

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2011.02173

中国不同省份籼稻地方品种的遗传结构分析

张媛媛¹ 束爱萍^{1,2} 张立娜¹ 曹桂兰¹ 韩龙植^{1,*}

¹中国农业科学院作物科学研究所 / 农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程 / 农业部作物种质资源利用重点开放实验室, 北京 100081; ²江西省农业科学院水稻研究所, 江西南昌 330200

摘要: 利用 78 对 SSR 引物, 对原产于中国 14 个省份的 280 份籼稻地方品种进行遗传多样性分析。在此基础上, 采用 Powermarker、Structure 2.2 和 Popgen 32 软件分析其遗传结构。基于 Nei's 遗传距离的聚类结果显示, 供试材料可分为 6 个类群, 相邻省份的品种基本聚在同一类群中, 且在每个类群中各省份籼稻地方品种单独形成一个小类群, 说明同一省份内品种的遗传基础较相似。而陕西籼稻地方品种聚在 2 个类群中, 台湾籼稻地方品种聚在 3 个类群中, 这 2 个省份的籼稻地方品种遗传背景较复杂。按 Structure 2.2 软件分析结果, 供试材料可分为 4 大类群, 地理位置较近的省份籼稻地方品种基本聚在同一类群中, 而陕西和台湾籼稻地方品种较分散聚于不同类群, 与基于 Nei's 遗传距离的聚类结果类似。按 Popgen 32 软件分析结果, 供试材料各省份也分为 4 大类群。除个别省份外, 相隔较近的多数省份基本聚在同一小类群或大类群中。3 种软件的分析结果虽有一些差异, 但基本趋于一致, 并互为补充。总体而言, 同一个省份的籼稻地方品种基本聚在同一小类群; 相隔较近省份的籼稻地方品种多数聚类在同一个类群中, 聚类结果与品种所处的地理位置相关。陕西和台湾籼稻地方品种的遗传基础较复杂。

关键词: 籼稻; 地方品种; 微卫星标记; 遗传结构

Analysis of Genetic Structure for *Indica* Rice Landraces from Different Provinces in China

ZHANG Yuan-Yuan¹, SHU Ai-Ping^{1,2}, ZHANG Li-Na¹, CAO Gui-Lan¹, and HAN Long-Zhi^{1,*}

¹Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences / National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement / Key Laboratory of Crop Germplasm Resources and Utilization, Ministry of Agriculture, Beijing 100081 China; ²Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China

Abstract: Two hundred and eighty *indica* rice landraces from 14 provinces in China were analyzed using 78 microsatellite markers distributed across the whole rice genome. The genetic structure of these entries was studied using Powermarker, Structure 2.2 and Popgen 32 softwares. Using Powermarker software, all landraces were classified into six groups based on Nei's genetic distance; landraces from adjacent provinces were massed in the same large group, and those of a certain province were clustered together in the same small group except that Shaanxi and Taiwan entries were involved in two and three groups, respectively. This indicated that the genetic bases of provincial *indica* rice landraces was more complicated in Shaanxi and Taiwan than other provinces. Using Structure 2.2 software, the 280 *indica* rice landraces were classified into four groups, and the entries from geographically close provinces were clustered in the same group. Also, the Shaanxi and Taiwan landraces dispersed into different groups. The result from Popgen 32 showed that the 280 *indica* rice landraces went to four groups at the level of 0.27, with an obvious assembling trend in entries from geographically close origins. Clearly, the results from three methods were accordant and complementary although there were partial differences. In a general conclusion, the genetic structure of the 280 *indica* rice landraces were correlated with geographic characteristics. Landraces from the same province grouped together firstly in most cases, and those from adjacent provinces were further clustered into a big group. The *indica* rice landraces from Shaanxi and Taiwan seem to be concerned due to their relatively complicated genetic bases.

Keywords: *Indica*; Landrace; SSR marker; Genetic structure

本研究由农业部农作物种质资源保护项目(NB2010-2130135-25-01), 国家重点基础研究发展计划(973计划)项目(2010CB125904), 国家转基因专项生物新品种培育重大专项课题(2008ZX08011-001)和国家“十一五”科技支撑计划项目(2006BAD13B01)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 韩龙植, E-mail: lzhan58@yahoo.com.cn, Tel: 010-62176784

第一作者联系方式: E-mail: zhybjflower@sina.com

Received(收稿日期): 2011-02-22; Accepted(接受日期): 2011-09-16; Published online(网络出版日期): 2011-10-11.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20111011.1058.002.html>

中国是亚洲栽培稻的起源地之一,水稻种质资源类型颇丰,资源数量庞大。至今在国家作物种质库中收集保存的水稻种质资源为 7.2 万余份,其中地方品种约占 70%,籼稻地方品种约占 46%。而至今这些丰富的籼稻地方品种在水稻育种中的利用效率很低,主要原因是尚未清晰地了解这些种质资源的遗传背景。因此,通过遗传结构分析,阐明中国不同省份籼稻地方品种间的遗传相似性和各省份籼稻地方品种的遗传结构特点,对中国籼稻地方品种的有效保护和利用具有重要的指导意义。目前,作物种质资源的遗传结构研究已成为作物种质资源研究的新热点,已引起资源研究者的广泛关注^[1-3]。关于遗传结构的研究以往多数是以表型性状作为依据^[4],而近年来以分子标记技术作为研究手段的遗传结构分析越来越得到重视^[4-7]。其中,SSR 标记以其高稳定性、共显性和高多态性以及标记丰富且分布于全基因组等特点,被广泛应用于作物种质资源的遗传结构研究^[8-16]。Wang 等^[8-9]和 Gao 等^[10-11]研究指出,SSR 标记在野生稻遗传结构群体分析中体现更细微的遗传差异,具有更高的准确性;陈雨等^[12]对 7 个野生稻居群遗传结构分析表明,各居群因遗传结构的存在而相互独立,但各居群间存在基因渗透,因此具有一定相似性。Lu 等^[1]利用 169 对 SSR 引物对美国水稻品种的遗传结构研究表明,115 份栽培品种被分为温带中粒粳稻、热带中粒粳稻和热带长粒粳稻 3 个类群;Zhang 等^[13]通过对云南省水稻地方品种的遗传结构分析,建立了基于模型的 7 个稳定类群;张冬玲等^[14]对贵州栽培稻遗传结构的研究结果显示,籼稻以中偏早类群、中偏晚类群的气候生态型为主,在早中晚生态型下的水陆、粘糯未显示有独立的遗传结构。Garris 等^[2]用 169 对 SSR 引物对 234 份水稻品种的遗传结构研究表明,供试材料可分为籼稻、香稻、温带粳稻、热带粳稻和 Aus 稻共 5 个不同的群体。然而,前人在水稻遗传结构研究中所选择的试验材料多数局限于单一省份或特殊的某一类型材料,且材料数量相对较少,背景单一,尚未见中国籼稻地方品种遗传结构的系统研究报道。本研究以中国 14 个省份籼稻地方品种为试验材料,利用 78 对 SSR 引物,分析其遗传结构,旨在为中国籼稻地方品种的有效保护和利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料来自广东、广西、湖南、湖北、云南、

贵州、四川、福建、台湾、江苏、江西、浙江、安徽、陕西等 14 个省和自治区,采用随机方法,每省选取籼稻地方品种 20 份,共 280 份。

1.2 SSR 引物

在水稻每条染色体上选择 5~8 对,共 78 对 SSR 引物,用于籼稻地方品种的 DNA 分析。引物名称及其所在染色体见表 1。

1.3 PCR 扩增反应

按 CTAB 法^[17]提取并纯化 DNA。PCR 体系 20 μL , 含 10 \times PCR buffer (含 Mg^{2+}) 2.0 μL , 2.5 mmol L^{-1} dNTP 1.5 μL , 5 U μL^{-1} Taq DNA 聚合酶 0.5 μL , 2 $\mu\text{mol L}^{-1}$ SSR 引物 2.0 μL , 20 ng μL^{-1} 模板 DNA 2.0 μL , ddH₂O 12.0 μL 。扩增程序为 94 $^{\circ}\text{C}$ 5 min; 95 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 60 $^{\circ}\text{C}$ 30 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 1 min, 共 38 个循环;然后 72 $^{\circ}\text{C}$ 10 min,待温度降至 10 $^{\circ}\text{C}$ 后,取出置于 4 $^{\circ}\text{C}$ 冰箱内备用。最后采用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳及银染法检测扩增结果。

1.4 统计分析

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 Powermarker^[18]、Structure 2.2^[19-20] 和 Popgen 32 软件分析籼稻地方品种的遗传结构。

2 结果与分析

2.1 基于 Nei's 遗传距离的籼稻地方品种系统发生树分析

利用 Powermarker 软件对 280 份中国籼稻地方品种建立了基于 Nei's 遗传距离的籼稻地方品种 *N-J* 系统发生树(图 1)。280 份籼稻地方品种可分为 6 个类群。I 类群,除含有湖北和浙江籼稻地方品种各 2 份外,其余均由云南籼稻地方品种构成,说明云南籼稻地方品种具有独特的遗传背景。II 类群,除含有广东和安徽籼稻地方品种各 1 份外,主要由福建、江西、江苏的籼稻地方品种构成。III 类群,除含有贵州籼稻地方品种 1 份外,均由安徽的籼稻地方品种构成。IV 类群,主要由贵州、湖北、湖南和台湾的籼稻地方品种构成,并且其类群内各省品种单独聚为小类群。该类群中还包含云南籼稻地方品种 2 份,福建、浙江、江苏和江西籼稻地方品种各 1 份,广西籼稻地方品种 5 份。V 类群,主要由陕西、浙江、四川和台湾的籼稻地方品种构成,并且其类群内陕西、浙江、四川、台湾籼稻地方品种明显地分别单独聚为小类群。VI 类群,主要由广东、广西、

表 1 本试验所采用的 SSR 引物
Table 1 SSR primers used in this experiment

染色体 Chr.	SSR 引物 SSR primer	染色体 Chr.	SSR 引物 SSR primer
1	RM129, RM246, RM297, RM302, RM431	7	RM11, RM172, RM214, RM234, RM248, RM336
2	RM262, RM263, RM29, RM555, RM6, RM71	8	RM264, RM308, RM447, RM464, RM544, RM556, RM72
3	RM135, RM143, RM16, RM282, RM338, RM60, RM7, RM85	9	RM160, RM215, RM242, RM316, RM444
4	RM119, RM131, RM142, RM255, RM280, RM307	10	RM216, RM244, RM258, RM271, RM311, RM484
5	RM159, RM169, RM289, RM305, RM321, RM334	11	RM144, RM167, RM202, RM20B, RM21, RM286
6	RM133, RM204, RM217, RM225, RM253, RM276, RM30, RM314	12	RM101, RM15, RM17, RM247, RM277, RM309

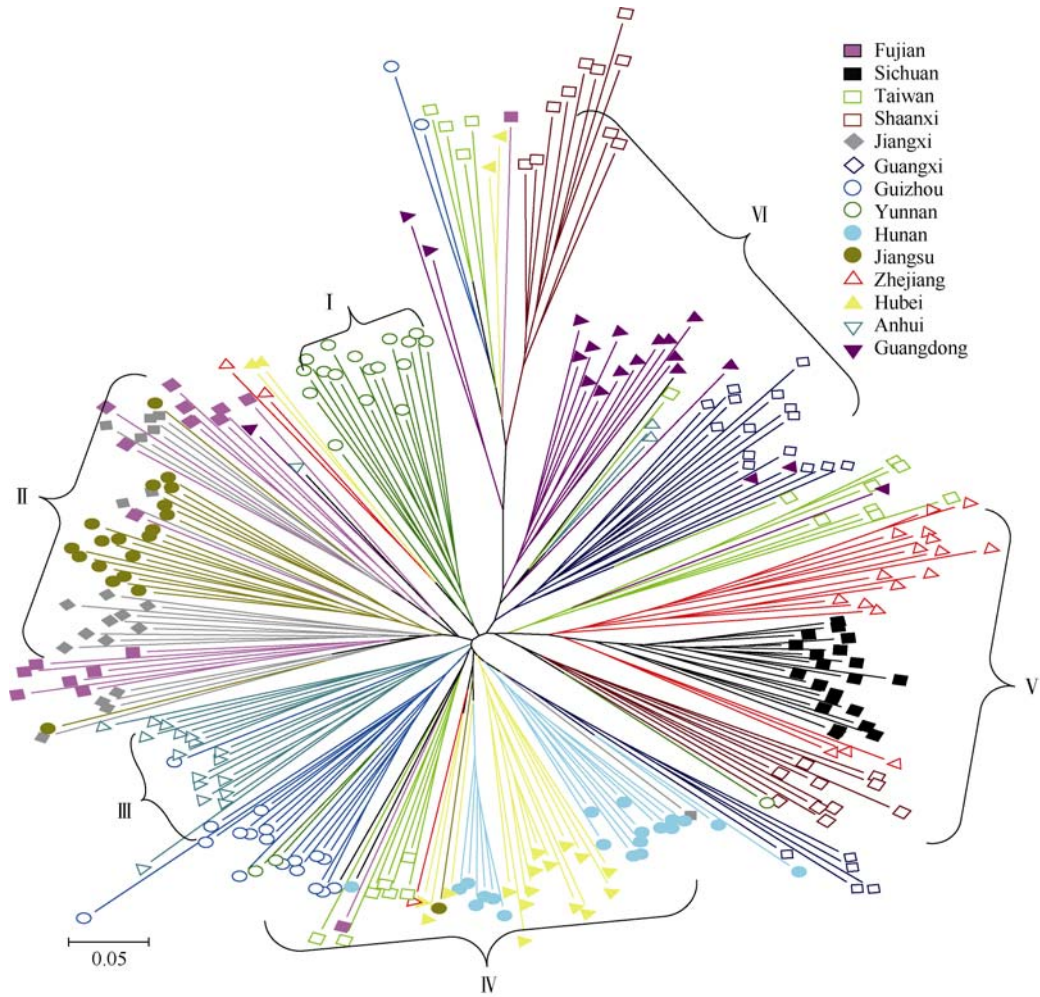


图 1 利用 Powermarker 建立的 280 份籼稻地方品种的系统发生树
Fig. 1 Dendrogram of 280 indica rice landraces using powermarker program

陕西和台湾的籼稻地方品种构成，而其类群内广东和广西籼稻地方品种明显地各自单独形成小类群。可见，原产于同一省份的籼稻地方品种明显聚在一起，各自单独形成小类群，再与其他省份品种聚集成大类群，只有个别品种例外。云南、贵州、四川、浙江和江苏的籼稻地方品种聚类结果较清晰，相同省份的籼稻地方品种基本都聚在同一类群中，

遗传距离较近；而陕西和广西籼稻地方品种分别聚于 2 个不同类群中，台湾籼稻地方品种聚于 3 个不同类群中，说明这 3 个省份内的籼稻地方品种遗传背景存在差异。

2.2 基于模型的籼稻地方品种群体遗传结构分析

Structure 2.2 显示的群体结构将不同的个体分配到不同的群体中，可发现迁移或混进群体的个

体。利用 Structure 2.2 软件, 对中国籼稻地方品种进行基于模型的遗传结构分析, 在 $K = 2 \sim 10$ 中, 当 $K = 4$ 时似然值最大, 即参试材料有 4 个稳定的类群, 其遗传结构图示于图 2。由图 2 可见, 280 份籼稻地方品种可划分为 4 个类群, 江苏省、江西省和福建省的籼稻地方品种基本归为一个类群, 用黄色区域表示; 广东、广西和浙江大部分籼稻地方品种以及台湾、云南、湖北、江西和福建的少部分籼稻地方品种归为一类, 用绿色区域表示; 湖南、湖北、云南、贵州、安徽、四川大部分籼稻地方品种和台湾、陕西的部分籼稻地方品种归为一类, 用蓝色区域表示; 陕西部分品种和台湾籼稻地方品种 4 份, 湖北、广东和贵州籼稻地方品种各 2 份、福建籼稻地方品种 1 份归为一类, 用红色区域表示。其中湖南、安徽和四川等同一省份内的籼稻地方品种均聚在同一类群中, 而陕西、台湾和福建的籼稻地方品种分布较零散。陕西籼稻地方品种一半被分在红色类群中, 而另一半被分在蓝色类群中。基于模型的遗传结构分析, 14 个省份中, 江苏、广西、湖南、安徽、广东和四川籼稻地方品种居群间存在较少的基因渗透, 与其他类群具有相对独立性, 陕西和台湾的籼稻地方品种都各自存在 2 个类群间基因的相互渗透, 说明这 2 个省份的遗传基础较丰富。

2.3 不同省份间籼稻地方品种的聚类分析

根据 Popgen 32 分析结果, 在 0.27 水平上将籼稻地方品种 14 个省份群体分为 4 大类群。陕西单独分为第 I 类群; 浙江和四川份聚为第 II 类群; 广东单独聚为第 III 类群; 其余省份聚为第 IV 类群。第四类群包括 2 个小类群。第 i 小类群包括湖北、湖南、云南、贵州、台湾和安徽, 其中, 湖北与湖南、云南

与贵州、台湾与安徽籼稻地方品种间的遗传距离较近, 分别先聚为小类群, 然后这 3 个小类群共同聚为第 i 类群; 第 ii 小类群, 包括江西、福建、江苏和广西, 江西和福建先聚为小类, 然后江苏、广西逐次聚为次小类群。总体而言, 除地理位置相隔较远的四川和浙江聚在同一类群, 相隔相对较近的广东和广西聚在不同类群外, 其他相邻的省份基本聚为同一类群, 相隔较远的省份基本聚为不同的类群。

3 讨论

杨文^[21]对中国普通野生稻、粳稻和籼稻间的遗传结构和相互关系研究认为, 野生稻与粳稻的亲缘关系比野生稻与籼稻的亲缘关系近。陈雨等^[12]、彭锁堂等^[22]和王家祥等^[23]利用 Powermarker 和 Structure 2.2 对普通野生稻的研究表明, 基于遗传距离和模型的分析结果较一致, 两种分析结果可以相互印证。Zhang 等^[24]对 3 024 份中国水稻地方品种初级核心种质的遗传结构分析认为, 籼稻地方品种在早、中、晚稻生态型间有明显的差异, 而在水旱生态型间没有明显的差异; 粳稻地方品种在水旱生态型间有明显的差异, 而早、中、晚稻生态型间没有明显的差异。唐傲等^[25]采用 Powermarker 对香稻品种的系统树聚类分析表明, 品种的亲缘关系与地理位置有着一定的相关性和规律性, 地理位置相近的品种遗传距离较近, 相同地域的香稻品种基本归为一类。

本研究 Powermarker 聚类结果表明, 280 份籼稻地方品种共聚为 6 个类群, 地理位置较相近省份的籼稻地方品种基本聚在相同的类群, 且各类群中同一省份的材料基本单独聚为一个小类群, 说明同一省份内籼稻地方品种的遗传背景很相似, 地理位置相近省份的籼稻地方品种间遗传背景较类似。但浙

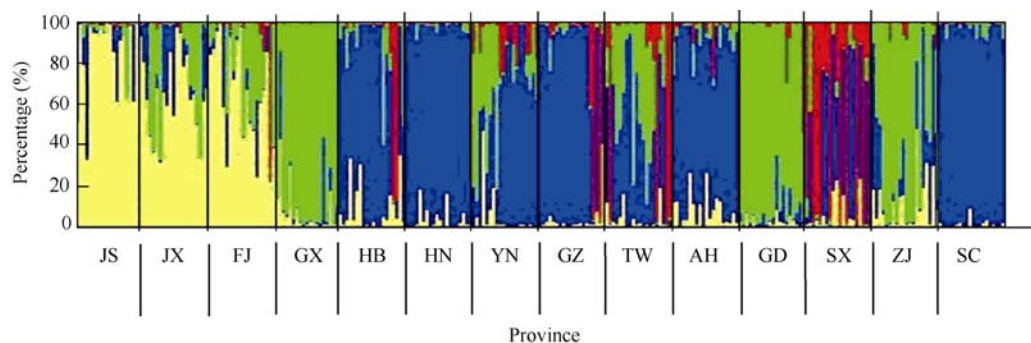


图 2 利用 Structure 2.2 建立的 280 份籼稻地方品种遗传结构

Fig. 2 Genetic structure of 280 indica rice landraces using Structure 2.2 program

JS: 江苏; JX: 江西; FJ: 福建; GX: 广西; HB: 湖北; HN: 湖南; YN: 云南; GZ: 贵州; TW: 台湾; AH: 安徽; GD: 广东; SX: 陕西; ZJ: 浙江; SC: 四川。

JS: Jiangsu; JX: Jiangxi; FJ: Fujian; GX: Guangxi; HB: Hubei; HN: Hunan; YN: Yunnan; GZ: Guizhou; TW: Taiwan; AH: Anhui; GD: Guangdong; SX: Shaanxi; ZJ: Zhejiang; SC: Sichuan.

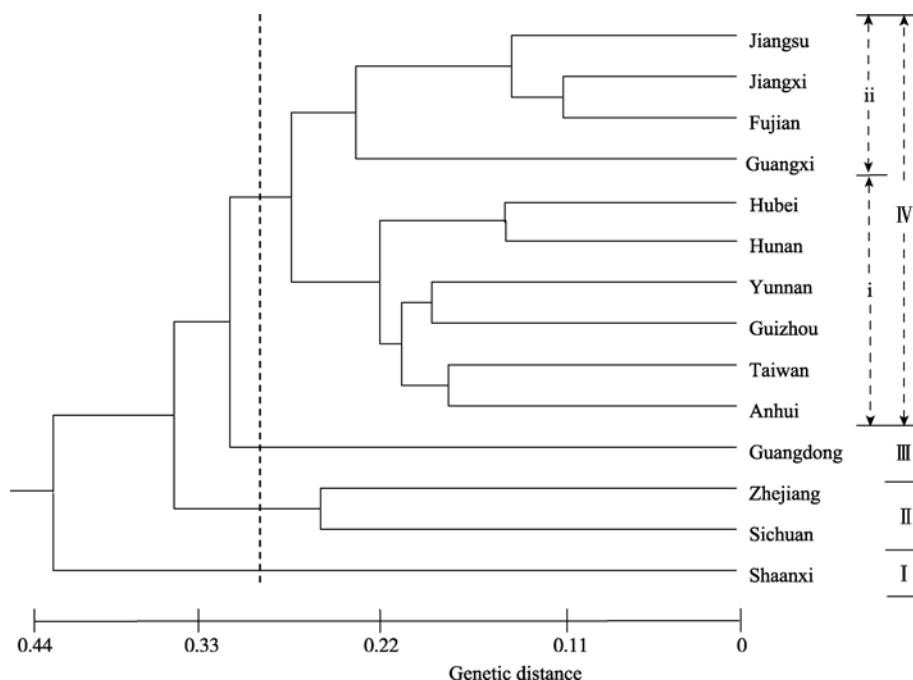


图 3 利用 SSR 标记的 14 个不同省份籼稻地方品种聚类图
Fig. 3 Dendrogram of *indica* rice landraces of 14 provinces using SSR markers

江和四川与部分台湾和陕西的籼稻地方品种聚为一个类群, 尽管其地理位置较远, 但表现出较近的遗传背景。用 Powermarker 软件聚类的 6 个类群中, 由江苏、江西和福建的籼稻地方品种组成的类群和由广东和广西的籼稻地方品种组成的类群与采用 Structure 2.2 划分的 2 个类群相同。利用 Powermarker 的分析结果中, 云南类群和安徽类群以及由湖北、湖南和贵州籼稻组成的类群共同构成 Structure 2.2 分析结果中的一个类群, 每个类群聚集的品种基本来源于同一省份, 或者来源于地理位置相近的省份, 遗传结构与品种所处的地理位置较密切, 而浙江、台湾和陕西籼稻地方品种的聚类较为复杂。使用 Popgen 32 对 14 个省份的籼稻地方品种按群体进行分类, 在 0.27 水平上 14 个省份分为 4 大类群。广东和陕西分别单独聚为一类, 浙江和四川聚为一类, 其他省份聚为一类。3 种分析软件的分析结果既有一致性, 也有相异性。Powermarker 将籼稻地方品种划分为 6 个类群, 而 Structure 2.2 和 Popgen 32 划分为 4 个类群。前 2 种软件的分析结果, 使单个材料在各分类群中所处的位置清晰, 个体间、个体与群体间、群体间的遗传背景和亲缘关系非常直观, 而第 3 种分析结果重点说明了各省份间的品种亲缘关系。

总体而言, 相同省份的籼稻地方品种基本聚在

同一小类群中, 地理位置相近的省份籼稻地方品种较多地聚在一个大类群中, 其聚类结果与品种所在的地理位置密切相关。但本研究中陕西和台湾籼稻地方品种的聚类结果较特殊, 每一省份的品种未全部聚在同一类群中, 而分散聚在 2~3 个类群中。这可能是陕西和台湾的籼稻地方品种遗传背景较复杂所致。陕西属南方籼稻区与北方粳稻区的交界和过度区, 其遗传基础较丰富和复杂, 而台湾地处海岛, 在地理位置上与大陆地区不相邻, 其籼稻地方品种的群体遗传结构及其影响因子与其他省份有所不同。

4 结论

采用 Powermarker、Structure 2.2 和 Popgen 32 三种软件对试验材料的遗传结构分析结果虽有一些相异性, 但基本趋于一致, 并互为补充。同一个省份的籼稻地方品种基本聚在同一小类群; 相隔较近省份的籼稻地方品种多数聚在同一个类群中, 聚类结果与品种所处的地理位置密切相关。陕西和台湾籼稻地方品种的遗传基础较复杂。

References

- [1] Lu H, Redus M A, Coburn J R, Rutger J N, McCouch S R, Tai T H. Population structure and breeding patterns of 145 U.S. rice cultivars based on SSR marker analysis. *Crop Sci*, 2005, 45:

- 66–76
- [2] Garriss A J, Tai T H, Coburn J, Kresovich S, McCouch S. Genetic structure and diversity in *Oryza sativa* L. *Genetics*, 2005, 169: 1631–1638
 - [3] Semon M, Nielsen R, Jones P M, McCouch S R. The population structure of African cultivated rice *Oryza glaberrima* (Steud.): evidence for elevated levels of linkage disequilibrium caused by admixture with *O. sativa* and ecological adaptation. *Genetics*, 2005, 169: 1639–1647
 - [4] Zhang J(张军), Zhao T-J(赵团结), Gai J-Y(盖钧镒). Analysis of genetic structure differentiation of released soybean cultivar population and specificity of subpopulations in China. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2009, 42(6): 1901–1910 (in Chinese with English abstract)
 - [5] Li H-W(李宏伟), Gao L-F(高丽锋), Liu S-D(刘曙东), Li Y-Q(李永强), Jia J-Z(贾继增). Study on the genetic diversity of wheat by EST-SSRs. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(1): 7–12 (in Chinese with English abstract)
 - [6] Thomson M J, Septiningsih E M, Suwardjo F, Santoso T J, Silitonga T S, McCouch S R. Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 559–568
 - [7] Andersen J R, Zein I, Wenzel G, Krützfeldt B, Eder J, Ouzunova M, Lübberstedt T. High levels of linkage disequilibrium and associations with forage quality at a *Phenylalanine Ammonia-Lyase* locus in European maize (*Zea mays* L.) inbreds. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 307–319
 - [8] Wang M X, Zhang H L, Zhang D L, Qi Y W, Fan Z L, Li D Y, Pan D J, Cao Y S, Qiu Z E, Yu P, Yang Q W, Wang X K, Li Z C. Genetic structure of *Oryza rufipogon* Griff. in China. *Heredity*, 2008, 101: 527–535
 - [9] Wang M X, Zhang H L, Zhang D L, Pan D J, Li D Y, Fan Z L, Qi Y W, Sun J L, Yang Q W, Li C, Li Z C. Geographical genetic diversity and divergence of common wild rice (*O. rufipogon* Griff.) in China. *Chin Sci Bull*, 2008, 53: 3559–3566
 - [10] Gao L Z. Population structure and conservation genetics of wild rice *Oryza rufipogon* (Poaceae): a region-wide perspective from microsatellite variation. *Mol Ecol*, 2004, 13: 1009–1024
 - [11] Gao L Z, Schaal B A, Zhang C H, Jia J Z, Dong Y S. Assessment of population genetic structure in common wild rice *Oryza rufipogon* Griff. using microsatellite and allozyme markers. *Theor Appl Genet*, 2002, 106: 173–180
 - [12] Chen Y(陈雨), Pan D-J(潘大建), Qu Y-Y(曲延英), Fan Z-L(范芝兰), Chen J-Y(陈建酉), Li C(李晨). Analysis of genetic structure by simple sequence repeat markers in seven *Oryza rufipogon* Griff. populations from Gaozhou. *Chin Bull Bot* (植物学通报), 2008, 25(4): 430–436 (in Chinese with English abstract)
 - [13] Zhang H L, Sun J L, Wang M X, Liao D Q, Zeng Y W, Shen S Q, Yu P, Mu P, Wang X K, Li Z C. Genetic structure and phylogeography of rice landraces in Yunnan, China, revealed by SSR. *Genome*, 2006, 50: 72–83
 - [14] Zhang D-L(张冬玲), Zhang H-L(张洪亮), Wei X-H(魏兴华), Qi Y-W(齐永文), Wang M-X(王美兴), Sun J-L(孙俊立), Ding L(丁立), Tang S-X(汤圣祥), Qiu Z-E(裘宗恩), Cao Y-S(曹永生), Wang X-K(王象坤), Li Z-C(李自超). Genetic structure and genetic diversity of cultivated rice from Guizhou province. *Chin Sci Bull* (科学通报), 2006, 51(23): 2747–2754 (in Chinese with English abstract)
 - [15] Zhang J(张军), Zhao T-J(赵团结), Gai J-Y(盖钧镒). Genetic diversity, specificity and population differentiation of soybean cultivars in Asia. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2008, 41(11): 3511–3520 (in Chinese with English abstract)
 - [16] Li Y H, Guan R X, Liu Z X, Ma Y S, Wang L X, Li L H, Lin F Y, Luan W J, Chen P Y, Yan Z, Guan Y, Zhu L, Ning X C, Smulders M J M, Li W, Piao R H, Cui Y H, Yu Z M, Guan M, Chang R Z, Hou A F, Shi A N, Zhang B, Zhu S L, Qiu L J. Genetic structure and diversity of cultivated soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] landraces in China. *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 857–871
 - [17] Edwards K, Johnstone C, Thompson C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis. *Nucl Acids Res*, 1991, 19: 1349
 - [18] Liu K, Muse S. PowerMarker: New Genetic Data Analysis Software, Version 2.7, 2004. <http://www.powermarker.net>
 - [19] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 2000, 155: 945–959
 - [20] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 2003, 164: 1567–1587
 - [21] Yang W(杨文). Genetic Structure and Theirs Relationships among Populations of *Oryza rufipogon*, *Oryza sativa Japonica* and *Oryza sativa Indica*. MS Dissertation of Nanchang University, 2008 (in Chinese with English abstract)
 - [22] Peng S-T(彭锁堂), Wang H-G(王海岗), Wei X-H(魏兴华), Lü J-Z(吕建珍), Zhang X-L(张晓丽), Yuan X-P(袁筱萍), Yang W-D(杨武德). SSR diversity and genetic structure of main male sterile lines of three-line hybrid rice in China. *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2008, 22(4): 365–369 (in Chinese with English abstract)
 - [23] Wang J-X(王家祥), Chen Y-T(陈友桃), Huang J(黄娟), Qiao W-H(乔卫华), Zhang W-X(张万霞), Yang Q-W(杨庆文). Comparison of genetic diversity between in-situ conserved and non-conserved *Oryza rufipogon* populations in China. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(8): 1474–1482 (in Chinese with English abstract)
 - [24] Zhang D L, Zhang H L, Wang M X, Sun J L, Qi Y W, Wang F M, Wei X H, Han L Z, Wang X K, Li Z C. Genetic structure and differentiation of *Oryza sativa* L. in China revealed by microsatellites. *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 1105–1117
 - [25] Tang A(唐傲), Shao G-N(邵高能), Jiao G-A(焦桂爱), Luo J(罗炬), Wu J-L(吴建利), Tang S-Q(唐绍清), Hu P-S(胡培松). Comparative assessment of SSR diversity in aromatic rice germplasm. *Hereditas* (遗传), 2009, 31(4): 412–419 (in Chinese with English abstract)