

# 甘蔗野生种滇蔗茅利用研究

## Ⅲ. 滇蔗茅杂种 F<sub>1</sub> 群体的表型变异与遗传多样性分析

陆 鑫<sup>1</sup>, 刘新龙<sup>1</sup>, 毛 钧<sup>1</sup>, 刘洪博<sup>1</sup>, 苏火生<sup>1</sup>, 马 丽<sup>1</sup>, 蔡 青<sup>1,2,3</sup>

(<sup>1</sup> 云南省农业科学院甘蔗研究所/云南省甘蔗遗传改良重点实验室, 开远 661699;

<sup>2</sup> 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所, 昆明 650223; <sup>3</sup> 云南大学生命科学院, 昆明 650091)

**摘要:** 选用 8 个数量性状和 18 个质量性状对滇蔗茅杂种 F<sub>1</sub> 群体的表型变异、多样性及聚类关系进行分析。结果表明: 数量性状的遗传变异主要来自于有效茎、单茎重及糖分; 质量性状的叶鞘背毛群与内叶耳形状多样性丰富, 根点排列、芽位、茎形、节间性状、生长裂缝等 5 个性状均表现一致; 聚类分析表明 62 份后代材料可分为 4 大类群和 10 个亚类群。遗传多样性和聚类分析为杂交后代的筛选及其杂交或回交利用提供了科学依据。

**关键词:** 滇蔗茅; 种质创新; 表型变异; 遗传多样性

## Utilization of *Erianthus rockii*

### Ⅲ. Genetic Diversity Analysis of Phenotypic Traits in F<sub>1</sub> Population of *Saccharum officinarum* L. × *E. rockii*

LU Xin<sup>1</sup>, LIU Xin-long<sup>1</sup>, MAO Jun<sup>1</sup>, LIU Hong-bo<sup>1</sup>, SU Huo-sheng<sup>1</sup>, MA Li<sup>1</sup>, CAI Qing<sup>1,2,3</sup>

(<sup>1</sup> Sugarcane Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences/Yunnan Key Laboratory of Sugarcane Genetic Improvement, Kaiyuan 661699; <sup>2</sup> Biotechnology & Genetic Resources Institute, Yunnan Academy of Agriculture Sciences, Kunming 650223;

<sup>3</sup> School of life Sciences, Yunnan University, Kunming 650091)

**Abstract:** Based on 8 quantitative traits and 18 qualitative traits, the phenotypic variation, genetic diversity, and cluster relationships were investigated in a set of 62 populations of *Saccharum officinarum* and *Erianthus rockii*. The results showed that the phenotypic variations of quantitative traits were primarily from millable stalk, average stalk weight, and sucrose in cane. Furthermore, the genetic diversity were abundant in hair group 57 and shape of inner auricle, however, root primordial, bud placement, stalk shape, internode shape, and growth crack did not segregate. Moreover, the cluster analysis indicated these progenies could be divided into 4 groups and 10 subgroups. Genetic diversity and cluster analysis would be stronger support to the hybrid offspring selection and its crossing or back-crossing.

**Key words:** *Erianthus rockii*; innovation germplasm; phenotypic variation; genetic diversity

蔗茅属滇蔗茅(*Erianthus rockii* Keng)是甘蔗近缘属植物之一,具有耐旱、耐瘠、宿根性强、抗锈病等优良

特性<sup>[1-2]</sup>,其形态特征与甘蔗存在较大差异。优良甘蔗新品种在具备高产、高糖、适应性广和抗逆等主要特征

收稿日期:2012-11-07 修回日期:2012-12-01 网络出版日期:2013-06-07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130607.1738.005.html>

**基金项目:** 麻类、甘蔗、茶、桑种质资源发掘与创新利用(2013BAD01B03-15); 云南省应用基础研究计划重点项目(2006C0013Z); 云南省中青年学术技术带头人后备人才培养项目(2009CI059); 国家人事部留学人员科技活动优秀项目; 2012 年国家农业部农作物种质资源保护项目“甘蔗种质资源收集、编目、更新与利用”; 国家科技部科技基础条件平台-国家农作物种质资源平台项目“云南作物种质资源共享平台”; 国家现代农业产业技术体系甘蔗产业技术体系开远综合试验站(CARS-20-6-13); 云南省重点新产品开发计划项目(2010BB011)

第一作者研究方向为甘蔗种质资源创新与利用研究。E-mail: xinlu\_ky@126.com

通信作者: 蔡青, 研究员, 研究方向为从事甘蔗种质资源与分子生物学研究。E-mail: caiqingysri@163.com

特性的同时,还要兼具节间长度适中、无毛或毛群较少、脱叶性好、无空蒲心、无气根等性状。利用甘蔗野生种质一般需经3次左右的杂交或回交才能创制甘蔗新品种。如何从大量的甘蔗杂交后代中筛选优良材料进行杂交或回交是利用珍贵甘蔗野生资源、创制优良甘蔗新品种的重要课题。本研究选用形态学标记对滇蔗茅真杂种F<sub>1</sub>群体的多样性进行检测,旨在为了解滇蔗茅杂交后代表型性状的变异及多样性,为滇蔗茅后代的筛选及进一步改良利用提供依据。

# 1 材料与方法

## 1.1 供试材料与试验设计

热带种路打土为母本,与滇蔗茅云南95-19远缘杂交,产生的62份真杂种<sup>[3]</sup>为研究材料,田间试验采用随机区组排列,3行区,3个重复,行长4 m,行距1.2 m,下芽量为12万芽/hm<sup>2</sup>,其中路打土和云南95-19均由国家甘蔗种质资源圃提供。该试验在云南省农业科学院甘蔗研究所第一科研基地完成。

## 1.2 表型性状调查与数据分析

于甘蔗成熟期参照《甘蔗种质资源描述规范和数据标准》<sup>[4]</sup>对供试材料的株高、茎径、有效茎、单径重、节间长度、糖分、叶长、叶宽等8个数量性状,叶鞘背毛群、内叶耳形状、外叶耳形状、曝光前节间颜色、曝光后节间颜色、芽沟、芽形、芽位、木栓、蒲心、蜡粉带、气根、脱叶性、根点排列、茎形、节间形状、生长裂缝、生长带形状等18个质量性状进行调查及数据规范整理。数量性状质量化以1个标准差为间距分为6级。

表 1 F<sub>1</sub>群体及双亲8个数量性状的遗传变异

Table 1 Genetic variation of 8 quantitative traits for F<sub>1</sub> and parents

数量性状 Quantitative trait	亲本 Parents		F <sub>1</sub> 群体 F <sub>1</sub> population				
	母本 Female parent	父本 Male parent	最小值 Min.	最大值 Max.	均值 Mean	标准差 SD	变异系数(%) CV
株高(cm) Stalk length	205.40	104.20	174.20	295.80	234.70	27.80	11.9
茎径(cm) Stalk diameter	3.58	0.40	1.18	1.98	1.55	0.19	12.5
有效茎(条/hm <sup>2</sup> ) Millable stalk	61050.00	—	41668.00	316682.00	135804.00	58666.25	43.2
单茎重(kg) Average stalk weight	1.153	0.019	0.130	0.650	0.338	0.098	29.0
节间长度(cm) Internode length	10.90	14.19	10.30	22.80	14.90	2.40	16.1
糖分(%) Sucrose in cane	8.46	0.73	0.85	4.03	2.58	0.77	29.8
叶长(cm) Leaf length	122.30	40.61	43.90	110.80	84.10	14.40	17.1
叶宽(cm) Leaf width	5.38	3.39	2.30	6.50	4.30	0.82	19.1
平均值 Mean	—	—	—	—	—	—	22.3

数量性状的遗传基础复杂,受环境因子影响显著,不适于多样性研究,但可用于估算群体内数量性状的均度<sup>[5]</sup>,因此本研究采用SPSS 18.0对数量性状进行变异系数(CV)分析,描述F<sub>1</sub>群体8个数量性状的离散程度。质量性状的Shannon-Wiener多样性指数H'反映杂交后代群体的遗传多样性水平, $H^1 = - \sum P_i \ln P_i$ ,P<sub>i</sub>为某性状第i个代码值出现的频率<sup>[6]</sup>,并参照刘新龙等<sup>[7]</sup>的方法,将多样性指数大于1的定义为多样性丰富,在0.5~1之间的定义为多样性中等,0.5以下的为多样性偏低。使用NT-SYSpC 2.1计算各杂交后代材料之间的SM相似性系数(simple matching coefficient),并采用最长距离法<sup>[8-9]</sup>进行聚类分析。

# 2 结果与分析

## 2.1 杂交后代间的性状值离散性特征

用变异系数表示性状值离散性特征,变异系数越大则性状值离散程度越大<sup>[10]</sup>。滇蔗茅F<sub>1</sub>群体8个数量性状的变异系数见表1。从表1可以看出,8个数量性状的变异系数具有一定差异,平均变异系数为22.3%,变异幅度在11.9%~43.2%之间,变异系数由大到小依次为有效茎(43.2%)、糖分(29.8%)、单茎重(29.0%)、叶宽(19.1%)、叶长(17.1%)、节间长度(16.1%)、茎径(12.5%)、株高(11.9%),说明在该群体中数量性状的遗传变异主要来自于有效茎,其次为单茎重和糖分,株高与茎径较其他性状相对稳定。

变异系数是表示性状潜力的指标,变异系数大的性状,其杂交后代或其所属群体的基因型和表现型变异幅度也大,也较容易通过杂交和选择达到育种目的<sup>[11]</sup>。因此,变异系数大的性状,其选择潜力也大,在后代群体中应加大对变异系数值大的性状的选择压力。

### 2.2 遗传多样性评价

根据 18 个质量性状计算各杂交后代的 Shannon-Wiener 多样性指数,结果见表 2。由表 2 可以看出,群体内不同个体间存在一定的形态多样性,Shannon-Wiener 多样性指数平均值为 0.4035。叶鞘背毛群和内叶耳形状的多样性指数均大于 1,表现出较丰富的多态性,其中多样性指数最大的是叶鞘背毛群,为 1.2223,内叶耳形状次之;曝光前节间颜色和 外叶耳形状的多样性处于中等水平,其多样性指数分别为 0.8807 和 0.8102;气根、芽沟、曝光后节间颜色、生长带形状、木栓、蒲心、蜡粉带、脱叶性、芽形等 9 个性状的多样性偏低,多样性指数介于 0.0826~0.4911;根点排列、芽位、茎形、节间形状、生长裂缝等 5 个性状在 F<sub>1</sub> 群体中均表现一致,未出现分化,其多样性指数均为 0,这 5 个性状在该群体中分别表现为根点不规则排列、上芽位、直立茎形、圆筒形节间、无生长裂痕。

表 2 F<sub>1</sub> 群体质量性状的 Shannon-Wiener 多样性指数  
Table 2 Shannon-Wiener index of qualitative trait for F<sub>1</sub>

质量性状 Qualitative trait	Shannon-Wiener 指数 Shannon-Wiener index
叶鞘背毛群 Hair group	1.2223
内叶耳形状 Shape of inner auricle	1.0936
曝光前节间颜色 Internode colour unexposed	0.8807
外叶耳形状 Shape of outer auricle	0.8102
气根 Aerial root	0.5533
芽沟 Bud furrow	0.4911
曝光后节间颜色 Internode colour exposed	0.4201
生长带形状 Growth ring shape	0.4142
木栓 Corky patch	0.4142
蒲心 Pith	0.3988
蜡粉带 Wax band	0.3988
脱叶性 Sheath detached from culm	0.0826
芽形 Bud shape	0.0826
根点排列 Root primordia	0
芽位 Bud placement	0
茎形 Stalk shape	0
节间形状 Internode shape	0
生长裂缝 Growth crack	0
平均值 Mean	0.4035

### 2.3 F<sub>1</sub> 群体表型遗传距离与聚类分析

以 26 个表型性状为指标计算各材料之间的 SM 遗传相似性系数,结果表明,62 份杂交后代之间遗传相似性系数分布在 0.346~0.885 之间,平均为 0.645,杂交后代之间相似性较高。其中云野 09-649 与云野 09-657,云野 09-626 与云野 09-642 的相似性系数最大,为 0.885;云野 09-616 与云野 09-662 之间的相似性系数最低,为 0.346。在遗传相似性系数的基础上,运用最长距离法进行聚类分析,结果见图 1。

从图 1 可以看出,当遗传相似性系数为 0.438 时,可将 62 份杂交后代划分为 4 个大类群。第 I 大类群由云野 09-601 等 23 份后代材料组成,第 I 大类群与第 II 大类群相似性较高,遗传距离较近;在相似性系数为 0.531 处,可将第 I 大类群细分为 a、b、c、d 4 个亚类,其中 a 亚类由云野 09-611 等 7 份材料构成,该亚类主要特征为叶片自动脱落、内叶耳镰刀形、外叶耳三角形、其平均有效茎数最少,仅为 96301 条/hm<sup>2</sup>;b 亚类由云野 09-602 等 8 份材料组成,主要特征为蒲心重、脱叶性松,平均叶片宽度最大,为 5.5cm;c 亚类由云野 09-612 等 6 份材料构成,主要表现为蒲心重、节间曝光后呈黄绿色、三角形内叶耳、芽沟深,其平均有效茎最多,为 206955 条/hm<sup>2</sup>;d 亚类仅包含云野 09-637 和云野 09-648 2 份材料,这 2 份材料均表现为生长带突出、节间曝光前呈黄绿色、无叶鞘背毛群、条纹型木栓,平均节间长度、糖分及茎径在所有类群中最大,分别为 18.7 cm、3.13%、1.75 cm。

第 II 大类群由云野 09-603 等 12 份材料组成,相似性最高的 2 组材料,即云野 09-649 与云野 09-657、云野 09-626 与云野 09-642 均分布于该类群中。在相似性系数为 0.600 处,可将该类群细分为 2 个亚类,其中 e 亚类由云野 09-635 等 8 份材料组成,主要特征为无气根、芽形三角形、外叶耳退化,平均有效茎数偏少、节间长度偏短;f 亚类由云野 09-632 等 4 份材料组成,主要特征为无气根、蒲心重、无叶鞘背毛群、节间曝光后呈黄绿色、芽形三角形,平均株高在所有类群中最大,为 356.9 cm。

第 III 大类群由云野 09-604 等 21 份材料构成,在相似性系数为 0.484 处,可将该类群分为 2 个亚类,其中 g 亚类由云野 09-608 等 14 份材料组成,主要特征为生长带突出、曝光前节间颜色包含黄、黄绿、红 3 种颜色、外叶耳退化,有效茎数偏少;h 亚类由云野 09-605 等 7 份材料组成,主要特征为脱叶性

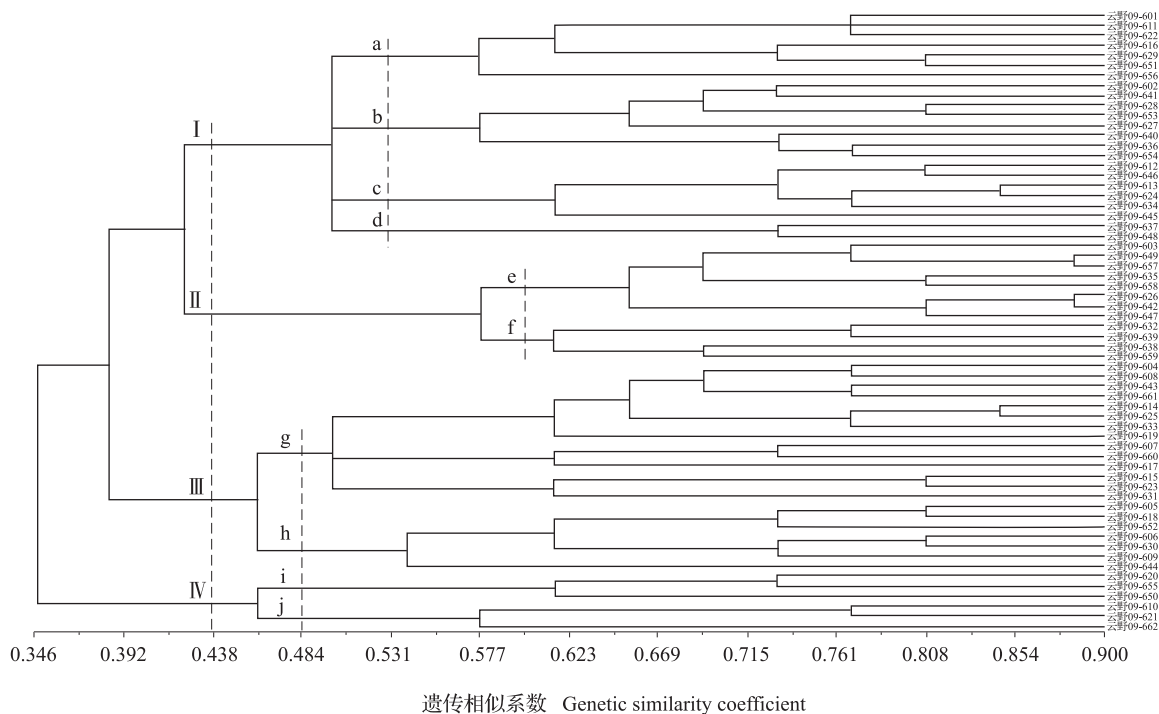


图1 基于表型性状的聚类图  
Fig.1 Dendrogram analysis based on phenotypic traits

松、曝光后节间颜色呈黄绿色、芽形三角形、内外叶耳均退化、蜡粉带薄,平均单茎重、节间长度、株高、茎径、叶长、叶宽均为最小值。

第IV大类群由云野 09-620 等 6 份材料组成,与其他 3 个大类群较早分开,在相似性系数为 0.484 处,可将该类群分化 i、j 2 个亚类,每个亚类各由 3 份材料构成,其中 i 亚类主要特征为无气根、蒲心重、芽沟深、脱叶性松,平均单茎重最大,为 0.500 kg,平均糖分最低,为 2.22%;j 亚类主要特征为蒲心重、生长带突出、脱叶性松、平均叶片长度最大,为 104.1 cm。

3 讨论

遗传多样性是种内个体之间或一个群体内不同个体的遗传变异的总和。通过遗传标记可以明确杂交后代的遗传与变异规律。目前用于反映遗传多态性的遗传标记主要包括形态标记、细胞学标记、生化标记和 DNA 分子标记。与其他标记方法相比,形态标记具有明显的简单直观优势<sup>[12]</sup>。该方法在甘蔗<sup>[7,13]</sup>、水稻<sup>[14]</sup>、花生<sup>[15]</sup>、慈姑<sup>[16]</sup>等作物的遗传多样性研究上已得到广泛应用。

由于甘蔗的高度杂合,其杂交后代性状的分离往往表现出丰富的多态性和复杂性。本研究对杂交后代群体的表型特征和遗传关系进行评价,旨在更

好地了解甘蔗与滇蔗茅远缘杂交后代表型性状的变异及多态性,为滇蔗茅后代材料的筛选及其后续的杂交或回交利用提供依据。

滇蔗茅是甘蔗近缘属种之一,其农艺性状与甘蔗属热带种相比,具有植株矮小、茎细、低糖、蒲心严重甚至空心、侧芽易萌发等劣性;除具备耐旱、耐瘠、抗锈病、宿根性强等优良特性外,其有效茎多、节间长也是甘蔗杂交育种欲发掘利用的优良性状。株高、茎径、有效茎、单茎重、糖分是甘蔗主要的经济性状指标,与甘蔗蔗糖产量紧密相关。在本研究中,后代材料数量性状的变异主要来自于有效茎、单茎重及糖分,因此,在后代筛选过程中应着重从有效茎、单茎重及糖分入手,加大选择压力,使甄选更为合理有效。在双亲与后代群体中,根点排列、茎形、节间形状、生长裂缝均分别表现为不规则排列、直立、圆筒形和无生长裂缝,杂交后代与双亲均保持一致,未出现变异,表明这 4 个性状能够得到稳定遗传;在芽位上,父本表现为平芽位,而杂交后代与母本均表现为上芽位,表明芽位主要受母本影响。尽管目前尚无研究表明甘蔗叶鞘背毛群与其产量、品质有必然的关联,但在我国现阶段甘蔗育种中该性状常被作为一个重要的选育指标,育成品种若具有大量的叶鞘背毛群,其在推广应用上必然受较大的制约。在叶鞘背毛群上,父本表现为无,母本表现为较多,62



份杂交后代在无、少、多、较多这 4 个等级上均具有分布,其 Shannon-Wiener 多样性指数最高,在质量性状中选择余地也最大。从整个后代群体 8 个数量性状的平均值来看,茎径、单茎重、叶长、叶宽、糖分的平均表型值介于双亲之间,而株高和节间长度的平均表型值均超过双亲,有效茎的平均表型值也超过母本,表明株高、节间长度、有效茎得到了明显改良。同时,父本的一些不良特性,如空蒲心、侧芽萌发、低糖等,在后代群体均有不同程度的表现,这些性状均是今后改良的重点。

从聚类结果看,c 亚类平均有效茎最多,d 亚类平均节间长度、糖分及茎径最大,i 亚类的平均单茎重最大,这 3 个亚类的材料均具备高产的潜力,应作为筛选的重点对象。此外,在回交亲本选择上,应遵循“高贵化”育种方法,选用热带种作为轮回亲本,使热带种血缘不断累加,便于产量和糖分的迅速恢复。

参考文献

[1] 李文凤,蔡青,黄应昆,等. 甘蔗野生资源对蔗茅柄锈菌的抗性鉴定[J]. 植物保护,2005,31(2):51-53

[2] 刘新龙,蔡青,毕艳,等. 中国滇蔗茅种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 作物学报,2009,35(2):262-269

[3] 陆鑫,毛钧,刘洪博,等. 甘蔗野生种滇蔗茅种质创新利用研究 I. 甘蔗与滇蔗茅远缘杂交 F<sub>1</sub> 群体构建与 SSR 分子标记鉴定[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(2):321-324

[4] 蔡青,范源洪. 甘蔗种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006:7-40

[5] 李自超,张洪亮,孙传清,等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J]. 中国农业大学学报,1999,4(5):51-62

[6] 张海平,方伟民,陈发棣,等. 部分睡莲属植物形态性状的多样性分析[J]. 南京农业大学学报,2009,32(4):47-52

[7] 刘新龙,马丽,蔡青,等. 云南甘蔗品种表型形状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(6):703-708

[8] 耿健,刘立峰,崔顺立,等. 冀鲁豫花生育成品种的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(2):201-206

[9] 陈河龙,郭朝铭,刘巧莲,等. 龙舌兰麻种质资源抗斑纹病鉴定研究[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(4):546-550

[10] 李斌,顾万春,卢宝明. 白皮松天然群体种实性状表型多样性研究[J]. 生物多样性,2002,10(2):181-188

[11] 张永,梁镇林. 间作条件下大豆主要经济性状遗传力和遗传进度的研究[J]. 贵州农业科学,1992(1):6-9

[12] 陈东明. 遗传标记及其在园艺植物研究中的应用[J]. 农业生物技术科学,2005,21(7):66-69

[13] 刘新龙,蔡青,吴才文,等. 甘蔗品种资源的表型遗传多样性[J]. 生物多样性,2010,18(1):37-43

[14] 杨树明,罗曦,曾亚文,等. 云南稻核心种质及其杂种后代形态性状的遗传多样性[J]. 湖南农业大学学报:自然科学版,2009,35(4):339-343

[15] 康红梅,李保云,孙毅. 花生表型及 SSR 遗传多样性的研究[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(1):66-71,76

[16] 李峰,李双梅,黄新芳,等. 慈姑种质资源表型性状多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(3):473-477

[7] 邹自征,陈建华,栾明宝,等. 应用 RSAP,SRAP 和 SSR 分析苎麻种质亲缘关系[J]. 作物学报,2012,38(5):840-847

[8] 欧阳钟鸣,赵静,彭正松,等. 中国半夏属植物亲缘关系的 SRAP 分析[J]. 植物科学学报,2011,30(2):116-121

[9] 黄洁,甘学德,苏明,等. 紫、红黄肉甘薯种质遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(4):646-650

[10] 赵冬兰,郑立涛,唐君,等. 甘薯种质资源遗传稳定性及遗传多样性 SSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(3):389-395

[11] 王大一,吴洁,谭文芳,等. 四川省高淀粉甘薯品种资源亲缘关系 SRAP 分析[J]. 西南农业学报,2007,20(3):506-509

[12] 李爱贤,刘庆昌,王庆美,等. 利用 SRAP 标记构建甘薯分子连锁图谱[J]. 作物学报,2010,36(8):1286-1295

[13] 久木村久. 无性繁殖作物及木本植物的突变育种,李德福,译[J]. 原子能农业译丛,1980(3):5-9

[14] Kukimura H. Mutation breeding in root and tuber crops-a review[J]. Gamma Field Symposia,1986,25:109-130

[15] 陆漱韵,武崇光,李惟基,等. 辐照甘薯切苗选育新品系[J]. 核农学报,1992,6(3):134-138

[16] 江苏省农业科学院,山东省农业科学院. 中国甘薯栽培学[M]. 上海:上海科学技术出版社,1984

[17] 张允刚,房伯平. 甘薯种植资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006

[18] 程永强. 西瓜种质 SRAP 分析及离体诱变突变体的分子检测[D]. 保定:河北农业大学,2009

[19] Schaal B A, Leverich W J, Rogstad S H. Comparison of methods

for assessing genetic variation in plant conservation biology[M]// Falk D A, Holsinger K E. Genetics and conservation of rare plants. New York:Oxford University Press,1991:123-134

[20] Bushakra J M, Hodges S A, Cooper J B, et al. The extent of clonality and genetic diversity in the Santa Cruz Island ironwood *Lyonothamnus floribundus* [J]. Mol Ecol,1999,8:471-475

[21] Esselman E J, Li J Q, Crawford D J, et al. Clonal diversity in the rare *Calamagrostis porteri* ssp. *Insuperata* (Poaceae): comparative results for allozymes and random amplified polymorphic DNA (RAPD) and inter simple sequence repeat (ISSR) markers[J]. Mol Ecol,1999,8:443-451

[22] Li G, Gao M, Yang B, et al. Gene for gene alignment between the *Brassica* and *Arabidopsis* genomes by direct transcription mapping[J]. Theor Appl Genet,2003,107(1):168-180

[23] Riaz A, Li G, Quresh Z, et al. Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* inbred lines based on sequence-relate amplified polymorphism and its relation to hybrid performance[J]. Plant Breeding, 2011,120(5):411-415

[24] Ferriolm M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of cucurbita pepo using SRAP and AFLP markers[J]. Theor Appl Genet,2003,107(2):271-282

[25] 朱崇文,马代夫,李秀英,等. 甘薯育种亲本筛选程序的建立[J]. 作物杂志,1992(2):30-32

[26] 王淑芳,何中秋,陈申巧,等. 甘薯优良亲本组合、筛选初报[J]. 中国甘薯,1990(4):29-32

[27] 贺学勤,刘庆昌,王玉萍,等. 中国甘薯地方品种的遗传多样性分析[J]. 中国农业科学,2005,38(2):250-257

(上接第 732 页)

[7] 邹自征,陈建华,栾明宝,等. 应用 RSAP,SRAP 和 SSR 分析苎麻种质亲缘关系[J]. 作物学报,2012,38(5):840-847

[8] 欧阳钟鸣,赵静,彭正松,等. 中国半夏属植物亲缘关系的 SRAP 分析[J]. 植物科学学报,2011,30(2):116-121

[9] 黄洁,甘学德,苏明,等. 紫、红黄肉甘薯种质遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(4):646-650

[10] 赵冬兰,郑立涛,唐君,等. 甘薯种质资源遗传稳定性及遗传多样性 SSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(3):389-395

[11] 王大一,吴洁,谭文芳,等. 四川省高淀粉甘薯品种资源亲缘关系 SRAP 分析[J]. 西南农业学报,2007,20(3):506-509

[12] 李爱贤,刘庆昌,王庆美,等. 利用 SRAP 标记构建甘薯分子连锁图谱[J]. 作物学报,2010,36(8):1286-1295

[13] 久木村久. 无性繁殖作物及木本植物的突变育种,李德福,译[J]. 原子能农业译丛,1980(3):5-9

[14] Kukimura H. Mutation breeding in root and tuber crops-a review[J]. Gamma Field Symposia,1986,25:109-130

[15] 陆漱韵,武崇光,李惟基,等. 辐照甘薯切苗选育新品系[J]. 核农学报,1992,6(3):134-138

[16] 江苏省农业科学院,山东省农业科学院. 中国甘薯栽培学[M]. 上海:上海科学技术出版社,1984

[17] 张允刚,房伯平. 甘薯种植资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006

[18] 程永强. 西瓜种质 SRAP 分析及离体诱变突变体的分子检测[D]. 保定:河北农业大学,2009

[19] Schaal B A, Leverich W J, Rogstad S H. Comparison of methods