

DOI: 10.3969/j.issn.1000-3142.2012.01.019

广西地方稻种资源核心种质 构建和遗传多样性分析

李丹婷^{1,2,3*}, 夏秀忠^{1,2,3}, 农保选^{1,2,3}, 刘开强^{1,2,3}, 张宗琼^{1,2,3}, 梁耀懋¹

(1. 广西壮族自治区农业科学院 水稻研究所, 南宁 530007; 2. 国家水稻改良中心 南宁分中心, 南宁 530007; 3. 广西水稻遗传改良重点实验室, 南宁 530007)

摘要: 以丁颖分类体系分组原则与组内逐层聚类取样方法, 对 8 609 份广西地方栽培稻资源表型数据信息进行分析, 通过对表型保留比例等评价指标的多重比较确定核心种质总体取样比例, 构建出占总体样本 5% (414 份) 的广西地方栽培稻资源初级核心种质。初级核心种质能代表总体遗传变异的 89%。用 34 对 SSR 分子标记对初级核心种质进行遗传多样性分析, 结果表明: 广西地方栽培稻资源有较高的遗传多样性 (等位基因数 A 为 4.91, Nei's 多样性指数为 0.574)。就 Nei's 遗传多样性指数而言, 粳稻高于籼稻, 晚稻高于早稻, 水稻高于陆稻, 糯稻高于粘稻; 来自桂中的稻种资源具有最高的遗传多样性。研究最终利用 SSR 数据, 把 414 份初级核心种质压缩 50% 后形成 209 份核心种质, 核心种质基因保留比例达到 98% 以上, 有效代表了广西地方栽培稻资源多样性水平。

关键词: 广西; 稻种资源; 核心种质; 多样性

中图分类号: Q949 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142(2012)01-0094-07

Construction of core collection and genetic diversity of landrace rice resources (*Oryza sativa*) in Guangxi

LI Dan-Ting^{1,2,3*}, XIA Xiu-Zhong^{1,2,3}, NONG Bao-Xuan^{1,2,3},
LIU Kai-Qiang^{1,2,3}, ZHANG Zong-Xiong^{1,2,3}, LIANG Yao-Mao¹(1. *Rice Research Institute of Guangxi Academy of Agricultural Sciences*, Nanning 530007, China;
2. *Nanning Subcenter of National Center for Rice Improvement*, Nanning 530007, China;
3. *Guangxi Key Laboratory of Rice Genetic and Improvement*, Nanning 530007, China)

Abstract: A primary core collection of rice germplasm consisting of 414 accessions (ca. 5%) was constructed from a total of 8 609 accessions of Guangxi landrace rice by analyzing their taxonomic, morphological and yield characters, grouping based on Dingying's taxonomic system, clustering within groups, and selecting optimal total sampling proportion through comparing the three detection parameters and four evaluation index. This collection represented 89% of the total genetic variation. Genetic diversity of the primary core collection was estimated by using 34 SSR primers, and showed that Guangxi landrace rice resources were highly genetically diverse with average effective numbers of alleles (A_e) reaching 4.91 and average Nei's genetic diversity index (H) reaching 0.574. The Japonica group had higher

收稿日期: 2011-04-28 修回日期: 2011-08-09

基金项目: 国家科技支撑计划课题(2007BAD68B01); 广西自然科学基金(2010GXNSFD013035); 广西科学研究与技术开发计划项目(桂科攻1123001-3C); 广西农业科学院基本科研业务专项(200806Z(基)); 广西农业科学院科技发展基金(200907Z, 200906)[Supported by National Key Technology R & D Program(2007BAD68B01); Guangxi National Science Foundation(2010GXNSFD013035); Guangxi Technology R & D Program (Gui 1123001-3C); Fundamental Science Research Special Events of Guangxi Academy of Agricultural Sciences (200806Z(basic)); Technology Development Foundation of Guangxi Academy of Agricultural Sciences (200907Z, 200906)]

作者简介: 李丹婷(1975-), 女, 博士, 副研究员, 广西平南人, 主要从事水稻种质资源及遗传育种研究, (E-mail) lidanting@gxaas.net.

* 通讯作者 (Author for correspondence)

H value than *Indica* group, late rice had higher H value than early rice, lowland rice had higher H value than upland rice, and glutinous rice had higher H value than non-glutinous rice. The central Guangxi rice ecological region had the highest genetic diversity. Based on the SSR data, 414 primary core collections could further be condensed to 209 core collections, which has a genetic reservation proportion higher than 98%, and thus had good representation of genetic diversity of Guangxi landrace rice.

Key words: Guangxi; landrace rice; core collection of germplasm; genetic diversity

遗传资源的安全保存是十分重要的基础工作。随着种质资源的广泛征集以及各研究机构间的种质交流,种质资源数量日益扩增。种质资源数量的增加并不能保证遗传变异的相应增加,反而成为评价和利用种质资源的障碍,增加了工作量和难度。为此, Frankle 于 1984 年首次提出“核心种质”的概念,将其定义为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地代表整个资源的多样性,从而方便于种质的保存、评价与利用 (Frankle, 1984; Brown 等, 1989)。Diwan 等 (1995) 认为如果核心样品在平均数及变幅的平均比率少于 30%, 且核心样品各性状变幅占整个资源群体变幅的平均比率高于 70%, 则可认为该核心种质基本代表了原有资源群体的遗传多样性。

核心种质概念提出后,国际水稻研究所、中国、美国及韩国等相继构建了相应稻种资源核心种质。李自超等构建了中国稻种资源核心种质,并总结出以丁颖分类体系分组、按平方根或对数比例在组内随机取样的中国地方稻种核心种质初级样品构建的可行策略 (李自超等, 2003)。至今,稻种资源核心种质、微核心种质等的研究已取得了长足进展,中国、日本、韩国、美国等国的稻种资源核心种质已进行了分子遗传多样性分析 (Ebana 等, 2008; Chung 等, 2009; Agrama 等, 2009; Wen 等, 2005), 云南稻种资源核心种质已进行了矿质元素含量 (曾亚文等, 2005)、耐冷性 (曾亚文等, 2006)、谷粒形状 (Yang 等, 2008)、抗旱性 (申时全等, 2001) 等的鉴定评价,为研究及育种利用打下了基础。

我国编目入库的地方稻种资源 50 526 份,而广西收存的地方稻种资源超过万份,数量之多居全国各省区之首。除了普通的籼稻,还有晚粳、糯稻、旱稻等多种类型,以及深水稻、冬稻、色稻及间作稻等具有强烈地方特色和优势的优异基因资源。这些资源具备多种多样的优异特性,如对病虫、干旱等生物胁迫及非生物胁迫具有很强的抗耐性,对缺 N、P、K 的贫瘠土壤有较强的耐受力,一些品种具有特殊类型的糯性基因、香味基因、色素基因等,可谓广西稻

种资源中的瑰宝。面对大量的材料,在没有进行鉴定与评价前是无法利用的,但因人力物力的限制,不可能对所有的材料进行鉴定与评价,因此构建广西地方栽培稻的核心种质库并分析其遗传多样性,对有效、加速利用这些宝贵稻种资源尤为重要。

1 材料与方法

1.1 材料

广西地方栽培稻资源 8 609 份,稻种资源的籼粳、早中晚、水陆、粘糯四个分类数据和分蘖力、叶片色、叶舌色、叶毛多少、叶片曲直、剑叶角度、茎集散、茎粗细、出穗整齐度、柱头色、柱头外露、穗形、穗集散、生育期、千粒重、有效穗、结实率、长宽比、株高等 19 个表型性状为原广西农业科学院品种资源研究所栽培稻研究室记录数据。以上质量性状数据按《水稻种质资源描述规范和数据标准》进行规范和整理,数量性状以标准差为间距,分为 9 级。

1.2 方法及数据分析

1.2.1 初级核心种质构建 参照李自超等 (李自超等, 2000) 的研究方法,将 8 609 份供试稻种资源按丁颖 4 级分类体系进行分组,组内利用 NTSP-SpcV2.10 软件进行逐层聚类分析取样,以表型保留比例 (RPR)、表型频率方差 (VPF)、遗传多样性指数 (H)、变异系数 (CV)、极差符合率、均值符合率和平均标准差符合率等指标对不同取样比例的核心种质进行评价。以上指标计算公式参考张洪亮等 (张洪亮等, 2003)。

1.2.2 SSR 遗传多样性分析 SSR 引物的序列信息来自水稻基因组数据库,从备选引物中筛出扩增效果好、多态性高且均匀分布于水稻 12 条染色体的 34 对 SSR 引物用于本研究。等位基因数量和 Nei's 基因多样性指数利用 POPGEN V1.32 软件进行分析;聚类分析使用 NTSYSpc V2.10 软件进行 PCA 作图分析。

1.2.3 SSR 聚类及核心种质压缩 SSR 标记扩增结果以有带为 1,无带为 0 的形式进行记录,使用 NT-

SYSpc V2.10 计算遗传相似系数,用非加权配对算术平均法(UPGMA)聚类。将相似系数最大的两个或者几个样品,任意选择留下一个进入下一轮的聚类筛选,直至需要的压缩比例为止。

2 结果与分析

2.1 广西栽培稻初级核心种质库的构建

以丁颖四级分类体系分组原则,8609份广西稻种资源可分为籼早水粘、籼早水糯、籼早陆粘、籼晚水粘、籼晚水糯、籼晚陆粘、籼晚陆糯、粳晚水粘、粳晚水糯、粳晚陆粘和粳晚陆糯等11个组,广西无粳早型水稻。组内采用逐层聚类取样方法,每组设定5%、10%、15%、20%、25%和30%等6个不同的取样比例,各组以相同比例所取资源数量之和为总体样本对应的取样比例。

以极差符合率、均值符合率和标准差符合率三

个检测参数来评价6种取样比例所得的初级核心种质(表1)。6种取样比例的极差符合率和均值符合率都超过80%,标准差符合率也在70%以上,达到了核心样品的要求。将6种取样比例下的表型保留比例、表型频率方差、多样性指数和变异系数四个评价指标进行多重比较及优劣排序。如表1所示,在取样比例为5%和10%时综合排名并列第1,两个取样比例之间无显著差异;排名为2的15%和20%取样比例之间无显著差异;排名为3的25%和30%两个取样比例之间无显著差异。由此可说明,综合排名为1的两个取样比例所构建的核心样品,都能较好的代表稻种质资源的遗传多样性。

从广西地方稻种资源总体样本实际出发,综合考虑符合率及多重比较分析结果,本研究取5%为取样比例,获得414份广西地方栽培稻的初级核心种质,其极差符合率为92%,均值符合率为89%,标准差符合率为74%。

表1 6种取样比例下的检测参数及评价指标

Table 1 The detection parameters and evaluate index under six sampling proportion

取样比例 Selection ratio(%)	极差符合率 Extreme difference(%)	均值符合率(%) Average	标准差符合率 Standard deviation(%)	表型保留 比例 RPR	表型频率 方差 VPR	遗传多样性 指数 H	变异系数 CV	多重比较结果 Multiple comparisons	综合排名 Synthesis
5	92	89	74	1	2	1	1	A	1
10	95	91	77	2	1	2	2	A	1
15	99	92	81	3	3	3	3	B	2
20	99	93	83	3	4	4	4	B	2
25	99	93	84	3	5	5	5	BC	3
30	99	95	87	3	6	6	6	C	3

2.2 SSR 遗传多样性分析

2.2.1 SSR 位点多样性 用34对SSR引物对414份广西地方稻种资源核心种质进行PCR扩增分析,所选引物均具有多态性,多态性位点百分率为100%,扩增得到167个等位基因,品种间等位基因数最低为2(RM2-20、RM5-16),最高为9(RM2-26),平均为4.91;Nei's多样性指数最低为0.059(RM4-16),最高为0.825(RM11-19),平均为0.574。籼粳亚种间差异明显,在325份籼稻品种中,共检测到162个等位基因,占等位基因总数的97%;不同位点等位基因数为2~9,平均为4.76,平均Nei's基因多样性为0.529,变幅为0.054~0.808;粳稻品种SSR位点多态性低于籼稻品种,在89份粳稻品种中,不同位点等位基因数为2~8,平均为4.32,等位基因数为147,占等位基因总数的88%,比籼稻品种低9%;平均Nei's基因多样性为0.541,粳稻较籼稻高2%,变幅为0.078~0.834(表2)。

2.2.2 各类型栽培稻之间遗传多样性差异 将SSR检测结果按丁颖四级分类中的籼粳稻、早中晚稻、水陆稻和粘糯稻进行分组分析,将各类型水稻间的等位基因数和Nei's遗传多样性指数进行比较。由表3可以看出,平均等位基因数,籼稻(4.76) > 粳稻(4.32)、晚稻(4.79) > 早稻(4.29)、水稻(4.85) > 陆稻(4.35)和粘稻(4.74) > 糯稻(4.71);Nei's基因多样性指数,粳稻(0.54) > 籼稻(0.53)、晚稻(0.58) > 早稻(0.50)、水稻(0.57) > 陆稻(0.56)、糯稻(0.60) > 粘稻(0.54)。

2.2.3 广西稻作区栽培稻遗传多样性比较分析 广西水稻主要划分为桂南、桂中、桂北和高寒山区四个稻作区,桂南稻作区主要在北回归线以南,主要包括南宁、崇左、钦州、北海、玉林、贵港、右江河谷平原和梧州地区南部;桂中地区处北回归线以北,主要包括柳州、桂林南部地区、梧州北部、河池、百色;桂北地区包括桂林永福、灵川、临桂、兴安、全州、灌阳、富

川、融安、融水、罗城、天峨、隆林、西林、靖西、德保、龙胜、资源、三江、金秀、南丹、乐业和融水县部分山那坡和桂林市郊区 17 个县市；高寒山区稻作区包括 区北部海拔在 500 m 以上的稻田(图 1)。

表 2 34 对 SSR 标记所在的染色体及在 414 份广西地方稻核心种质中的遗传多样性信息

Table 2 Chromosome location, number of alleles(N_a), and Nei's genetic diversity (H) index at 34 SSR loci in 414 Guangxi landrace rice core collection

位点 Locus	染色体 Chromosome	等位基因数 No. of alleles			Nei's 基因多样性指数 Nei's genetic diversity index		
		籼稻 Indica	粳稻 Japonica	总体 Total	籼稻 Indica	粳稻 Japonica	总体 Total
RM9	1	7	7	8	0.7332	0.7269	0.7393
RM128	1	4	4	4	0.5869	0.6385	0.6071
RM262	2	7	6	8	0.6554	0.6156	0.7076
RM106	2	2	2	2	0.4883	0.4990	0.4916
RM240	2	9	7	9	0.7532	0.8082	0.7893
RM175	3	8	7	8	0.8004	0.7599	0.7953
RM16	3	5	5	5	0.5738	0.4354	0.6662
RM471	4	6	5	6	0.6309	0.4498	0.6663
RM273	4	3	3	3	0.0542	0.0776	0.0594
RM153	5	4	4	4	0.5490	0.5686	0.5600
RM169	5	5	4	5	0.7142	0.2719	0.7547
RM305	5	2	2	2	0.3049	0.4285	0.4160
RM274	5	3	3	3	0.1746	0.4381	0.2497
RM586	6	3	3	3	0.6154	0.5734	0.6075
RM314	6	3	4	4	0.5610	0.2430	0.5429
RM30	6	6	4	6	0.5346	0.1416	0.4769
RM11	7	4	3	4	0.3299	0.4456	0.3625
RM3826	7	4	4	4	0.5999	0.5973	0.5995
RM234	7	7	5	7	0.5094	0.6635	0.6323
RM134	7	4	4	4	0.1760	0.4612	0.2585
RM408	8	3	3	3	0.6507	0.5792	0.6611
RM1270	8	4	4	4	0.2823	0.4592	0.3258
RM284	8	6	6	6	0.6520	0.7640	0.7241
RM105	9	3	3	3	0.4867	0.5916	0.5514
RM434	9	6	4	6	0.6721	0.5332	0.6853
RM201	9	5	5	5	0.6527	0.6584	0.7359
RM205	9	6	3	6	0.4556	0.3609	0.5773
RM216	10	4	4	4	0.7189	0.6235	0.7436
RM8201	10	4	4	4	0.5244	0.6975	0.6403
RM467	10	3	4	4	0.0978	0.6965	0.3072
RM6901	11	6	4	6	0.5200	0.4626	0.5377
RM206	11	8	8	8	0.8075	0.8343	0.8246
RM19	12	4	5	5	0.5776	0.6831	0.6631
RM17	12	4	4	4	0.5546	0.5999	0.5655

将四个稻作区的入选初级核心种质资源等位基因数与 Nei's 基因多样性指数进行多重比较。如表 4, 等位基因数最丰富的为桂南稻作区, 与桂北稻作区与高寒山区稻区呈显著性差异, 与桂中稻作区无显著差异; 广西四个稻区的 Nei's 遗传多样性丰富度排序为: 桂中 > 桂北 > 桂南 > 高寒山区; 但它们之间无显著性差异, 说明桂中稻作区地方栽培稻最为丰富, 其次是桂北和桂南, 最低是高寒山区稻作区。

2.3 聚类分析及核心种质压缩

2.3.1 聚类分析 对 414 份初级核心种质的 SSR 检测结果进行主成分分析, 并利用前三个主成分数据

进行 PCA 作图分析。图 2 显示, 核心种质明显分为籼粳两大类群, 但仍有少部分籼粳稻分类与表型性状的籼粳稻分类存在差异, 这与 SSR 标记表现的是 DNA 水平上的变异, 形态性状是环境和 DNA 变异互作的结果有关。籼稻 325 份和粳稻 89 份分别占初级核心种质数量的 79% 和 21%。籼早型稻和籼晚型稻分别占籼稻总量的 30% 和 70%, 粳稻 89 份全部为晚稻类型, 无粳早型稻。籼稻中以粘稻为主, 粘稻占 79%, 而粳稻中却以糯稻为主, 粘稻仅占 22%。陆稻比例在初级核心种质中占比例较小, 为 22%。糯稻占初级核心种质的 33%, 籼型糯稻与粳

表 3 各类型栽培稻间的等位基因数和基因多样性指数
Table 3 Comparison of mean number of alleles(N_a) per locus and average Nei's genetic diversity(H) between two different types of landrace rice

水稻类型 Types of landrace rice	样本数 No. of varieties	等位基因数(N_a) Mean number of alleles			Nei's 基因多样性指数(H) Nei's genetic diversity		
		平均数 Mean±SD	最小值 Min. value	最大值 Max. value	平均数 Mean±SD	最小值 Min. value	最大值 Max. value
籼粳稻类型							
籼稻 indica	325	4.76±1.74	2	9	0.53±0.19	0.0542	0.8075
粳稻 japonica	89	4.32±1.43	2	8	0.54±0.18	0.0776	0.8343
早中晚稻类型							
早稻 early rice	100	4.29±1.57	2	8	0.50±0.20	0.0599	0.7904
晚稻 late rice	314	4.79±1.72	2	8	0.58±0.18	0.0592	0.8327
水陆稻类型							
水稻 lowland rice	323	4.85±1.76	2	9	0.57±0.18	0.0659	0.8206
陆稻 upland rice	91	4.35±1.55	2	8	0.56±0.19	0.0352	0.8319
粘糯稻类型							
粘稻 nonglutinous rice	277	4.74±1.57	2	9	0.54±0.20	0.0676	0.8047
糯稻 glutinous rice	137	4.71±1.66	2	8	0.60±0.18	0.0435	0.8529
总体 Total	414	4.91±1.83	2	9	0.57±0.18	0.059	0.825

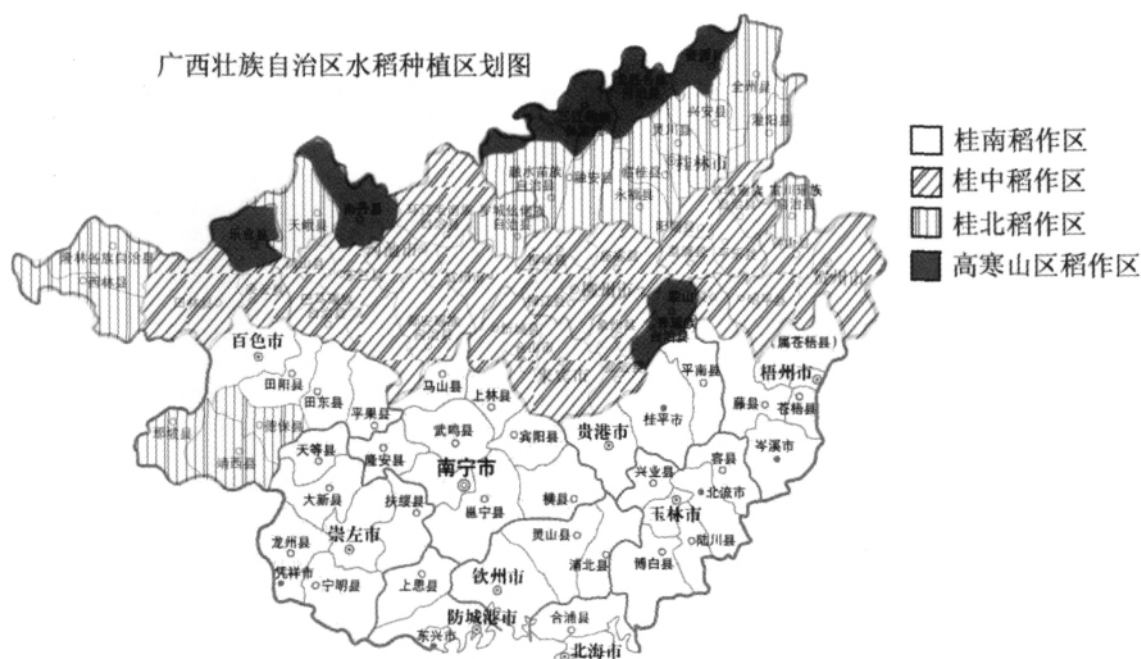


图 1 广西壮族自治区水稻种植区划图

Fig. 1 Regionalization of rice cropping in Guangxi province

型糯稻各占 50%，88%的糯稻为晚稻类型。

2.3.2 初级核心种质压缩 分析 414 份初级核心种质的 SSR 数据,按逐层聚类方法,进一步对其进行压缩构建核心种质。研究采用 30%、50%、60%、70%、80%等 5 个取样比例进行压缩,计算压缩后的等基因数及遗传多样性及等位基因保留比例(表 5)。随着进一步压缩,基因多样性也进一步增大,说明初级核心种质仍存在着较大的遗传重复,可以进一步的压缩形成核心种质。在取样 50%~70%时,

极差符合率为 98%;取样 30%时,为 95%,降幅比较明显。因此,本研究选择 50%作为广西栽培稻初级核心种质的压缩比例,最终构建出包含 209 份资源的广西栽培稻核心种质。

3 结论与讨论

核心种质所占总资源的比例应根据总资源群体的大小来决定,总资源多的物种其核心种质所占的

表 4 不同稻作区稻种资源等位基因数和 Nei's 基因多样性指数

Table 4 Comparison of mean number of alleles(N_a) per locus and average Nei's genetic diversity(H) between two different regionalization of rice cropping

广西稻作区划 Rice cropping regions in Gangxi	等位基因 数目(N_a) Mean number of alleles	Nei's 基因多 样性指数(H) Nei's genetic diversity
桂南稻作区 Southern region	4.71±1.61a	0.562±0.179a
桂中稻作区 Central region	4.24±1.39ab	0.582±0.166a
桂北稻作区 Northern region	3.55±1.40b	0.572±0.168a
高寒山区稻作区 High and cold mountainous region	4.11±1.55b	0.534±0.197a

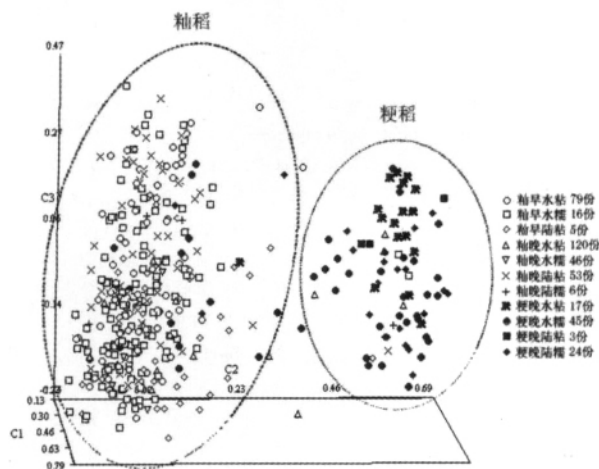


图 2 414 份广西栽培稻初级核心种质的 PCA 分析图

Fig. 2 PCA graph of 414 landrace rice primary core collection

表 5 不同压缩比例稻种资源的等位基因数、基因多样性指数和等位基因保留比例

Table 5 Comparison of mean number of alleles(N_a) per locus and average Nei's genetic diversity(H) between different ratio of allele retained

压缩比例 Compression ratio(%)	等位基因 数(N_a) Mean number of alleles	Nei's 基因 多样性(H) Nei's Genetic diversity	等位基因 保留比例 Ratio of allele retained (%)
100	4.9118	0.5743	100
80	4.8824	0.5773	99
70	4.8529	0.5785	98
60	4.8235	0.5789	98
50	4.8235	0.5819	98
30	4.6765	0.5963	95

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(李自超等,2000)。由于广西稻种资源基数大,在保证表型保留比例前提下,较少核心种质更有利于高效、针对性地鉴定、评价和利

用,综合多重比较和符合率结果,本研究采用 5% 作为初级核心种质的取样比例,以此比例最终获得 414 份初级核心样品,极差符合率和均值符合率都超过了 80%,且标准差符合率也大于 70%,符合核心样品构建的要求,能代表广西栽培稻资源的遗传多样性水平。

表型性状标记受环境的影响较大,而分子标记不受环境的影响,且具有更丰富的态性。本研究构建的 414 份广西栽培稻初级核心种质的平均等位基因数和 Nei's 多样性指数均高于我国南方的云南栽培稻资源(吕广磊等,2003)和贵州栽培稻资源(张冬玲等,2006),同类稻种资源之间,广西籼稻高于太湖流域籼稻(于萍等,2009);广西陆稻高于其它地理来源旱稻(王一平等,2007)。广西糯稻低于云南糯稻(杨慧等,2008)。说明较之国内其它省,广西地方栽培稻核心种质具有较高的遗传多样性,但远低于广西普通野生稻(于萍等,2004;黄娟等,2009)。遗传多样性分析中,存在平均等位基因数和 Nei's 多样性指数不一致的情况,如籼稻平均等位基因数大于粳稻,但 Nei's 多样性指数却小于粳稻,桂南稻作区平均等位基因数大于桂中稻区,但 Nei's 多样性指数却小于桂中稻区,其原因可能与各群体样本数量及等位基因频率均匀程度有关。

本研究首次构建了广西地方栽培稻核心种质,具有强烈的地域针对性,大大减轻了种质管理工作的负担,同时减少了资源选择利用的盲目性。在此基础上,当前正开展核心种质的抗病性、抗虫性、耐性以及其它特性的鉴定评价及精细评价等研究,着力挖掘在水稻生产上具有重要利用价值的优异种质,并应用于水稻研究及育种,充分发挥广西地方稻种资源的作用及优势。

参考文献:

- Brown AHD, Frankle OH, Marshall RD, *et al.* 1989. The use of plant genetic resources[M]. Cambridge: Cambridge University Press; 136-156
- Chung JW, Park YJ. 2009. Genetic diversity and population structure of Korea rice collection[J]. *Agric Res*, **21**(4): 282-288
- Diwan N, McIntosh MS, Baughan GR. 1995. Methods of developing a core collection of annual Medicago species[J]. *Theor Appl Genet*, **90**(6): 755-761
- Ebana K, Kojima Y, Fukuoka, *et al.* 2008. Development of mini core collection of Japanese rice(*Oryza sativa*) landrace[J]. *Plant Genet Breed*, **58**(3): 281-291
- Frankle OH. 1984. Genetic perspectives of germplasm conservation[C]//Arber W, Limensee K, Peacock WJ(eds). Genetic ma-

- nipulation; Impact on man and society. Cambridge, UK: Cambridge University Press; 161—170
- Agrama HA, Wen GY, Fleet L, *et al.* 2009. Genetic assessment of a mini-core subset developed from the USDA rice genbank[J]. *Croc Sci*, **49**: 1 336—1 346
- Huang J(黄娟), Yang QW(杨庆文), Chen CB(陈成斌), *et al.* 2009. Genetic diversity and the geographical characteristics of wild rice(*Oryza rufipogon*) in Guangxi(广西普通野生稻的遗传多样性及分布特征)[J]. *Sci Agric Sin(中国农业科学)*, **42**(8): 2 633—2 642
- Li ZC(李自超), Zhang HL(张洪亮), Cao YS(曹永生), *et al.* 2003. Studies on the sampling strategy for primary core collection of Chinese ingenious rice(中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究)[J]. *Acta Agron Sin(作物学报)*, **29**(1): 20—24
- Li ZC(李自超), Zhang HL(张洪亮), Zen YW(曾亚文), *et al.* 2000. Study on sampling schemes of core collection of local varieties of rice in Yunnan(云南地方稻种资源核心种质取样方案研究)[J]. *Sci Agric Sin(中国农业科学)*, **33**(5): 1—7
- Lv GL(吕广磊), Lin ZL(蔺忠龙), Bai XG(白现广), *et al.* 2009. Comparative assessment of simple sequence repeat genetic diversity in cultivated rice from Yunnan(云南栽培稻种 SSR 遗传多样性比较)[J]. *Bull Bot(植物学报)*, **44**(4): 457—463
- Shen SQ(申时全), Zen YW(曾亚文), Li ZC(李自超), *et al.* 2001. Drought resistant researching of Yunnan rice core collection(云南稻种核心种质抗旱性研究)[J]. *Chin Agric Sci Bull(中国农学通报)*, **17**(5): 6—8
- Wang YP(王一平), Wei XH(魏兴华), Hua L(华蕾), *et al.* 2007. Genetic diversity in upland rice germplasm from different geographic regions(不同地理来源旱稻种质资源的遗传多样性分析)[J]. *Acta Agron Sin(作物学报)*, **33**(12): 2 034—2 040
- Wen GY, Yong L, Hesham A, *et al.* 2009. Association mapping of stigma characteristics using the USDA rice core collection[J]. *Molec Breed*, **24**: 277—292
- Yang H(杨慧), Lu CM(陆春明), Jia YF(贾亦飞), *et al.* 2008. Genetic diversity of Yunnan glutinous rice revealed by SSR markers(云南糯稻遗传多样性的 SSR 分析)[J]. *Molec Plant Breed(分子植物育种)*, **6**(6): 1 068—1 074
- Yang SM(杨树明), Zeng YW(曾亚文), Du J(杜娟), *et al.* 2008. Analysis of morphological diversity and classification of hybrids F2 of core collection of rice landrace in Yunnan Province(云南稻核心种质 F2 世代形态多样性鉴定与分类)[J]. *J Hunan Agric Univ; Nat Sci Edi(湖南农业大学学报·自然科学版)*, **21**(5): 1 201—1 204
- Yu P(于萍), Li L(李丽), Lv JZ(吕建珍), *et al.* 2009. SSR Analysis on japonica rice landraces from the Taihu Lake region(太湖流域粳稻地方品种的微卫星分析)[J]. *Chin J Rice Sci(中国水稻科学)*, **23**(2): 148—152
- Yu P(于萍), Li ZC(李自超), Zhang HL(张洪亮), *et al.* 2004. Genetic diversity of common wild rice(*Oryza rufipogon*) by using SSR markers and phenotypic traits in Guangxi(广西普通野生稻表型性状和 SSR 多样性研究)[J]. *Acta Genet Sin(遗传学报)*, **31**(9): 934—940
- Zhang DL(张冬玲), Zhang HL(张洪亮), Wei XH(魏兴华), *et al.* 2006. An analysis of genetic diversity and genetic structure of cultivated rice in Guizhou(贵州栽培稻的遗传结构及其遗传多样性)[J]. *Chin Sci Bull(科学通报)*, **51**(23): 2 747—2 754
- Zen YW(曾亚文), Li SC(李坤崇), Pu XY(普晓英), *et al.* 2006. Ecological difference and correlation among cold tolerance traits at the booting stage for core collection of rice landrace in Yunnan(云南稻核心种质孕穗期耐冷性性状间的相关性与生态差异)[J]. *Chin J Rice Sci(中国水稻科学)*, **20**(3): 265—271
- Zen YW(曾亚文), Shen SQ(申时全), Wang LX(汪祿祥), *et al.* 2005. An analysis of high-mineral genotypes in the core collection of Yunnan rice and their diversity center(云南稻核心种质元素及其多样性中心分析)[J]. *J Southwest Agric Univ; Nat Sci Edi(西南农业大学学报·自然科学版)*, **27**(1): 1—4
- Zhang HL(张洪亮), Li ZC(李自超), Cao YS(曹永生), *et al.* 2003. Comparison of parameters for testing the rice core collection in phenotype(表型水平上检验水稻核心种质的参数比较)[J]. *Acta Agron Sin(作物学报)*, **29**(2): 252—257

(上接第 22 页 Continue from page 22)

子最小的,以前只在非洲的加蓬共和国和中非共和国报道过(Léger, 1998)。

参考文献:

- 张小青,戴玉成. 2005. 中国真菌志(第 29 卷)——锈革孔菌科[M]. 北京:科学出版社:1—205
- 徐士忠,周彤燊,王琳,等. 2003. 云南锈革菌属真菌及新记录种[J]. 西南林学院学报, **23**(1): 53—58
- 崔宝凯,余长军,李海蛟. 2009. 中国纤孔菌属两新记录种[J]. 林业科学研究, **22**(6): 784—787
- 戴玉成. 2009. 中国多孔菌名录[J]. 菌物学报, **28**(3): 315—327
- 戴芳澜. 1979. 中国真菌总汇[M]. 北京:科学出版社:1—1527
- Dai YC. 2011. A revised checklist of corticioid and hydroid fungi in China for 2010[J]. *Mycoscience*, **52**: 69—79
- Dai YC(戴玉成), Zhang XQ(张小青), Zhou TX(周彤燊). 2000. Changbai wood-rotting fungi 12. Species of *Hymenochaete*(Basidiomycota)[J]. *Mycotaxon*, **75**: 445—450
- Dai YC(戴玉成), Niemelä T. 2006. Hymenochaetaceae in China: hydroid, stereoid and annual poroid genera, plus additions to Phellinus[J]. *Acta Bot Fenn*, **179**: 1—78
- Deng SC(邓叔群). 1996. Fungi of China(中国的真菌)[M]. New York: Mycotaxon Ltd., 1—586
- He SH(何双辉). 2010. *Hymenochaete* (Hymenochaetales) in Hainan(海南锈革菌属研究)[J]. *Mycosystema(菌物学报)*, **29**: 819—823
- Kirk PM, Cannon PF, Minter DW, *et al.* 2008. Dictionary of the Fungi(10th Edition)[M]. Oxon: CAB International: 1—771
- Léger JC. 1998. Le genre *Hymenochaete* Léveillé[J]. *Biblioth Mycol*, **171**: 1—319
- Parmasto E. 1986. New species and a new combination in the genus *Hymenochaete*(Basidiomycetes, Hymenochaetaceae). Mikol Fitopatol[J], **20**(5): 374—377
- Qin WM(秦问敏), Li GH(李冠华), Dai YC(戴玉成). 2010. Gloeoporus(Basidiomycota, Polyporaceae) in China(中国半胶菌属研究小记)[J]. *Guihaia(广西植物)*, **30**(1): 29—32