

应用 SSR 分子标记评价不同年代东北三省 粳稻基因组遗传构成

刘 迪¹, 李红宇², 孙 健¹, 徐正进¹

(1. 沈阳农业大学 水稻研究所/农业部作物生理生态遗传育种重点开放实验室/辽宁省北方粳稻育种重点实验室, 辽宁 沈阳 110866; 2. 黑龙江八一农垦大学 农学院, 黑龙江 大庆 163319)

摘要:为进一步明确北方粳型水稻基因组遗传构成, 利用 52 个 SSR 分子标记对 79 份不同时期东北粳稻品种进行遗传多样性与基因组遗传构成的研究。结果表明: 品种遗传多样性在省份间呈现出辽宁>黑龙江>吉林, 在年代间呈现出 2001~2008>1981~1990>1991~2000>1963~1980 的趋势; 基因组籼稻成分比例表现为辽宁品种>黑龙江品种>吉林品种, 20 世纪 80 年代育成品种的粘性血缘含量最多; 遗传构成分析显示出东北地区遗传构成随年代更迭逐渐丰富, 3 个省份的遗传成分存在一定差异, 以辽宁地区最为复杂。20 世纪 80 年代后籼粳杂交育种实践引入的籼稻基因不仅丰富了东北粳稻的遗传构成, 而且“适量”籼稻血缘的应用对今后北方粳稻育种有重要作用。

关键词: 东北粳稻; 遗传多样性; 籼稻成分; 遗传构成

中图分类号: S511

文献标识码: A

文章编号: 1002-2767(2011)07-0001-06

亚洲栽培稻可以分为籼稻(*Oryza sativa* L. var. *indica*)与粳稻(*Oryza sativa* L. var. *japonica*) 2 个典型亚种。利用籼粳稻亚种间杂交创造新株型和强优势, 经复交或回交优化性状组配和产量结构, 是选育超高产品种的有效途径^[1]。从系谱分析, 近年来北方粳稻区生产上推广的品种绝大多数都是通过籼粳稻杂交育成的^[2], 籼稻血缘的引入, 拓宽了日渐狭窄的北方粳稻遗传基础。研究表明, 由籼粳稻杂交理论育成的品种在程氏指数性状、穗颈维管束和叶片气孔等籼粳差异性特征上并未体现出中间状态, 而是保持典型籼粳稻的基本特性^[3-4]。但籼稻血缘的引入使北方粳稻产量进一步突破也是不争的事实, 由此育成的“超级稻”品种为中国的粮食安全做出了巨大贡献^[5]。可见, 籼型基因的引入对北方粳稻的遗传进展具有很大贡献, 但这种贡献产生的分子基础非常复杂。目前, 对于籼稻血缘在北方粳稻基因组所占比重、所在区域以及作用方式尚未明确。该研究拟利用分布在 12 条染色体的 52 对 SSR

分子标记以及 6 个用于籼粳分类的表型性状综合分析来源于东北三省近 40 年大面积栽培的主栽品种, 旨在进一步明确北方粳型水稻基因组遗传构成, 为今后粳稻育种实践提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料选自 1963~2008 年间育成的在黑龙江、吉林、辽宁三省大面积主栽粳稻(*Oryza sativa* L. var. *japonica*) 品种 79 份, 能在北方正常成熟的籼稻(*Oryza sativa* L. var. *indica*) 品种 13 份(见表 1)。

1.2 表型农艺性状考察

2010 年春季将品种种植于沈阳农业大学水稻研究所试验地, 田间每个品种种植 2 行, 每行 10 株。采用程侃声^[6]亚洲稻籼粳亚种形态指数法, 对稃毛、叶毛、抽穗时壳色、籽粒长宽比、第 1~2 穗节长、酚反应等 6 个性状分别进行评分, 得分 0~8 为粳; 9~13 为偏粳, 14~17 为偏籼; 18~24 为籼。

1.3 DNA 提取及标记检测

利用苗期的幼嫩叶片采用 1% CTAB 的方法提取基因组 DNA^[7], 利用紫外分光光度计测定浓度和纯度。选择分布在 12 条染色体上的与籼粳分化有关的 52 对 SSR 多态性引物^[8-14]进行样品 DNA 的 PCR 扩增与电泳检测分型。反应体系为: 模板 DNA 50 ng, 引物 92.4 ng, 10×缓冲液 1.5 μL (22.5 mmol·L⁻¹ MgCl₂), dNTP 1.8 mmol·L⁻¹, 0.3 U taq 酶, 加水补至 15 μL。PCR 扩增程序: 94℃ 预变性 3 min; 94℃ 变性 30 s,

收稿日期: 2011-04-19

基金项目: “十二五”国家科技支撑计划资助项目(2011BAD35B02); 教育部博士点基金资助项目(2103110002)

第一作者简介: 刘迪(1985-), 女, 辽宁省彰武县人, 硕士, 从事分子标记与分子标记辅助育种研究。E-mail: liudisyau@126.com。

通讯作者: 徐正进(1958-), 男, 辽宁省营口市人, 博士, 教授, 从事遗传基础研究与分子育种研究。E-mail: xuzhengjin@126.com。

55℃退火 30 s,72℃延伸 1 min,30 个循环;72℃延伸 10 min。扩增产物进行 6%聚丙烯酰胺凝胶电

泳,恒定功率 70 W,电泳时间 2 h,利用银染法进行染色^[15]。

表 1 79 份东北粳稻品种和 13 份籼稻品种

时期	地区	品种
2001~2008	黑龙江	垦稻 13、龙稻 5 号、垦稻 11、垦稻 12、松粳 6 号、垦鉴稻 6 号、松 01-173、松粳 10 号、龙粳 14、龙稻 3 号、龙粳 13、垦稻 10 号、富士光*、垦稻 9 号
	吉林	吉粳 803、长白 18、吉粳 504、吉粳 88、吉粳 105、吉粳 95、通育 223、吉粳 94、吉丰 10 号、天井 4 号、吉粳 83
	辽宁	长白 9 号、沈稻 12、沈稻 3 号、千重浪 1 号、沈农 6014、沈稻 9 号、沈稻 6 号、辽粳 9 号、盐粳 68、沈农 9741、辽星 1 号、沈农 265、辽粳 371
1991~2000	黑龙江	空育 131*、五优稻 1 号、垦稻 8 号、龙粳 8 号、东农 419、松粳 3 号、东农 416、
	吉林	秋田小町*、延粳 23、吉玉粳、通 35、长白 9 号
	辽宁	中辽 9052、里歌*、沈农 159、辽粳 294、营 8433、辽粳 454、辽盐 16、辽盐 283、台粳 9 号、辽盐 241、辽粳 326、铁粳 4 号
1981~1990	黑龙江	龙粳 2 号、东农 415、合江 20
	辽宁	辽盐 2 号、辽粳 287、农林 315*、日本晴*、辽粳 5 号
1963~1980	黑龙江	合江 19、普选 10 号、合江 15
	辽宁	丰锦*、京租*、秋光*、屛锦*
年代不明	辽宁	辽恢 190、沈恢 32
	籼稻	象牙香占、七山占、9311、中优早 8 号、Ⅱ-32B、泸恢 99、K 青 B、早香 1 号、矮丝苗、红粒卡、IR72、河田香稻、成恢 448

注:表中“*”为引进日本品种。

1.4 数据分析

利用 Powermarker Version 3.25 软件计算等位基因数(AlelleNo,Na)、多态性信息含量(Polymorphism information content,PIC)和 Nei's 遗传多样性指数(GeneDiversity,He)($He = 1 - \sum p_i^2$)^[16]。采用基于模型的多位点基因型数据分析方法(软件 Structure version 2.3.1)^[17-19],根据 $\Delta K(\Delta K = m|L(K+1) - 2L(K) + L(K)|)/s|L(K)|$ 变化规律确定合适的分群数(K 值)^[20],画出基于模型的群体遗传结构图并计算各品种的 Q 值,分析不同年代东北三省粳稻品种的粳粳血缘和基因组遗传构成与分化。利用 DPS v7.05 软件对计算结果进行处理。

2 结果与分析

2.1 不同年代东北粳稻遗传多样性分析

由表 2 可知,东北三省水稻品种的遗传多样性在等位基因数、遗传多样性指数和多态信息含量 3 个指标上均表现为辽宁>黑龙江>吉林,3 个省份在等位基因数上差异显著,辽宁和黑龙江与吉林差异极显著。不同年代育成品种的遗传多样性不同(见表 3),在等位基因数上表现为 2001~2008 年育成品种>1991~2000 年>1981~1990 年>1963~1980 年,其中 2001 年以后育成品种与 1990 年以前育成品种差异极显著;在遗传多样性指数和多态信息含量上均表现为 2001~2008

年育成品种>1981~1990 年>1991~2000 年>1963~1980 年,彼此间差异未达到显著水平。

表 2 不同地区的遗传多样性

地 区	等位基因数	遗传多样性指数	多态信息含量
黑 龙 江	2.500bA	0.290	0.253
吉 林	2.000cB	0.233	0.203
辽 宁	2.827aA	0.304	0.269

表 3 不同年代的遗传多样性

年 代	等位基因数	遗传多样性指数	多态信息含量
2001~2008	2.789aA	0.294	0.250
1991~2000	2.500aAB	0.276	0.245
1981~1990	2.058bBC	0.290	0.251
1963~1980	1.827bC	0.258	0.216

注:同一表中不同大小写字母分别表示差异达到 1% 和 5% 显著水平。

进一步分析可知(见图 1),辽宁地区 1991 年以后育成品种在等位基因数上极显著大于 1980 年以前的品种;1991 年以后育成品种在多态信息含量上显著大于 1980 年以前的品种。黑龙江地区 2001 年以后育成品种在等位基因数上极显著大于 2000 年以前的品种,在多态信息含量上差异不显著。辽宁和黑龙江品种在遗传多样性指数上均差异不显著。吉林品种在这 3 个指标上均差异不显著。

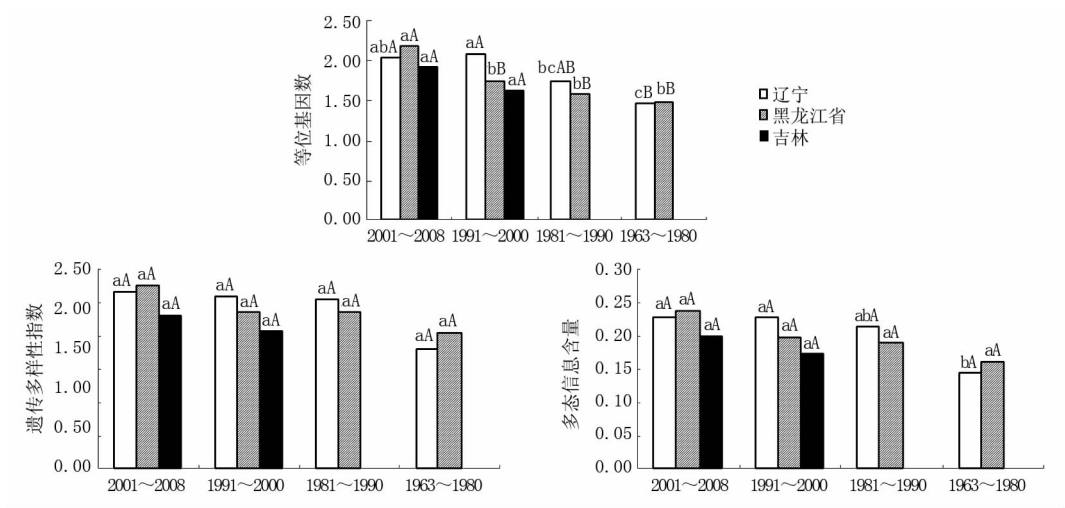


图 1 不同省份、不同年代等位基因数、遗传多样性指数和多态信息含量分析
同一图中不同大小写字母分别表示差异达到 1% 和 5% 显著水平

2.2 东北粳稻基因组遗传构成与分化

2.2.1 东北粳稻籼粳血缘的遗传构成 利用 structure 2.3.1 软件对 79 份粳稻品种和 13 份籼稻品种进行群体遗传结构和模型聚类分析(见图 2)可知,当 $K=1\sim 10$ 时, ΔK 在 $K=2$ 时出现峰值(见图 2A),即 92 份品种含有两类血缘,对照日本晴和 93-11 代表品种可知,这两类血缘分别为

籼稻(灰色)和粳稻(黑色)(见图 2B)。时期间分析表明(见图 2C),除 1980 年以前育成的品种,其它各个时期均有籼性血缘含量较多的品种育成,2001 年以后育成的含有籼性血缘较多的品种数大于其它各个时期。地区间差异分析表明,黑龙江和辽宁地区的品种籼性血缘含量较多,吉林地区的品种籼性血缘含量较少(见图 2D)。

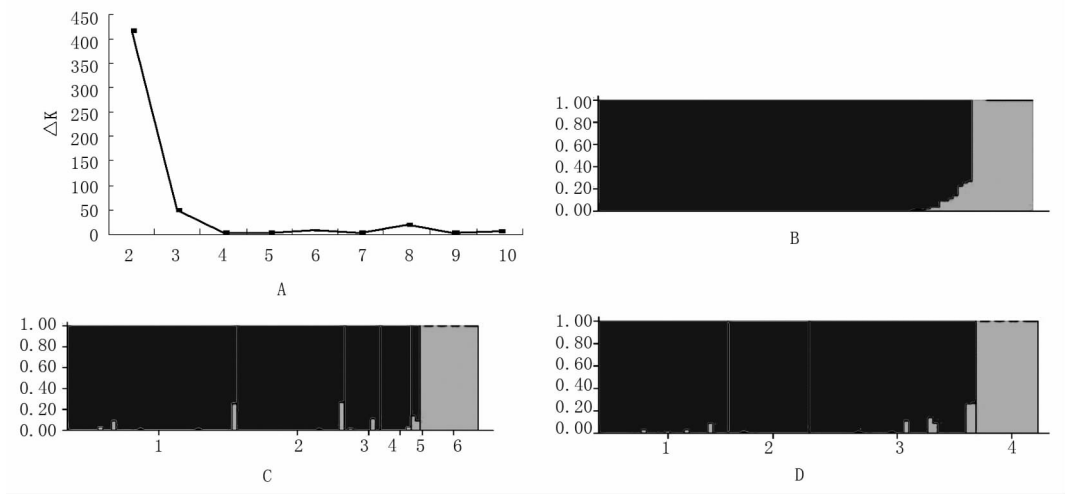


图 2 供试品种群体遗传结构

A: ΔK 的变化曲线;B: 基于模型的 2 类血缘;C: 两类血缘分时期分布(1 为 2001~2008 年间育成品种,2 为 1991~2000 年间育成品种,3 为 1981~1990 年间育成品种,4 为 1963~1980 年间育成品种,5 为年代不明品种,6 为籼稻品种);D: 两类血缘分省份分布(1 为黑龙江品种,2 为吉林品种,3 为辽宁品种,4 为籼稻品种)

品种 Q 值反映了各品种所含籼性血缘或粳性血缘的多少(见表 4)。其中,沈农 6014、沈农 159、辽粳 287、辽恢 190 的籼性血缘含量大于 10%,大多数品种含有少量或者不含有籼性成分。黑龙江地区的籼性血缘平均为 0.007 15,吉林地区为 0.001 29,辽宁地区为 0.025 9,3 个省份间

的差异不显著。2001~2008 年育成品种的籼性血缘平均值为 0.011 6,1991~2000 为 0.012 3,1981~1990 年为 0.015 9,1963~1980 年为 0.004 86,各个时期育成品种的籼性血缘差异不显著。

表 4 供试品种 Q 值

品种	品种 Q 值		程氏指数总分	品种	品种 Q 值		程氏指数总分
	籼性血缘	粳性血缘			籼性血缘	粳性血缘	
垦稻 13	0.005	0.995	18	千重浪 1 号	0.001	0.999	20
垦稻 11	0.000	1.000	22	沈农 6014	0.257	0.743	16
垦稻 12	0.001	0.999	22	沈稻 9 号	0.002	0.998	17
龙稻 5 号	0.001	0.999	18	沈稻 6 号	0.000	1.000	18
松粳 6 号	0.001	0.999	21	辽粳 9 号	0.001	0.999	18
垦鉴稻 6 号	0.000	1.000	20	盐粳 68	0.001	0.999	20
松 01-173	0.001	0.999	17	沈农 9741	0.000	1.000	18
松粳 10 号	0.000	1.000	20	辽星 1 号	0.013	0.987	19
龙粳 14	0.000	1.000	21	沈农 265	0.001	0.999	19
龙稻 3 号	0.000	1.000	21	辽粳 371	0.001	0.999	20
龙粳 13	0.006	0.994	18	中辽 9052	0.000	1.000	20
垦稻 10 号	0.035	0.965	21	里歌	0.000	1.000	20
富士光	0.000	1.000	21	沈农 159	0.268	0.732	17
垦稻 9 号	0.091	0.909	20	辽粳 294	0.001	0.999	20
空育 131	0.000	1.000	20	营 8433	0.000	1.000	20
五优稻 1 号	0.001	0.999	19	辽粳 454	0.001	0.999	19
垦稻 8 号	0.001	0.999	19	辽盐 16	0.000	1.000	17
龙粳 8 号	0.000	1.000	21	辽盐 283	0.004	0.996	20
东农 419	0.001	0.999	20	台粳 9 号	0.006	0.994	20
松粳 3 号	0.000	1.000	19	辽盐 241	0.001	0.999	18
东农 416	0.000	1.000	22	辽粳 326	0.000	1.000	19
龙粳 2 号	0.001	0.999	19	铁粳 4 号	0.010	0.990	17
东农 415	0.015	0.985	20	辽盐 2 号	0.001	0.999	19
合江 20	0.001	0.999	18	辽粳 287	0.109	0.891	16
合江 19	0.001	0.999	18	农林 315	0.000	1.000	20
普选 10 号	0.030	0.970	19	日本晴	0.000	1.000	18
合江 15	0.001	0.999	18	辽粳 5 号	0.000	1.000	18
吉 2843	0.000	1.000	19	丰锦	0.000	1.000	18
吉粳 803	0.001	0.999	19	京租	0.002	0.998	23
长白 18	0.001	0.999	20	秋光	0.000	1.000	22
吉粳 504	0.001	0.999	20	屈锦	0.000	1.000	18
吉粳 88	0.001	0.999	18	辽恢 190	0.136	0.864	17
吉粳 105	0.001	0.999	20	沈恢 32	0.089	0.911	16
吉粳 95	0.001	0.999	18	象牙香占	0.999	0.001	6
通 223	0.014	0.986	19	七山占	1.000	0.000	6
吉粳 94	0.000	1.000	18	9311	1.000	0.000	4
天井 4 号	0.001	0.999	21	中优早 8 号	0.999	0.001	11
吉丰 10 号	0.000	1.000	19	沪恢 99	0.997	0.003	7
吉粳 83	0.000	1.000	22	Ⅱ-32B	0.999	0.001	7
秋田小町	0.000	1.000	20	K 青 B	1.000	0.000	7
延粳 23	0.001	0.999	19	早香 1 号	0.998	0.002	4
吉玉粳	0.000	1.000	21	矮丝	0.999	0.001	6
通 35	0.000	1.000	20	红粒卡	0.999	0.001	11
长白 9 号	0.000	1.000	22	IR72	0.999	0.001	2
沈稻 12	0.000	1.000	18	河田香稻	0.993	0.007	5
沈稻 3 号	0.001	0.999	20	成恢 448	0.999	0.001	6

2.2.2 东北粳稻基因组遗传分化 利用 structure 2.3.1 软件对 80 份北方粳稻品种进行群体遗传结构分化分析(见图 3),当 $K=1\sim 10$ 时,

ΔK 在 $K=5$ 时出现峰值,北方粳稻品种可以分为 5 个亚群(黄色、绿色、蓝色、红色、粉色)。

图 3A 反映了不同年代东北粳稻群体遗传结

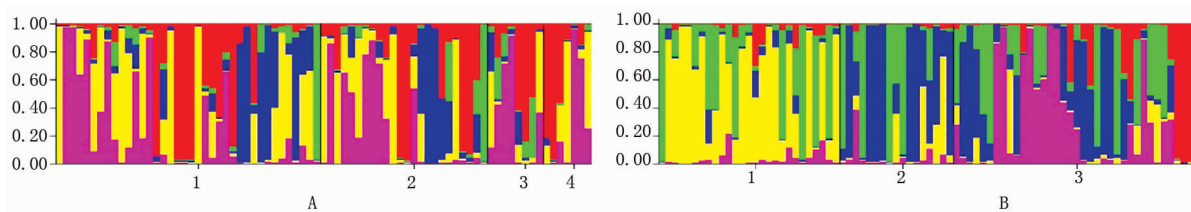


图 3 不同年代和不同地区东北粳稻遗传构成分析

A:不同年代东北粳稻群体遗传构成(1 为 2001~2008 年育成品种,2 为 1991~2000 年育成品种,3 为 1981~1990 年育成品种,4 为 1963~1980 年育成品种);B:不同地区东北粳稻群体遗传结构(1 为黑龙江品种,2 为吉林品种,3 为辽宁品种)

构。1990 年以前育成的北方粳稻品种红色和粉色亚群的遗传成分较多,黄色和蓝色亚群的遗传成分较少,随着时间的推移,红色和粉色亚群的遗传成分所占的比重略有下降,蓝色和黄色的遗传成分所占比重逐渐增加,绿色遗传成分在近 40 年所占比例一直很少。

图 3B 反映了不同地区东北粳稻群体遗传结构。黑龙江地区以黄色亚群的遗传成分最多,同时含有一定的绿色亚群成分;吉林地区含有很高比例的绿色和蓝色亚群的遗传成分,辽宁地区以粉色亚群的遗传成分最多,兼有绿色、蓝色、红色亚群成分,黄色亚群遗传成分最少。

3 结论与讨论

3.1 粳稻基因组对东北粳稻基因组多样性的贡献

近年来,为了丰富遗传基础,综合亚种有利特性,粳稻杂交成为国内外水稻,特别是粳稻常规育种的重要途径^[21]。20 世纪 80 年代以来,随着广亲和基因的发现和广亲和恢复系的选育及光敏核不育水稻的深入研究,粳稻杂种优势利用开始从间接利用走向直接利用^[22]。该试验研究发现,北方粳稻品种遗传多样性表现出辽宁>黑龙江>吉林,在遗传多样性指数和多态信息含量上均表现出 2001~2008 年育成品种>1981~1990 年>1991~2000 年>1963~1980 年的趋势,但在等位基因数上表现为 2001~2008 年育成品种>1991~2000 年>1981~1990 年>1963~1980 年。不同年代、不同地区推广品种在遗传多样性指数和多态信息含量上近似,而等位基因数随年代演替显著增加,可见粳稻杂交引入的粳稻基因扩展了北方粳稻的“基因库”,这与李红宇^[23]研究的东北水稻特有等位基因随年代推移而增加一致。辽宁地区 1991 年以后育成品种在多态信息含量和等位基因数上显著或极显著大于 1980 年以前的育成品种,黑龙江地区 2001 年以后育成品种在等位基因数的指标上极显著大于 2000 年以前育成的品种,这与粳稻架桥育种的开展^[24]以及 20 世纪 80 年代中期沈阳农业大学等开展的北方粳稻超高产育种的研究与实践^[25]和省份间的相互引种有着千丝万缕的联系。

3.2 不同年代东北粳稻育成品种粘性血缘差异

前人利用程氏指数法、穗颈维管束和叶片气孔的研究初步表明^[26],粳稻杂交育成品种并没有像预期那样呈现粳稻中间状态。该试验采用程氏指数法对各品种进行打分,结果表明,东北粳稻品种均表现为粳或偏粳,而用 structure 2.3.1 软件统计分析 SSR 标记检测结果,发现个别品种含

有很高的粘性血缘,可以考虑将这些品种作为中间材料用于未来的水稻育种中。20 世纪 80 年代品种的粘性血缘含量高于其它时期,这也充分验证了 20 世纪 80 年代开展粳稻杂交育种引入了丰富的粘性成分,并在育种中发挥了巨大的遗传潜力。由于每个时期的育种目标不同和育种中的不断复交、回交,使得 20 世纪 80 年代后育成品种的粘性血缘逐渐降低。辽宁地区的粘性血缘含量最多,说明辽宁地区对粳稻杂交的利用频率较高,另一方面说明粳稻血缘应用于北方不同粳稻生态区可能存在不同的“最适含量”。这是由于北方寒地极端的生态条件形成很大的自然选择压,使得粳稻基因组在长期对环境适应下产生了很强的遗传瓶颈效应,这种效应即使仅在东北三省中影响程度也不同。在今后的育种实践中,要根据不同的生态区类型有意识的引入不同“量”的粘性血缘,使粳稻基因成分达到最适比例,进而实现育成品种在适应生态环境的基础上发挥最大遗传潜力的育种目标。

3.3 东北粳稻遗传构成差异

该研究发现,东北三省育成品种均含有黄色、绿色、蓝色、红色和粉色 5 个亚群的遗传成分,省份间没有明显的遗传分化,这与北方温带生态条件下的 3 个省份间相互引种而存在的基因交流有一定的关系。但是每个亚群的遗传成分在 3 个省份分布的比例各有不同,说明 3 个省份的遗传构成存在一定的差异,另一方面也验证了遗传瓶颈效应在东北三省中的影响程度不同。辽宁地区特有的生态环境以及粳稻杂交育种的成功利用形成了辽宁地区育成品种复杂的遗传背景。20 世纪 80 年代以来,利用粳稻杂种优势育成了粳稻杂交品种并推广,这些品种又作为亲本应用到北方粳稻的育种实践中,这可能是北方粳稻遗传构成随年代更迭逐渐丰富的一个主要原因。

参考文献:

- [1] 陈温福,徐正进,张龙步,等.北方粳稻新株型超高产育种研究进展[J].中国农业科学,2004,37(10):1407-1413.
- [2] 林世成,闵绍楷.中国水稻品种及其系谱[M].上海:科学技术出版社,1991.
- [3] 徐正进,陈温福,张龙步,等.水稻穗颈维管束性状的类型间差异及其遗传的研究[J].作物学报,1996,22(2):167-172.
- [4] 徐正进,李金泉,姜健,等.粳稻杂交育成品种的亚种特征性状及其与经济性状的关系[J].作物学报,2003,29(5):735-739.
- [5] 陈温福,徐正进.水稻超高产育种理论与方法[M].北京:科学出版社,2007.
- [6] 程侃声.亚洲稻粳亚种的鉴别[M].昆明:云南科技出版社,1993.
- [7] Saghai-Maroo M A, Soliman K M, Jorgensen R A, et al. Ribosomal DNA space length polymorphism in barley: Mende-

- lian inheritance, chromosomal location and population dynamics [J]. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1984, 81: 8014-8018.
- [8] 陈雨, 杨庆文, 潘大建, 等. 用 SSR 标记初步分析高州普通野生稻的籼粳分化[J]. 分子植物育种, 2008, 6(2): 263-267.
- [9] 戴小军. 栽培稻籼粳亚种间遗传差异及分子标记初步研究[D]. 湖南: 湖南师范大学, 2008.
- [10] 陈芬, 陈雨, 曲延英, 等. 粵北普通野生稻籼粳分化的 SSR 分析[J]. 基因组学与应用生物学, 2009, 28(1): 51-56.
- [11] 毛艇, 徐海, 郭艳华, 等. 利用 SSR 分子标记进行水稻籼粳分类体系的初步构建[J]. 华北农学报, 2009, 24(1): 119-124.
- [12] 姜树坤. 水稻重要农艺性状遗传基础解析及株型 QTL 精细定位[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2010.
- [13] 杨慧, 王云月, 陆春明, 等. 云南糯稻籼粳分化与遗传变异研究[J]. 西北植物学报, 2010, 30(8): 1565-1572.
- [14] 朱作峰, 孙传清, 李自超, 等. 用标记对水稻品种的分类研究[J]. 农业生物技术学报, 2001, 9(1): 58-61.
- [15] Panaud O, Chen X L, McCouch S R. Development of microsatellite markers and characterization of simple sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Mol Gen Genet, 1996, 252: 597-607.
- [16] Nei M. Analysis of diversity in subdivided populations[J]. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 1973, 70: 3321-3323.
- [17] Pritchard J K, Stephens M, Donnelly P. Inference of population structure using multilocus genotype data[J]. Genetics, 2000, 155: 925-959.
- [18] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure: Extensions to linked loci and correlated allele frequencies[J]. Genetics, 2003, 164: 1567-1587.
- [19] Falush D, Stephens M, Pritchard J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: dominant markers and null alleles[J]. Mol Ecol. Note, 2007, 7: 574-578.
- [20] Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of cluster of individuals using the software structure: a simulation study[J]. Mol Ecol, 2005, 14: 2611-2620.
- [21] 徐正进, 李金泉, 黄瑞冬, 等. 籼粳稻杂交后代亚种特性表现与分类研究[J]. 中国农业科学, 2003, 36(12): 1571-1575.
- [22] 姜健, 李金泉, 徐正进. 水稻籼粳杂交育种研究进展[J]. 吉林农业科学, 2003, 28(1): 9-14.
- [23] 李红宇, 侯昱铭, 陈英华, 等. 用 SSR 标记评估东北三省水稻推广品种的遗传多样性[J]. 中国水稻科学, 2009, 23(4): 383-390.
- [24] 刘晓梅, 郭晓莉, 刘明一, 等. 杂交粳稻研究进展[J]. 现代农业科技, 2010(24): 42-43.
- [25] 陈温福, 徐正进, 张龙步, 等. 北方粳型稻超高产育种理论与实践[J]. 中国农业科学, 2007, 40(5): 869-874.
- [26] Chen W F, Xu Z J. Comparative study of density and gas diffusion resistance in leaves of various types of rice[J]. Korean J. Crop Sci., 1995, 40(2): 125-132.

Evaluation on Genome Structure in Different Periods Northeast China Rice(*Oryza sativa* L. var. *japonica*) by SSR Marker

LIU Di¹, LI Hong-yu², SUN Jian¹, XU Zheng-jin¹

(1. Rice Institute of Shenyang Agricultural University/Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology, Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture/Key Laboratory of Northern *Japonica* Rice Breeding of Liaoning, Shenyang, Liaoning 110866; 2. Agronomy College of Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing, Heilongjiang 163319)

Abstract: In order to explicit the genome structure in Northeast China *japonica*, the changes in genetic diversity and genome structure during breeding were studied on the 79 northeast China *Japonica* in different periods using 52 genome-wide SSR loci. The results showed that genetic diversity of *japonica* cultivars from large to small sequenced for Liaoning, Heilongjiang, Jilin and 2001~2008, 1981~1990, 1991~2000, 1963~1980. The proportion of *indica* ingredient from small to large was Liaoning, Heilongjiang, Jilin and varieties in the 1980s had maximum level. Genome structure of northeast China *Japonica* was more and more complex with the periods changed. Genetic background of *Japonica* among 3 provinces showed some difference and mixed genetic constitution in Liaoning province was more than the other 2 provinces. *Indica* germplasm imported by *Indica-japonica* hybridization not only enriched genetic diversity, but also gave directions to *japonica* breeding in Northeast of China.

Key words: northeast *japonica*; genetic diversity; proportion of *indica* ingredient; genome structure