

# 新收集燕麦种质的遗传多样性和冗余性鉴定

王玉亭<sup>1</sup> 张宗文<sup>1,2</sup> 李高原<sup>3</sup> 张恩来<sup>1,4</sup> 吴 斌<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; <sup>2</sup>国际生物多样性中心东亚办事处, 北京 100081; <sup>3</sup>青海省农林科学院作物研究所, 西宁 810016; <sup>4</sup>云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 昆明 650223)

**摘要:** 从青海省 4 个县收集的 60 份燕麦样本中鉴别可能的重复材料, 为编目和入库保存提供依据。通过名称与来源分析、形态变异性与相似性评价以及分子标记遗传多样性与冗余性鉴定, 初步认为这些材料的来源不同, 特性明显, 遗传多样性丰富, 具有一定的保存和利用潜力。但从中也发现同名材料较多, 个别材料间遗传相似性较高, 存在一定遗传冗余性, 并鉴别出可能的重复材料, 如白燕麦(1083)与白燕麦(1093)、燕麦(1225)与大燕麦(1226)等。本研究为资源工作者有效鉴别种质收集品中的重复材料、提高保种效率提供参考依据。

**关键词:** 燕麦; 种质收集; 重复; 多样性; 冗余性;

## Identification of Genetic Diversity and Redundancy in Recently Collected Oat Accessions

WANG Yu-ting<sup>1</sup> ZHANG Zong-wen<sup>1,2</sup> LI Gao-yuan<sup>3</sup> ZHANG En-lai<sup>1,4</sup> WU Bin<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; <sup>2</sup>Bioversity International, Office for East Asia, Beijing 100081; <sup>3</sup>Crop Institute, Qinghai Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Xining 810016; <sup>4</sup>Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223)

**Abstract:** This study was to identify possible duplicates from 60 samples of oat germplasm newly collected in four counties of Qinghai province in order to determining the accessions for cataloguing and conservation. By analyzing the names and sources of the collections, evaluating the variation and similarity of morphological traits and assessing genetic diversity and redundancy with molecular markers, it showed that these oat collections had different sources, unique characteristics and high genetic diversity, with high potential for conservation and use. However, it was found that many samples have the same names and some samples have high genetic similarity. Therefore, there might be genetic redundancy in the collections and a few possible duplicates were identified, i. e. “White Oat (1083)” vs. “White Oat(1093)”, “Oat(1225)” vs. “Large Oat(1226)”. This study will be a useful reference for germplasm curators to effectively identify duplicates and improve the conservation efficiency.

**Key words:** *Avena*; Germplasm resources; Duplicates; Diversity; Redundancy

燕麦是一种粮、经、饲、药多用作物,也是人们重要的营养保健食品原料<sup>[1]</sup>。随着燕麦育成品种的推广,收集和保护传统农家品种及野生近缘植物是非常必要的。经过多年努力,中国国家种质库保存燕麦种质资源 3200 份,其中仅原产我国的裸燕麦地方品种 1273 份<sup>[2]</sup>,约占总数 40%。

燕麦收集材料的遗传多样性和冗余性鉴定是进行其合理保存的重要依据。在过去的材料编目和保存中,遇到同名但材料不同或同一材料有多个名称的情况,往往只能依据收集信息和基本形态数据判断是否属于不同材料。仅靠这些形态特性很难区分同名材料之间的真正差异,采用相关分子标记辅助

收稿日期: 2011-04-13 修回日期: 2011-09-21

基金项目: 国家作物种质资源保护专项( NB2010-2130135-25-06)

作者简介: 王玉亭,在读硕士。E-mail: wangyuting4@163.com

通讯作者: 张宗文,博士,研究员。E-mail: zongwenz@163.com

鉴定方法, 能够提高鉴别重复材料的可靠性。

青藏高原传统栽培燕麦包括粮用和饲用两种类型, 食用型为裸燕麦, 饲用型为皮燕麦。通过对我国种质库中主要裸燕麦<sup>[3]</sup>与皮燕麦<sup>[4]</sup>遗传多样性的分子标记研究结果表明, 青海省裸燕麦资源具有独特的遗传结构, 而皮燕麦具有丰富的变异类型。进一步收集和研究这一地区的燕麦资源, 对发展粮、饲兼用型燕麦有重要意义。为此, 2007 年 9 月, 中国农业科学院作物科学研究所与青海省农林科学院组成考察队, 考察了青海省东部湟中、平安、乐都和民和 4 个相互毗邻县内的 33 个村落, 收集到一批燕麦种质资源。根据采集地点与材料名称, 初步判断收集材料中存在同名异物或同物异名情况。本研究目的是通过采用形态和分子标记相结合的方法, 分析

青海新收集燕麦种质的遗传多样性和冗余性, 以便去重, 为这些燕麦种质编目入库提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料共 60 份, 包括 40 份燕麦农家品种、13 份燕麦野生近缘植物和 7 份青海省审定品种。材料由中国农业科学院作物科学研究所与青海省农林科学院联合收集, 材料的基本信息见表 1。俗名由当地农民来确认。除俗名外, 种质名称还说明了部分材料在穗型、子粒产量、植株特点和收集地点等方面的特点。无特别指明的为周散穗型。“农家”表示该材料为地方品种而非农田或路边杂草燕麦。

表 1 青海新收集燕麦种质资源的来源地

Table 1 Sources of oat germplasm newly collected from Qinghai province

保存编号 Stock No.	种质名称 Germplasm name	原产地 Origin	保存编号 Stock No.	种质名称 Germplasm name	原产地 Origin
1074	青莜 1 号	(审定品种)	1214	燕麦(农家)	乐都县下营乡下祝家村
1075	青莜 2 号	(审定品种)	1215	大燕麦(抗倒)	乐都县下营乡尕庄村
1076	青引 1 号	(审定品种)	1216	黑燕麦(混生)	乐都县下营乡泉湾村
1077	青引 2 号	(审定品种)	1217	矮燕麦(农家)	乐都县下营乡泉湾村
1078	青海 444	(审定品种)	1218	白燕麦(路边)	乐都县城台乡河西村
1079	青海甜燕麦	(审定品种)	1219	黑燕麦(路边)	乐都县瞿昙镇台沿村
1080	加拿大栽培燕麦	(审定品种)	1220	燕麦(野生)	乐都县瞿昙镇台沿村
1083	白燕麦	平安县石灰窑乡红崖村	1221	肚里黄	乐都县亲仁乡水泉湾村
1093	白燕麦	乐都县达拉乡洛干滩村	1222	肚里黄	乐都县蒲台乡山桃村
1104	大燕麦	湟中县土门关乡土门关村	1223	燕麦(野生)	乐都县蒲台乡中岭村
1194	白燕麦	平安县洪水泉乡槽子村	1224	燕麦(农家)	乐都县洪水镇石岭子村
1195	黑燕麦	平安县洪水泉乡槽子村	1225	燕麦(农家)	乐都县洪水镇吴家庄村
1196	黄燕麦(裸粒)	平安县洪水泉乡槽子村	1226	大燕麦	乐都县马营乡卡拉村
1197	黄燕麦(侧散)	平安县洪水泉乡槽子村	1227	白燕麦(湟中)	乐都县马厂乡马厂村
1198	白燕麦	平安县洪水泉乡永安村	1228	燕麦(农家)	民和县总堡乡中垣村
1199	黑燕麦(侧散)	平安县石灰窑乡红崖村	1229	燕麦(野生)	民和县转导乡忠孝村
1200	白燕麦	平安县石灰窑乡下河滩村	1230	燕麦(杂生)	民和县转导乡塔城村
1201	大燕麦	平安县平安镇张家寨村	1231	肚里黄	平安县三合镇祁新庄村
1202	玉麦(325kg)	平安县平安镇张家寨村	1232	大燕麦(红茎)	平安县石灰窑乡石灰窑村
1203	玉麦(175kg)	平安县古城乡沙卡村	1233	大燕麦	湟中县上新庄镇三岔村
1204	大燕麦(红茎)	平安县古城乡角加村	1234	黑燕麦	湟中县大源乡石嘴一村
1205	燕麦(杂生)	平安县古城乡角加村	1235	小燕麦	湟中县大源乡石嘴一村
1206	白燕麦	平安县古城乡角加村	1236	野生棕燕麦	湟中县大源乡石嘴一村
1207	黑燕麦(杂生)	平安县古城乡角加村	1237	肚里黄	湟中县多巴镇通海村
1208	白燕麦(侧紧)	平安县古城乡角加村	1238	野生棕燕麦	湟中县多巴镇通海村
1209	黑燕麦(杂生)	平安县古城乡角加村	1239	大燕麦	湟中县上五庄镇普崖村
1210	白燕麦	平安县沙沟乡牙扎村	1240	混生燕麦	湟中县上五庄镇普崖村
1211	黑燕麦	平安县沙沟乡清泉村	1241	侧紧农家燕麦	湟中县上五庄镇普崖村
1212	玉麦	乐都县下营乡下祝家村	1242	杂色大燕麦	湟中县李家山镇塔尔沟村
1213	农家燕麦	乐都县下营乡下祝家村	1243	野生棕燕麦	湟中县李家山镇塔尔沟村

## 1.2 方法

**1.2.1 表型鉴定** 将 60 份材料分别在青海省西宁市和北京市延庆县进行鉴定,采用《燕麦种质资源描述规范和数据标准》<sup>[5]</sup> 中的相关标准进行数据采集。采用的主要鉴定指标包括株高、穗形、落粒性、子粒皮裸性、外稃绒毛性和外稃颜色等性状。

**1.2.2 分子标记分析** 将 60 份材料按保存编号依次种于温室,每份播种 40 粒。三叶期后取样,选择生长良好的幼苗叶片,每份取 5 株混合 2 次重复。采用 CTAB 小量法提取 DNA,用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度,紫外分光光度计测定浓度,备用。

AFLP 分析方法<sup>[6]</sup>:用限制性内切酶 EcoR I 和 Mse I 对基因组 DNA 双酶切,28 对选择性扩增引物组合包括: E32M49、E33M37、E35M47、E37M47、E37M48、E37M50、E38M80、E39M80、E41M47、E41M59、E42M42、E44M80、E45M64、E45M65、E46M80、E49M55、E49M56、E49M64、E74M64、E76M52、E76M55、E76M64、E76M65、E78M35、E78M36、E78M56、E78M78、E80M54。SSR 分析方法<sup>[7-9]</sup>中,引物名称为 AM1、AM25、AM53、AM87、AM102、AM112、Hv5s。

扩增产物在 80W 恒功率下用 6% 的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,直至二甲苯青指示线距离胶板底部约 2/3 处为止。银染法显带。

**1.2.3 分子数据处理** 选择材料间有差异且清晰的谱带进行统计,有带赋值为 1,无带为 0,缺失为 9,形成数据矩阵。采用 NTSYSpc2.2 软件<sup>[10]</sup> SimQual 模块计算材料间的相似系数 PHI,SHAN 模块聚类分析,TreePlot 绘制聚类图。遗传多样性指数为辛普森指数  $H_i$ ,公式如下:

$$H_i = \sum_{i=1}^k h_i/k \quad h_i = 1 - \sum_{j=0}^l p_{ij}^2$$

表 2 青海新收集燕麦材料中同名种质在不同县的分布情况

Table 2 Distribution in different counties of synonym accessions of oat collected from Qinghai province

种质名称	湟中县	平安县	乐都县	民和县
Germplasm name	Huangzhong county	Pingan county	Ledu county	Minhe county
大燕麦	1104 ,1233 ,1239 ,1242	1201 ,1204 ,1232	1215 ,1226	-
小燕麦	1235	-	-	-
白燕麦	-	1083 ,1194 ,1198 ,1200 , 1206 ,1208 ,1210	1093 ,1218 ,1227	-
黑燕麦	1234	1195 ,1199 ,1207 ,1209 , 1211	1214 ,1224 ,1225	1228 ,1230
黄燕麦	-	1197(带壳) ,1196(裸粒)	-	-
玉麦	-	1202 ,1203	1212	-
燕麦	1240 ,1241 ,1243	-	1213	-
杂草燕麦	1236 ,1237 ,1238	1231 ,1205	1216 ,1217 ,1219 ,1220 , 1221 ,1222 ,1223	1229

$k$  为多态性谱带位点总数,  $j$  取值为 0,1,即:谱带无或有。

## 2 结果与分析

湟中、平安、乐都和民和 4 县是青海省东部的主要燕麦产区,种植面积较大,分布广泛,以地方品种为主,正在大力推广育成品种。本次收集材料看出,青海燕麦种类齐全,形态多样性丰富,包括栽培型与野生型、带皮型与裸粒型、农家品种与审定品种。农家品种大多来源于燕麦田、前茬为燕麦的农田和农家。同一村庄或邻近的村庄也可收集到形态丰富的农家品种。例如,在平安县角加村搜集到 5 份地方品种,形态各异。同一个县内不同村落间材料表现出一定冗余性,如在平安县的石灰窑乡红崖村、洪水泉乡槽子村、洪水泉乡永安村都收集到了白燕麦。

### 2.1 同名种质与地理来源分析

考察人员深入农村,在调查了解当地燕麦种植、品种名称和用途等情况时发现,这 4 个行政县境内的栽培燕麦各有特点,而不同生态区域或村落内存在相同俗名的不同种质(表 2)。比较普遍的同名材料有大燕麦、白燕麦、黑燕麦和燕麦等。湟中县同时存在大燕麦与小燕麦,却没有白燕麦;平安县没有小燕麦与燕麦的称谓,而具有其他 5 种类型品种;乐都县材料不多,但此处栽培的黑燕麦较原始,落粒、子粒有蹄口;民和县品种单一。尽管这些同名燕麦材料可能有几份来自同一个县,但均分布在不同的村庄,具有一定的地理远缘性,气候和土壤条件也有一定差别。但同时也看出,在湟中县收集了 4 份大燕麦,在平安县收集了 7 份白燕麦,同名材料的频率较高,可能存在一定的重复,需要对其进行深入的遗传多样性和冗余性鉴定。

## 2.2 材料形态变异性与相似性评价

在形态性状鉴定中,农家品种在株高和穗紧凑性上具有明显规律。小燕麦明显低于大燕麦,穗短而紧凑;白燕麦与黑燕麦居中间。

根据形态变异,可将农家品种进行分组,进而研究组内材料间的相似性。依据子粒外观,农家品种主要存在3组,其中前两组子粒带壳,最后一组为裸粒型。A组:外稃(壳色)黄白或黄色,名为大燕麦、白燕麦、黄燕麦(带壳)、小燕麦、燕麦;B组:外稃黑、红、灰色,俗名黑燕麦、燕麦、大燕麦;C组:裸粒型燕麦,名玉麦、黄燕麦。

燕麦野生近缘植物是混生于农田或位于地边的杂草,为燕麦属野生种;主要特征为:子粒带壳且外稃上被芒与绒毛,有蹄口,易落粒。收集材料中,有野生或半野生13份,其中肚里黄4份,黑燕麦2份,矮燕麦1份(当地有栽培),燕麦6份。肚里黄为田间地头杂生的野生型杂草,落粒严重,穗部未从旗叶抽出就变黄,成熟期早,而株高在60cm以下,矮化特征明显,可能是矮化育种研究的良好材料。因此,野生燕麦收集材料的形态差异明显,代表了不同的类型和来源。

农家品种的子粒特征明显,黑燕麦有纯黑大粒型、灰白型和野生种型3类。其中,5份纯黑大粒型黑燕麦地理来源很远,但是粒大、色泽纯黑、发亮等特点反映出存在冗余性。白燕麦份数更多,存在冗余的可能性比黑燕麦更大。

然而,由株高等6个性状的表型数据计算材料间的相似性系数,许多材料间的相似性系数都为1。也就是说,这些表型性状难以对材料的冗余性进行有效的鉴定。例如,尽管在部分农艺性状上存在变异,收集的玉麦,与裸粒型黄燕麦、青莠1号和青莠2号等材料在形态聚类中却难以区分。因此,要衡量它们之间的亲缘关系需要更多的研究指标,需要分子标记方面的辅助。

## 2.3 分子标记遗传多样性与冗余性鉴定

采用20对AFLP引物组合和7对SSR引物,在60份燕麦材料上获得了180个AFLP和SSR多态性分子标记位点。利用分子数据分析了全部材料的遗传多样性,结果表明全部材料的遗传多样性指数为0.33,表明材料间差异明显。但同时也看出,有一些材料间的关系非常密切,白燕麦(1083)与白燕麦(1093)间相似系数为0.83,这两份材料虽然来自两个县,但俗名相同,两个村庄间交通便利可能农民间交换了品种,因此认为可能是重复材料。农家燕麦

(1225)与大燕麦(1226)的相似系数为0.82,这两份材料子粒外观完全相同,分别来自乐都县的两个毗邻村庄,可能是同一个品种被引到另一个村庄后改了名称,因此也可能是重复材料。不过也存在商榷的地方,肚里黄(1222)与杂生燕麦(1230)的相似系数达0.84,遗传差异最小,但考虑到肚里黄(1222)是野生型,而杂生燕麦(1230)是栽培型,不能认为这两份材料存在重复性。

图1为PHI系数相似矩阵由UPGMA法聚类生成的树枝状图,反映出燕麦收集材料间的遗传关系。该聚类图与形态分组可以相互印证,建议在亲缘关

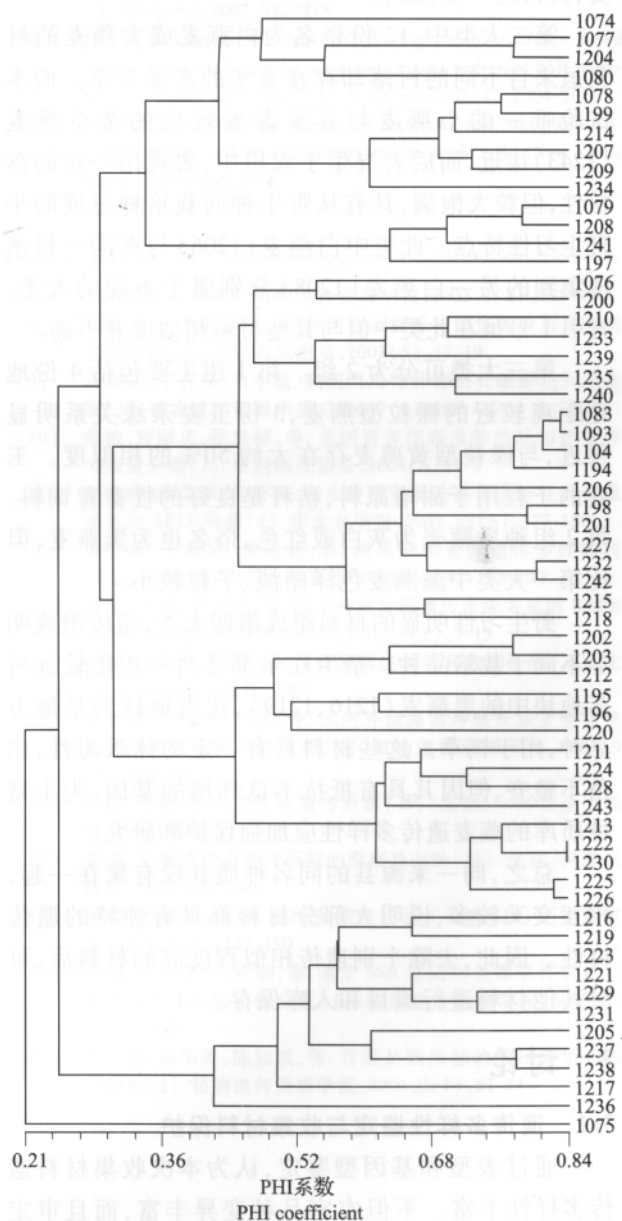


图1 青海收集燕麦种质资源的分子标记遗传相似性聚类图  
Fig.1 UPGMA dendrogram illustrating genetic similarities of oat collections from Qinghai province

系接近的同名材料内去除冗余后进行异位保存,以减少保存的成本。由图 1 看出,审定品种青莜 2 号具有独特的遗传背景,而其余 59 份收集材料可明显地划分为四大类。

审定品种主要集中在第一大类。加拿大栽培燕麦与青引 2 号的遗传相似性较低。5 份大粒黑燕麦与青海 444 在子粒特征和遗传组成上相似度非常高,均为大粒、饱满且颖壳纯黑。青海甜燕麦与湟中县的燕麦(1241)、平安县的白燕麦(1208)和带壳黄燕麦(1179)的亲缘关系相近。然而,聚类图反映出青引 2 号与大燕麦(1204)的关系接近,似乎不太真实,尚待进一步探讨。

第二大类中,12 份俗名为白燕麦或大燕麦的材料虽来自不同的村落却存在真实的亲缘关系。而本试验唯一的小燕麦与其来源地较近的杂草燕麦(1243)接近,而后者混生于农田中,表现出一定的落粒性,但粒大饱满,具有从野生种向栽培种过度的半野生习性特点。此类中白燕麦(1206)与在同一村落搜集到的另一白燕麦(1208)分别属于不同的大类。青引 1 号虽在此类中但与其他材料相似度并不高。

第三大类可分为 2 组。第 1 组主要包括 4 份地理距离较近的裸粒型燕麦,3 份玉麦亲缘关系明显很近,与裸粒型黄燕麦存在大约 50% 的相似度。玉麦的子粒用于甜培原料,秸秆是良好的牲畜青饲料。第 2 组种质颖壳为灰白或红色,俗名也为黑燕麦,但比第一大类中黑燕麦色泽暗淡、子粒较小。

野生习性明显的材料组成第四大类,遗传组成明显不同于栽培品种。杂生在乐都县两个相距较远村落地块中的黑燕麦(1216、1219),在当地认为是地方品种,用于饲草。这些材料具有一定的休眠习性,出苗不整齐,但因其具有抵抗不良环境的基因,为丰富种质库的燕麦遗传多样性应加强保护和研究。

总之,同一来源县的同名种质并没有聚在一起,相互交叉较多,说明大部分材料都具有独特的遗传特性。因此,去除个别遗传相似程度高的材料后,可对其他材料进行编目和入库保存。

### 3 讨论

#### 3.1 遗传多样性鉴定与收集材料保护

通过表型和基因型鉴定,认为本次收集材料遗传多样性丰富。不但农家品种变异丰富,而且审定品种拓宽了当地的遗传基础,因为其遗传组成上与农家品种差异甚远。另外,当地混生于农田中的燕麦属杂草具有进一步改良栽培品种的潜力,例如早

熟、矮秆等。

青海燕麦种类齐全,在形态上和分子标记上表现出丰富的遗传多样性,应该加强对青海燕麦资源的保护。从本次收集的材料看,燕麦当地农家品种比其野生近缘植物保持了较高的遗传多样性水平,在当地的育种工作中应优先考虑选用农家品种。与野生近缘植物相比,燕麦农家品种具有子粒饱满、生长整齐、无脐口绒毛不落粒的优良特性。农家品种子粒外壳的颜色在栽培过程中进行了有目的的人工选择,使得灰、黑、褐、红等深色的燕麦与黄、白等浅色的在遗传组成上存在较大的差异;不过,外来燕麦物种的基因渗入也可能是农家品种形式多样的原因之一。农家品种中用于粮用的裸粒型燕麦玉麦在形态和遗传组成上非常接近,且与当地带壳型燕麦表现出密切的亲缘关系。因此,在青海收集的这批材料反映了丰富的民间利用知识、不同特色的农艺性状,具有重要的保存价值。

#### 3.2 遗传冗余性鉴定与重复材料鉴别

鉴定收集材料的遗传冗余性,即找出其中重复材料,可以从农民知识、形态指标和分子标记分析结果等多方面综合分析。具体说,首先,收集过程中可经过有经验的农民了解到采集品种的生育期、产量、耕作特点、俗名、来源等特征信息,将材料划分为相似度高的大类,然后经过分子标记分析的方法计算材料间的相似系数,进一步确定重复材料。同一村庄或农户保存着形态丰富的燕麦农家品种,不同村落间可能因农民交流材料而出现重复材料,通过分子标记与表型相结合的分析方法可以鉴定地理来源不同的燕麦种质资源的冗余性。

燕麦俗名等土著知识有助于启示材料的特性,但同一俗名的材料遗传组成相差甚远,在收集编目时最好备注说明或直接矫正。燕麦俗名中概念相对的词语反映出植株高低、植株颜色、子粒的颜色和栽培潜力等品种特征,如大燕麦与小燕麦,白燕麦与黑燕麦,黄燕麦。

形态指标方面,应注意株高、穗型、子粒大小与外稃颜色等的区别。尽管本研究的形态鉴定效果不太好,难以有效区分不同材料甚至同名材料中间的差异,但子粒大小和外稃颜色可以把收集材料分组,从中可能发现一些与同名种质的关联性。分子标记鉴定可对名称相同和形态相近的材料,通过分析遗传关系而进一步鉴定冗余性。本研究中部分同名材料之间,甚至异名材料之间均存在很高的相似度。例如,白燕麦(1083)和白燕麦(1093)分别来自平安县与湟

中县 遗传关系却非常接近; 燕麦(1225)与大燕麦(1226)虽异名, 外稃为灰白色条纹, 与黑燕麦相似; 上述可能为重复材料, 建议各选择1份保存。

本研究通过名称与来源分析、形态变异与相似性评价以及分子标记遗传多样性和冗余性鉴定, 能够有效确定新收集种质中的重复材料, 为这些燕麦材料的编目、入库提供了理论依据。考虑到燕麦基因组的复杂性, 采用的分子标记与燕麦形态特性之间关系缺乏了解, 可能会导致部分材料的遗传分析出现偏差, 如肚里黄(1222)为野生型而燕麦(1230)为栽培型, 二者生长习性不同, 但分子标记显示遗传关系最近(相似系数为0.84), 但本文认为它们不可能为重复材料。因此, 有必要对这两份材料做进一步的遗传关系分析。

#### 参考文献

- [1] 郑殿升, 方嘉禾. 高品质小杂粮作物品种及栽培(第二版)[M]. 北京: 中国农业出版社, 2009

(上接第15页)

形状和果形指数、中心糖和果肉颜色、种子千粒重和果肉颜色、果皮厚度和果皮硬度4对性状间相关性极显著。种子千粒重和中心糖、果实重量和果皮厚度、果实重量和果皮硬度、覆纹颜色和覆纹形状4对性状间存在一定的相关性。其研究结果对今后的西瓜常规育种选择、基因定位、绘制遗传连锁图等工作提供参考。

#### 参考文献

- [1] Zhang X P, Rhodes B B. RAPD molecular marker in watermelon [J]. Hortscience, 1993, 28(5): 22-28  
 [2] Lee S J, Shin J S, Park K W, et al. Detection of genetic diversity using RAPD-PCR and sugar analysis in watermelon (*C. lantanus*) germplasm [J]. Theor Appl Genet, 1996, 92: 719-725  
 [3] 李锡香, 朱德蔚, 杜永臣, 等. 黄瓜种质资源遗传多样性的RAPD鉴定与分类研究[J]. 植物遗传资源学报, 2004, 5(2): 147-152  
 [4] 夏军辉. 丝瓜种质资源遗传多样性研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2007  
 [5] 孙正海, 李跃建, 宋明, 等. 南瓜属三个种种质的遗传多样性[J]. 西南农业学报, 2004, 17(1): 71-73  
 [6] 徐志红, 徐永阳, 刘君璞. 甜瓜种质资源遗传多样性及亲缘关系研究[J]. 果树学报, 2008, 25(4): 552-558  
 [7] 张洪溢, 余延年, 王锐萍, 等. 番茄种质资源遗传多样性分析

- [2] 刘旭, 郑殿升, 董玉琛, 等. 中国禾谷类作物种质资源地理分布及其富集中心研究[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(1): 1-8  
 [3] 徐微, 张宗文, 吴斌, 等. 裸燕麦种质资源 AFLP 标记遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2009, 35: 2205-2212  
 [4] 相怀军, 张宗文, 吴斌. 利用 AFLP 标记分析皮燕麦种质资源遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2): 271-277  
 [5] 郑殿升, 王晓明, 张京. 燕麦种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006  
 [6] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting [J]. Nucl Acid Res, 1995, 23: 4407-4414  
 [7] Li C D, Rossmagel B G, Scoles G J. The development of oat micro-satellite markers and their use in identifying relationships among *Avena* species and oat cultivars [J]. Theor Appl Genet, 2000, 101: 1259-1268  
 [8] Pal N, Sandhu J S, Domier L, et al. Development and characterization of microsatellite and RFLP-Derived PCR markers in Oat [J]. Crop Sci, 2002: 912-918  
 [9] Hu G, Jackson E W, Bonman J M. Expansion of PCR-based marker resources in oat by surveying genome-derived SSR markers from barley and wheat [J]. Crop Sci, 2007, 47: 2004-2012  
 [10] Rohlf F J. NTSYS - pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.2 getting started guide [M]. New York: Exeter Publishing, 2006

- 与 RAPD 应用[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(2): 151-156  
 [8] 马双武, 王吉明, 邱江涛. 我国西瓜甜瓜种质资源收集保存现状及建议[J]. 中国西瓜甜瓜, 2003(5): 17-19  
 [9] 马双武, 王吉明, 韦小敏. 我国西瓜特异种质资源研究利用进展[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 484-487  
 [10] 范敏, 宫国义, 张瑞麟, 等. 美国资源库西瓜种质的初步观察与数量分类[J]. 中国西瓜甜瓜, 2004(4): 1-3  
 [11] 李艳梅, 段会军, 马峙英. 西瓜种质资源的遗传多样性及亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 华北农学报, 2007, 22(8): 177-180  
 [12] 张爱萍, 王斌武, 张岳莉, 等. 西瓜种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 中国农学通报, 2008, 24(4): 115-120  
 [13] 郭军, 许勇, 寿森严, 等. 西瓜种质资源遗传亲缘关系的 RAPD 分析[J]. 植物遗传资源科学, 2002, 3(1): 7-13  
 [14] 马双武, 刘君璞. 西瓜种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005  
 [15] 赵香娜, 李桂英, 刘洋, 等. 国内外甜高粱种质资源主要性状遗传多样性及相关性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(3): 302-307  
 [16] 田稼, 郑殿升. 中国作物遗传资源[M]. 北京: 中国农业出版社, 1994: 312-315  
 [17] 葛颂. 生物遗传多样性研究的原理及方法[M]. 北京: 科学出版社, 1994: 123-140  
 [18] 邱芳, 伏健民, 金德. 遗传多样性的分子检测[J]. 生物多样性, 1998, 2(6): 143-150  
 [19] 陈巍, 王力荣, 朱更瑞, 等. 基于 SSR 标记和生物学性状进行桃遗传多样性的比较分析[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(1): 86-90  
 [20] 高三基, 傅华英, 陈如凯, 等. 甘蔗品质指标的通径分析和因子分析[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(1): 81-84