查表(2006年11月)
Table 1 Investigation table of main common wild rice in Hainan Province

编号 No.	类型 Type	材料来源 Origin	特征 Characteristics	现存状况 Standing crop	原生境地理位置与生态环境
X1	琼海型	琼海中原镇 鸣皮村	匍匐,叶小、深绿	6.67 hm ²	位于琼海中原镇鸣皮村后,南北村庄相夹的池塘、水沟范围内,旁边均是杂优稻田。已建立保护区
X2	儋州保护区型	儋州和庆农场 4队	匍匐,叶小、深绿	近6.67 hm ²	位于儋州和庆农场4队,东、南、西三面丘陵包围的水沟内,丘陵上均开发种植橡胶树、果树。已建立保护区
X3	文昌保护区型	文昌东路路 路口	匍匐,叶小、深绿	近6.67 hm ²	位于文昌东路高速公路路口的一片低洼湿地和水沟内,已建立保护区
X4	万宁型	万宁东澳明 星村委坡尾 村	匍匐,叶小、深绿	12 hm ² 以上	位于万宁东澳镇明星村委坡尾村及三更、后安、长丰、礼纪等村的沼泽、水沟、陆地区。居群最密集,范围最大。核心区由周围地势相对高一点的水稻田包围(现在是中国发现的最大居群)
X5	乐东型	乐东黄流镇 新荣村	匍匐,叶小、深绿	0.27 hm ² (少量)	位于乐东黄流镇新荣村后的一个小池塘内,有杂草与其激烈竞争,野生稻零星地生长于杂草间,池塘四周均为杂优稻田,此居群即将灭绝
X6	文昌三江洋型	文昌三江洋 湿地	匍匐,叶小、深绿	栽培稻示范区 水沟内(少量)	位于文昌三江洋湿地和三江洋栽培稻示范区水沟内,其中湿地内的已经灭绝
X7	文昌三江洋型	文昌三江洋 示范区水沟	匍匐,叶小、深绿	栽培稻示范区 水沟内(少量)	位于文昌三江洋湿地和三江洋栽培稻示范区水沟内,其中湿地内的已经灭绝
X8	三亚 WZ1	三亚 WZ1	半匍匐,叶小、深绿	保存	保存于中国热带农业科学院农业生物安全检测中心基地。
X9	三亚 WZ2	三亚 WZ2	直立,叶中等、深绿	保存	
X10	长雄野稻	长雄野稻	直立,叶大、浅绿	保存	

材料,具体材料名称及详情见表1。

1.2 方法

1.2.1 材料的收集 以当地主管部门介绍为主,对海南普通野生稻进行原生境实地调查、收集部分材料,并记录现存野生稻所占面积、原生境地理位置与生态环境。

1.2.2 儋州居群为例原生境与异位保存后的形态比较 实地考种与异位保存一年后考种进行对比,比较两种不同生态条件下普通野生稻的株高、穗长、穗

颈长、剑叶长、剑叶宽、芒长等形态指标,用 SAS9.0 软件进行统计分析。

1.2.3 基因组 DNA 的提取 用 CTAB 法提取普通野生稻总 DNA,参照谢中稳等(1999)和沙爱华等(2005)的方法。

1.2.4 RAPD 引物筛选及扩增 参照晏慧君等(2006)、郭安平等(2001,2002,2003),先选取1份材料进行预备试验,从选择合成的40个RAPD引物中筛选出13个能够扩增出清晰条带、反应稳定的

RAPD 引物(表 1)。扩增试剂为: TaqDNA 聚合酶、dNTP 购于上海申能博彩, 随机引物由上海生工合成。PCR 反应体系包括: DNA 模板($50 \text{ ng} \cdot \text{mL}^{-1}$) $1.0 \mu\text{L}$, $10 \times \text{PCR buffer (with Mg}^{2+})$ 2 mL , TaqDNA 聚合酶($5 \text{ U} \cdot \text{mL}^{-1}$) $0.4 \mu\text{L}$, 引物($20 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$)各 $0.5 \mu\text{L}$, dNTPs $10 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$) $0.5 \mu\text{L}$, 加 ddH₂O 至体积为 $20 \mu\text{L}$ 。反应程序为: $95 \text{ }^\circ\text{C}$ 预变性 5 min ; 进入循环, 每个循环 $96 \text{ }^\circ\text{C}$ 变性 30 s , $36 \text{ }^\circ\text{C}$ 退火 30 s , $72 \text{ }^\circ\text{C}$ 延伸 60 s , 共 5 个循环; 再每个循环 $94 \text{ }^\circ\text{C}$ 变性 30 s , $36 \text{ }^\circ\text{C}$ 退火 30 s , $72 \text{ }^\circ\text{C}$ 延伸 60 s , 共 40 个循环; 最后 $72 \text{ }^\circ\text{C}$ 后延伸 5 min , 取出放置 $4 \text{ }^\circ\text{C}$ 冰箱冷却、保存。电泳时用 1.5% 的琼脂糖凝胶, $3:40000$ golden view 染色。电泳条件: $1 \times \text{TAE}$ 电极缓冲液, 恒压 90 v , 电泳 1.5 h 。

1.2.5 数据处理与聚类分析 电泳图谱中, 每一条带代表引物与模板的一个结合位点, 视为有效的分子标记(顾红雅等, 1998), 用 DL2000 和 DL100 梯度 marker 作为对照分子量标记, 根据各条带迁移距离, 将电泳结果中稳定出现的条带(取强不取弱)的

有、无分别赋值为 1, 0, 统计后将 0, 1 矩阵输入 Excel, 采用 NTSYS-PC2.1 分析软件计算各材料之间的 Nei 氏相似性系数和遗传距离, 利用 UPGMA 法 (unweighted pairgroup mean average) 进行聚类分析, 建立系统树。

2 结果与分析

2.1 海南主要普通野生稻现状

从 2006 年 11 月份对海南普通野生稻资源的实地调查发现, 海南普通野生稻基本属匍匐型, 在靠近堤岸处, 由于营养丰富, 借助堤岸的作用力, 各个居群都发现有部分呈现出了直立型。生长环境遭到了不同程度的破坏。从原生境与异位保存一年后的形态特征来看, 株高、剑叶长、剑叶宽、穗长、穗颈长等均有明显差异(表 2), 其中, 除株高、剑叶长之外, 剑叶宽、穗长、穗颈长之间都达到了极显著差异, 说明普通野生稻的形态特征与其生态环境(特别是营养条件)有较大的关系。调查结果显示(表 1), 海南现

表 2 海南儋州普通野生稻株型调查表

Table 2 Investigation of plant style of common wild rice from Danzhou

性状 (cm)	样品数 (N)	原生境株型			保存一年后的株型			t 测验 T-test
		Plant style in <i>in-situ</i> environments			Plant style in <i>ex-situ</i> environments for one year			
		范围	均值	标准偏差	范围	均值	标准偏差	
芒长	80	5.50~12.00	8.18	1.48	5.50~8.50	6.62	0.98	0.0856
穗长	80	23.50~40.00	31.04	3.45	16.00~20.00	18.25	2.06	0.0107 **
穗颈长	80	31.00~95.00	60.86	10.96	-6.50~3.00	-1.38	4.84	0.0031 **
剑叶长	80	14.50~45.00	30.14	6.54	15.00~20.00	17.25	2.06	0.0441 *
剑叶宽	80	1.20~2.10	1.68	0.20	1.00~1.20	1.05	1.00	0.0002 **
株高	80	130.00~280.00	183.21	29.07	110.00~160.00	137.50	29.30	0.0445

注: ** 表示差异达到显著

存的普通野生稻资源在极速减少, 部分居群已经或即将消失, 最明显的表现在三亚、乐东、文昌型, 其中在三亚已很难找到原生境的野生稻; 乐东黄流镇新荣村的生存条件也非常恶劣, 估计这一两年内也将消失; 文昌三江洋湿地的, 当我们一个月后再去时发现已经消失, 幸好在文昌东路已建立普通野生稻原生境保护点。

2.2 扩增产物的多态性分析

从 RAPD 扩增图谱(图 1)的结果来看, 筛选出来的 13 个随机引物(表 3)总共扩增到 155 条带, 其中多态性条带 120 条, 多态性条带百分率(PPB)为 77.42%。不同引物扩增出的清晰带数在 7~18 条之间, 平均每个引物扩增出的条带数为 11.92 条, 扩增出多态性带数的范围为 5~16, 其中引物 6 扩增

出的多态性片段百分率(PPB)最大, 为 91.67%, 引物 1 最小, 为 60%。

2.3 数据与聚类分析

对扩增结果整理得到的数据矩阵用 NTSYS-PC2.1 软件进行分析, 按 Nei 氏(1987)的公式, 计算遗传相似性系数($GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$), 其中 N_{ij} 为两者均有的带数, N_i 、 N_j 分别表示各自扩增的带数, 得到 RAPD 扩增结果的相似性系数矩阵, 根据对遗传相似性的计算结果, 获得各供试材料的遗传距离。用算术平均非加权配组法(unweighted pairgroup mean average UPGMA)进行聚类分析。从得到的数据和聚类树状图可以看出(表 4、图 2), 文昌三江洋湿地和三江洋栽培稻示范区水沟内的遗传距离最小, 为 0.135, 说明这两个类型之间遗传变异

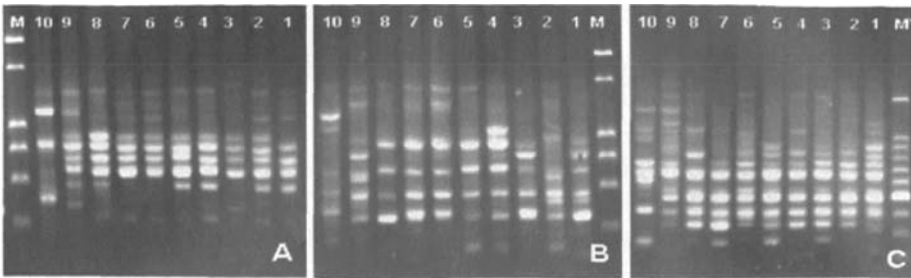


图 1 A、B、C 分别为 RAPD 引物 3、4、5 对 10 个供试样品扩增的结果,其中 M 为 2000 标准分子量, M' 为 100 梯度标准分子量; 1. X1, 2. X5, 3. X2, 4. X4, 5. X3, 6. X6, 7. X7, 8. X8, 9. X9, 10. X10.

Fig. 1 Electrophoretic analysis of amplification products obtained from 10 samples with the RAPD primers 4, 9, 11 to fig A, B, C. Lanes are as follows, M, DL2000 DNA Marker, M', DL100 gradient DNA marker.

表 3 供试引物的碱基序列及扩增结果

Table 3 The sequence list of primers and number of associated monomorphic and polymorphic bands observed among genotypes

引物 序列号 Serial No. of primers	碱基 Sequence (5'→3')	扩增片 段总数 Total amplified fragment	多态性 片段 Polymorphic fragment	多态性条 带比率 Percentage of polymorphic bands(PPB)
1	ACCggCTTgT	10	6	0.6000
2	AAGCggCCTC	10	7	0.7000
3	AAGACCCT	13	10	0.7692
4	gggATATCgg	14	11	0.7857
5	CAGTgCCggT	16	14	0.8750
6	ggACACCACT	12	11	0.9167
7	TggACCggT	11	9	0.8182
8	gATgCCAgAC	7	6	0.8571
9	gAACggACTC	14	11	0.7857
10	ACgCCAgAgg	13	8	0.6154
11	ggATgCCACT	7	5	0.8143
12	gAgCgTCgCT	18	16	0.8889
13	AATggCgCAG	10	7	0.7000

程度最小,乐东与长雄野稻(*O. longistaminata*)型遗传距离最大,为 0.555,说明它们之间遗传变异相

对较大。所有材料可以明显地划分为 2 个大组,5 个小组,第 1 个大组集中了海南本地种的 7 个类型(琼海型、儋州型;万宁型、乐东型;文昌三江洋湿地型、文昌三江洋示范区型;文昌东路路口型)和三亚 WZ1 型。第 2 大组是三亚 WZ2 型和长雄野稻型。从这 2 个大组的划分来看,可明显地将匍匐型与直立型划分开来。5 个小组的划分可以将海南普通野生稻按照遗传多样性进行区域性划分,这比按照地方命名的居群划分更科学了一些。对海南这些普通野生稻进行遗传差异地划分将为以后对不同居群间亲缘关系的进化研究取样提供了依据。

3 讨论

3.1 加强海南普通野生稻的保护

虽然到目前为止,已在海南文昌、琼海、儋州(万宁正在筹建)建立了原生境自然保护区,但其生存状况仍不太乐观,由于保护区的范围有限,很难保证野生稻资源不至于流失。乐东、三亚的即将消失,其它

表 4 各居群遗传距离(上)相似系数(下)

Table 4 Matrix of pairwise Nei's genetic identity(diagonal below and distance above) based on data of 10 common wild rice

	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10
X1	* * *	0.28	0.392	0.379	0.344	0.491	0.474	0.367	0.433	0.506
X2	0.716	* * *	0.411	0.299	0.28	0.356	0.388	0.368	0.319	0.553
X3	0.632	0.632	* * *	0.3	0.298	0.393	0.358	0.271	0.475	0.523
X4	0.626	0.703	0.71	* * *	0.228	0.362	0.328	0.291	0.456	0.555
X5	0.665	0.729	0.723	0.768	* * *	0.344	0.278	0.289	0.405	0.461
X6	0.542	0.658	0.639	0.645	0.671	* * *	0.135	0.285	0.336	0.509
X7	0.568	0.645	0.677	0.684	0.735	0.858	* * *	0.267	0.416	0.436
X8	0.658	0.671	0.755	0.723	0.735	0.729	0.755	* * *	0.396	0.519
X9	0.581	0.684	0.574	0.568	0.619	0.665	0.613	0.639	* * *	0.358
X10	0.555	0.542	0.574	0.529	0.606	0.561	0.626	0.587	0.665	* * *

地区的,估计不久也只有小小的保护区内才有野生稻的痕迹。为了更好地保护好普通野生稻资源,呼吁当地政府号召群众增强保护意识,鼓励保护行为,促进人与野生资源的和谐发展。

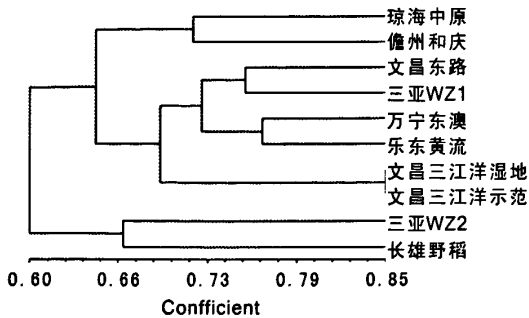


图 2 10 个供试材料 RAPD 的 UPGMA 聚类图
Fig. 2 Dendrogram generated by UPGMA cluster analysis of RAPD polymorphism showing genetic divergence among 10 common wild rices in Hainan

3.2 遗传分析的探讨

从 RAPD 分析得到的数据与聚类结果来看,将海南主要普通野生稻资源分为 5 个小组,进行这 5 个小组的划分为以后对其亲缘关系与进化研究时取样无疑起到了指导性的作用,这也是对陈良兵等(2005)的研究作了进一步的完善。文昌三江洋湿地型与文昌三江洋示范区水沟型由于地理位置的靠近,其相似系数最大,为 0.858。三亚 WZ1、三亚 WZ2 均保存于中国热带农业科学院农业生物安全检测中心基地,其来历现已不明,其中三亚 WZ1 聚类在第 1 大组类,一个最简单的原因可能是它们均属于匍匐型,但其进一步聚类的范围是与文昌东路保护区型聚在一起,且之间的距离比第 1 小组(琼海与儋州)之间的距离还小,因此,估计它有可能是海南本地种。从形态上来看,三亚 WZ2 与长雄野稻均属于直立型,与海南其它普通野生稻有较大区别。另外从原生境收集的野生稻资源异位保存后发现:普通野生稻的叶形、地上茎节、株高、分蘖力、穗粒数等均有显著性改变,说明野生稻生长的生态环境对它们的部分性状和遗传结构有一定的影响,与晏慧君(2006),Ravil 等(2003)的结论是一致的,这也是提出要进行野生资源原生境保护策略的原因之一。

参考文献:

Chen LB(陈良兵). 2004. The study of genetic structure of popula-

tion of common wild rice *O. pufipogon* Griff. in Sanya and Qionghai(三亚和琼海普通野生稻群体遗传结构的研究)[D]. Master degree thesis from Guangxi University(广西大学硕士论文)

Chen LB(陈良兵),Zhu MX(朱美霞). 2005. Genetic analysis on common wild rice *Oryza rufipogon* from Qionghai and Sanya by using SSR marker(琼海与三亚两地普通野生稻的 SSR 标记分析)[J]. *J Northwest Sci-Tech Univ of Agric Fore(Nat Sci)* (西北农林科技大学学报·自然科学版),33(12):58-62

Clark MS(顾红雅,瞿礼嘉译). 1998. 植物分子生物学实验手册[M]. 北京:高等教育出版社:3-11

Gao LZ(高立志),Hong DY(洪德元). 1999. Advances in the studies on the genus *Oryza* in China(中国稻属研究的主要进展)[J]. *Sci Agric Sin(中国农业科学)*,32(6):40-46

Guo AP(郭安平),Zhou P(周鹏),Su JG(粟建光). 2002. Random amplified polymorphic DNA(RAPD)analyses among *Hibiscus cannabinus* and related species(红麻及其近缘种的 RAPD 分析)[J]. *J Trop Subtrop Bot(热带亚热带植物学报)*,10(4):306-312

Guo AP(郭安平),Zhou P(周鹏),Li XY(黎小瑛),et al. 2003. RAPD analyses of 17 ramie(*Boehmeria nivea*)cultivars(17 份苧麻栽培品种的 RAPD 分析)[J]. *J Agric Biotech(农业生物技术学报)*,11(8):318-320

Guo AP(郭安平),Zhou P(周鹏),Peng SQ(彭世清),et al. 2001. Factors affecting the reaction system of RAPD analysis in *Boehmeria* Jacq(苧麻属植物 RAPD 反应体系影响因子的研究)[J]. *Chin J Trop Crops(热带作物学报)*,22(3):64-69

HQ(何华勤),Jia XL(贾小丽),Liang YY(梁义元),et al. 2004. Assessment of genetic diversity of allelopathic rice germplasm based on RAPD and ISSR(RAPD 和 ISSR 标记对水稻化感物质资源遗传多样性的分析)[J]. *Acta Genet Sin(遗传学报)*,31(9):888-894

Jia BY(贾宝艳),Wang BL(王伯伦),Gan RX(关荣霞). 2005. RARD analysis of rice cultivars with different plant types in Liaoning(辽宁不同株型水稻品种的 RAPD 分析)[J]. *Acta Agron Sin(作物学报)*,31(7):952-955

Lu BR(卢宝荣),Ge S(葛颂),Sang T(桑涛),et al. 2001. The current taxonomy and perplexity of the genus *Oryza*(Poaceae)(稻属分类的现状及其存在问题)[J]. *Acta Phytotax Sin(植物分类学报)*,39(4):373-388

Mohan M,Nair S,Bentur JS,et al. 1994. RFLP and RAPD mapping of the rice Gm2 gene that confers resistance to biotype 1 of gall midge(*Orseolia oryzae*)[J]. *Theor Appl Genet*,87:782-788

Nei M. 1987. Molecular evolutionary genetics[M]. New York: Columbia University Press:1-512

Ravil M,Geethanjali S,Sameeyarheen1 F,et al. 2003. Molecular marker based genetic diversity analysis in rice(*Oryza sativa*) using RAPD and SSR markers[J]. *Euphytica*,133:243-252

Sha AH(沙爱华),Zhang DP(张端品). 2005. Rapid DNA Isolation from Dry Seeds for RAPD and SSR(一种从干种子提取 DNA 用于 RAPD 和 SSR 分析的简便方法)[J]. *J Huazhong Agric Univ(华中农业大学学报)*,24(6):561-563

Virk RS,Newbury HJ,Jackson MT,et al. 1995. The identification of duplicate accessions within a rice germplasm collection using RAPD analysis[J]. *Theor Appl Genet*,90:1 049-1 055

(下转第 749 页 Continue on page 749)

进行并进而形成果实的关键因素。菠萝蜜的雌、雄花均小而不鲜艳,花粉粒小而量多,且质地轻,是典型的风媒传粉植物,因而干燥的气候条件有利于花粉粒的传送。在育种工作中,适当选育花期较早或较迟的类型,避开在3~4月的梅雨季节开花传粉,使更多的雌花能获得受精机会,有利于菠萝蜜单果产量的提高;在梅雨季节开花的类型,生产上则应辅以人工授粉。

4 结论

菠萝蜜的叶是典型的异面叶,解剖结构显示有较强的耐旱和抗虫能力;花为典型的风媒花,异花传粉,三孔花粉粒。

参考文献:

- 胡宝忠,胡国宜. 2002. 植物学[M]. 北京:中国农业出版社:48-49
- 张宪省,贺学礼. 2003. 植物学[M]. 北京:中国农业出版社:174-176
- Li XJ(李秀娟),Zhong M(钟敏). 2004. Study on granular morphology of starch isolated from jack-fruit seeds(菠萝蜜种子淀粉颗粒性质的研究)[J]. *Food Sci(食品科学)*, (6):69-74
- Li Y(李移),Li SD(李尚德),Chen J(陈杰). 2003. Analysis on trace elements in *Artocarpus heterophyllus*(菠萝蜜微量元素含量的分析)[J]. *Guangdong Trace Element Sci(广东微量元素科学)*,10(1):57-59
- Mitra SK,Mani D. 2000. Conservation and utilisation of genetic resources in jackfruit (*Artocarpus heterophyllus*)-a potential underutilised fruit[J]. *Acta Hort(ISHS)*,523:229-232
- Na Z(纳智). 2004. Analysis of aroma components from the fruits of *Artocarpus heterophyllus*(菠萝蜜中香气成分分析)[J]. *J Trop Subtrop Bot(热带亚热带植物学报)*,12(6):538-540
- Tan LH(谭乐和),Zheng WQ(郑维全). 2000. Starch extraction of jack-fruit seeds and determination of its physicochemical characteristics(菠萝蜜种子淀粉提取及其理化性质测定)[J]. *Nat Sci J Hainan Univ(海南大学学报)*, (4):388-390
- Tang WP(唐为萍),Chen SS(陈树恩). 2005. Observation on the vessel elements of secondary xylem in jackfruit *Artocarpus heterophyllus*(菠萝蜜次生木质部导管分子观察)[J]. *J Fruit Sci(果树学报)*,22(6):725-727
- Ye CH(叶春海),Wu T(吴钊),Feng F(丰锋),et al. 2006. Canonical correlation analysis of jackfruit germplasm collected in Leizhou Peninsula, South China(菠萝蜜种质资源调查及果实性状相关分析)[J]. *Chin J Trop Crop(热带作物学报)*,27(1):29-32
- Ye CH(叶春海),Li YZ(李映志),Feng F(丰锋). 2005. Analysis of genetic diversity of jackfruit germplasm grown in Leizhou Peninsula, China, Using RAPD marking method(雷州半岛菠萝蜜种质遗传多样性的RAPD分析)[J]. *Acta Hort Sin(园艺学报)*,32(6):1 088-1 091
- Xie ZW(谢中稳),Ge S(葛颂),Hong DY(洪德元). 1999. Preparation of DNA from silica gel dried Mini-amount of leaves of *Oryza rufipogon* for RAPD study and total DNA bank construction(从普通野生稻硅胶干燥的小量叶片中制备DNA用于RAPD分析和总DNA库的建立)[J]. *Acta Bot Sin(植物学报)*,41(8):807-812
- Xu X(徐鑫),Lu XQ(刘学群),Qu B(瞿波),et al. 2005. RAPD identification of three types of three-lines hybrid rice with different male sterile cytoplasms and their parent lines(RAPD标记鉴定水稻3种不同细胞质雄性不育类型的杂交种及其亲本)[J]. *Hereditas(遗传)*,27(3):377-381
- Yan HJ(晏慧君),Fu J(付坚),Li J(李俊),et al. 2006. Assessment of genetic diversity and relationship of *Oryza rufipogon* from Yunnan(云南普通野生稻遗传多样性和亲缘关系)[J]. *Chin Bull Bot(植物学通报)*,23(6):670-676
- Yong HJ, Sang NA, Hae CC, et al. 1999. Identification of a RAPD marker linked to a brown planthopper resistance gene in rice[J]. *Euphytica*,107:23-28
- Zhang NQ(张乃群). 2002. Review of the studies on the species relationship of the genus *Oryza*(稻属种间关系研究综论)[J]. *J Nanyang Teachers' Coll(Nat Sci)*(南阳师范学院学报·自然科学版),1(6):61-66
- Zhuang CX(庄楚雄),Mei MT(梅曼彤),Zhang GQ(张桂权),et al. 2002. Chromosome mapping of the S-b Locus for F1 pollen sterility in cultivated rice(*Oryza sativa*) with RAPD markers(用RAPD标记对栽培稻F1花粉不育基因座S-b定位)[J]. *Acta Genet Sin(遗传学报)*,29(8):700-705

(上接第745页 Continue from page 745)

海南主要普通野生稻的调查及利用RAPD技术进行鉴别分析

作者: [王晓玲](#), [郭安平](#), [孔华](#), [刘恩平](#), [贺立卡](#), [WANG Xiao-Ling](#), [GUO An-Ping](#), [KONG Hua](#), [LIU En-Ping](#), [HE Li-Ka](#)

作者单位: [王晓玲, WANG Xiao-Ling\(中国热带农业科学院, 热带生物技术研究所, 海口, 571101; 江西省农业科学院, 水稻研究所, 南昌, 330200\)](#), [郭安平, 孔华, 刘恩平, 贺立卡, GUO An-Ping, KONG Hua, LIU En-Ping, HE Li-Ka\(中国热带农业科学院, 热带生物技术研究所, 海口, 571101\)](#)

刊名: [广西植物](#) **ISTIC PKU**

英文刊名: [GUIHAI](#)

年, 卷(期): 2008, 28(6)

被引用次数: 3次

参考文献(21条)

1. [陈良兵](#) [三亚和琼海普通野生稻群体遗传结构的研究](#)[学位论文] 2004
2. [陈良兵, 朱美霞](#) [琼海与三亚两地普通野生稻的SSR标记分析](#)[期刊论文]-[西北农林科技大学学报\(自然科学版\)](#) 2005(12)
3. [Clark MS; 顾红雅; 瞿礼嘉](#) [植物分子生物学实验手册](#) 1998
4. [高立志, 洪德元](#) [中国稻属研究的主要进展](#)[期刊论文]-[中国农业科学](#) 1999(6)
5. [郭安平, 周鹏, 粟建光](#) [红麻及其近缘种的RAPD分析](#)[期刊论文]-[热带亚热带植物学报](#) 2002(4)
6. [郭安平, 周鹏, 黎小瑛, 李宗道, 郑学勤](#) [17份苧麻栽培品种的RAPD分析](#)[期刊论文]-[农业生物技术学报](#) 2003(3)
7. [郭安平, 周鹏, 彭世清, 郑学勤](#) [苧麻属植物RAPD反应体系影响因子的研究](#)[期刊论文]-[热带作物学报](#) 2001(3)
8. [何华勤, 贾小丽, 梁义元, 沈荔花, 宋碧清, 郭玉春, 梁康迳, 林文雄](#) [RAPD和ISSR标记对水稻化感种质资源遗传多态性的分析](#)[期刊论文]-[遗传学报](#) 2004(9)
9. [贾宝艳, 王伯伦, 关荣霞, 王术, 赵新华](#) [辽宁不同株型水稻品种的RAPD分析](#)[期刊论文]-[作物学报](#) 2005(7)
10. [卢宝荣, 葛颂, 桑涛, 陈家宽, 洪德元](#) [稻属分类的现状及其存在问题](#)[期刊论文]-[植物分类学报](#) 2001(4)
11. [Mohan M; Nair S; Bentur JS](#) [RFIP and RAPD mapping of the rice Gm2 gene that confers resistance to biotype 1 of gall midge \(Orseolia oryzae\)](#) 1994
12. [Nei M](#) [Molecular evolutionary genetics](#) 1987
13. [Ravil M; Geethanjali S; Sameeyafarheenl F](#) [Molecular marker based genetic diversity analysis in rice \(Oryza sativa\) using RAPD and SSR markers](#) 2003
14. [沙爱华, 张端品](#) [一种从干种子提取DNA用于RAPD 和SSR分析的简便方法](#)[期刊论文]-[华中农业大学学报\(自然科学版\)](#) 2005(6)
15. [Virk RS; Newbury HJ; Jackson MT](#) [The identification of duplicate accessions within a rice germplasm collection using RAPD analysis](#) 1995
16. [谢中稳, 葛颂, 洪德元](#) [从普通野生稻硅胶干燥的小量叶片中制备DNA用于RAPD分析和总DNA库的建立\(英\)](#)[期刊论文]-[植物学报](#) 1999(8)
17. [徐鑫, 刘学群, 瞿波, 朱英国, 王春台](#) [RAPD标记鉴定水稻3种不同细胞质雄性不育类型的杂交种及其亲本](#)[期刊论文]-[遗传](#) 2005(3)
18. [晏慧君, 付坚, 李俊, 黄兴奇, 王玲仙, 程在全](#) [云南普通野生稻遗传多样性和亲缘关系](#)[期刊论文]-[植物学通报](#) 2006(6)
19. [Yong HJ; Sang NA; Hae CC](#) [Identification of a RAPD marker linked to a brown planthopper resistance gene in rice](#) 1999

20. 张乃群 稻属种间关系研究综论[期刊论文]-南阳师范学院学报 2002(6)
21. 庄楚雄, 梅曼彤, 张桂权, 卢永根 用RAPD标记对栽培稻F1花粉不育基因座S-b定位[期刊论文]-遗传学报 2002(8)

本文读者也读过(10条)

1. 贾定洪, 郑林用, 王波, 郭勇, 甘炳成, 黄忠乾, 彭卫红, JIA Dinghong, ZHENG Linyong, WANG Bo, GUO Yong, GAN Bingcheng, HUANG Zhongqian, PENG Weihong 五个野生木耳属菌株的ISSR分析[期刊论文]-食用菌学报2008, 15(3)
2. 王福强, 张世奇, Wang Fuqiang, Zhang Shiqi 块菌的国内外研究及其有效活性成分的应用[期刊论文]-农产品加工·创新版2011(1)
3. 邓德生, 陈业渊, 张欣, DENG Sui-sheng, CHEN Ye-yuan, ZHANG Xin 应用RAPD标记研究野生荔枝种质资源[期刊论文]-植物遗传资源学报2006, 7(3)
4. 谢珍玉, 郑成木, 单加林, XIE Zhen-yu, ZHEN Chen-mu, SHAN Jia-lin 海南部分野生菊科植物类缘关系的RAPD分析[期刊论文]-海南大学学报(自然科学版) 2006, 24(3)
5. 崔莹莹, 郭安平, 王晓玲, 孔华, 郭运玲, 贺立卡, Cui Yingying, Guo Anping, Wang Xiaoling, Kong Hua, Guo Yunling, He Lika RAPD和SSR标记检测海南普通野生稻籼粳分化的比较研究[期刊论文]-热带作物学报2009, 30(6)
6. 陈良兵, 朱美霞, CHEN Liang-bing, ZHU Mei-xia 琼海与三亚两地普通野生稻的SSR标记分析[期刊论文]-西北农林科技大学学报(自然科学版) 2005, 33(12)
7. 陈霞, 李实, 刘瑰琦, 猪苓林下栽培技术初报[期刊论文]-中国林副特产2000(2)
8. 谢雪迎, 任鹏飞, 朱常香, 宫志远, XIE Xue-ying, REN Peng-fei, ZHU Chang-xiang, GONG Zhi-yuan 24个香菇菌株的鉴定与分类研究[期刊论文]-山东农业科学2009(12)
9. 符书源, 尹绍武, 陈国华, 乔淑军, 许丽丽, FU Shuyuan, YIN Shaowu, CHEN Guohua, QIAO Shujun, XU Lili 海南近海野生鞍带石斑鱼群体遗传多样性的RAPD分析[期刊论文]-海洋通报2008, 27(3)
10. 沈天峰, 王朝江, 罗信昌, 池惠荣 木耳属四个野生菌株的RAPD图谱分析[期刊论文]-食用菌学报2001, 8(4)

引证文献(3条)

1. 崔广荣, 胡能兵, 张子学, 何克勤 蝴蝶兰随机扩增多态性DNA分子标记体系优化[期刊论文]-种子 2012(10)
2. 王晓玲, 雷建国, 孔华, 郭运玲, 李马忠, 余丽琴, 余传元, 郭安平 东乡野生稻南昌异位圃内的开花习性[期刊论文]-热带作物学报 2010(07)
3. 徐中亮, 李厚奇, 何美丹, 袁潜华 海南普通野生稻居群植物物种多样性研究[期刊论文]-中国农学通报 2012(29)

引用本文格式: 王晓玲, 郭安平, 孔华, 刘恩平, 贺立卡, WANG Xiao-Ling, GUO An-Ping, KONG Hua, LIU En-Ping, HE Li-Ka 海南主要普通野生稻的调查及利用RAPD技术进行鉴别分析[期刊论文]-广西植物 2008(6)