

抗 PVY 烟草种质的遗传多样性分析

丛鑫, 刘艳华, 戴培刚, 王志德, 张兴伟, 任民, 程立锐, 姚志敏

(中国农业科学院烟草研究所/烟草行业烟草基因资源利用重点实验室, 青岛 266101)

摘要: 利用 SSR 标记对 78 份抗 PVY 烟草种质进行遗传多样性分析, 根据类型将 78 份材料分为烤烟、晒晾烟和黄花烟 3 个群体。结果表明: (1) 从 960 对引物组合中筛选出 45 对扩增带型清晰、重复性和多态性好的引物用于 78 份烟草种质资源遗传多样性研究, 共检测到 108 个位点, 其中 96 个位点具有多态性, 多态性比例为 88.89%。遗传多样性指数 (Nei's) 为 0.3766, Shannon's 指数为 0.5821, 种质间遗传相似系数变异范围在 0.0454 ~ 0.9973 之间, 说明我国抗 PVY 烟草种质资源存在着丰富的遗传变异。(2) 3 个群体内遗传差异由大到小分别为: 晒晾烟 > 黄花烟 > 烤烟。3 个群体间遗传距离比较分析, 晒晾烟与烤烟的遗传相似度达到 0.9840。(3) 聚类分析可将 78 份种质材料划分为黄花烟草和普通烟草 2 大类群, 烤烟、晒晾烟之间没有明确的界线。聚类分析结果也表明, 黄花烟与其他群体的遗传距离较远。

关键词: 烟草; 抗 PVY; SSR; 多样性分析

Genetic Diversity Analysis of Tobacco Germplasm Resistance to PVY

CONG Xin, LIU Yan-hua, DAI Pei-gang, WANG Zhi-de,

ZHANG Xing-wei, REN Min, CHENG Li-rui, YAO Zhi-min

(Key Laboratory for Tobacco Gene Resource, Tobacco Research Institute,
Chinese Academy of Agricultural Sciences, Qingdao 266101)

Abstract: Genetic variation within 78 tobacco germplasms resistance to PVY, including three populations of flue-cured, sun-cured, and *N. rustica* L. were investigated using SSR marker. The results were as followed that totally 108 loci were produced with 96 polymorphic loci (88.89%) using 45 different primer combinations selected from 960 primers combinations. A high level of genetic differentiation among populations was detected based on Nei's genetic diversity analysis (0.3766), Shannon's information index analysis (0.5821), and the genetic similarity coefficient variation range (0.0454 – 0.9973). The genetic differentiation was different within the three populations: sun-cured > *N. rustica* L. > flue-cured. Compared the genetic distances among three groups, the similarity of sun-cured and flue-cured tobacco was 0.9840. The cluster analysis indicated 78 tobacco germplasms were divided into *N. rustica* L. and *N. tabacum* L. groups. There was not a clear boundary line between sun-cured and flue-cured. The genetic distance was far between *N. rustica* L. population and the other *N. tabacum* L. populations.

Key words: tobacco; resistance to PVY; SSR; genetic diversity analysis

马铃薯 Y 病毒 (PVY, potato virus Y) 是马铃薯 Y 病毒科马铃薯 Y 病毒属的重要成员, 1931 年在马铃薯中首次被发现^[1]。1953 年起在欧洲马铃薯种植区广泛流行, 20 世纪 90 年代初在亚

洲开始呈现上升趋势。PVY 病毒在自然条件下以蚜虫非持久性传播为主, 也可通过汁液摩擦、嫁接等方式传播^[2]。侵染烟草后可引起脉坏死、褐脉病、黄斑坏死等症状, 是目前我国烟草生产

收稿日期: 2013-07-15 修回日期: 2013-09-26 网络出版日期: 2014-03-12

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/10.13430/j.cnki.jpgr.20140312.001.html>

基金项目: 国家烟草专卖局专项“中国烟草种质资源平台建设”项目 (国烟办综 [2005] 501 号); 四川优质晒黄烟开发与利用研究 (川烟科 [2012] 6 号)

第一作者研究方向为作物种质资源鉴定与创新。E-mail: congxin0810@163.com

通信作者: 戴培刚, 研究方向为作物遗传育种。E-mail: daipeigang@caas.cn

中普遍发生的重要病毒病之一,引起的产量损失高达 25% ~ 45%^[3]。在烟草生产上,主要有以下防治方法:(1)利用药剂防治,通过消灭传播介体的方法防治 PVY^[4],该方法不仅容易对生态环境造成污染,防治效果也不理想;(2)天敌防治,该方法容易受当地气候和短时间天气的影响^[5];(3)生物防治,较有效、持久,但产生效果时间太长^[6]。因此选育抗 PVY 烟草品种不仅可以减少环境污染,而且可以节省资源,是抗 PVY 病毒防治中最经济有效的途径之一。

目前,在烟草生产上所用的抗 PVY 品种,主要来源于 Viagin A Mutant(VAM)和 Enshu^[7]。国内育成的烤烟品种中烟 101、吉烟 9 号、秦烟 97 等对马铃薯 Y 病毒仅达中等抗性水平,因此选择高抗亲本,扩大抗 PVY 亲本群体的遗传多样性是实现烟草抗 PVY 育种的基础。本研究的目的是通过对抗 PVY 烟草种质的分析,从分子水平上阐明抗 PVY 烟草的遗传多样性,为烟草抗 PVY 育种亲本选配和抗源积累提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为国家烟草中期库中 78 份抗 PVY 烟草种质资源(表 1),所有材料在 2005 - 2012 年期间经过多次重复鉴定,并于 2012 - 2013 年种植在中国农业科学院烟草所(青岛)温室,进行摩擦接种鉴定。试验中用 P1、P11、P41(烤烟),P8、P16、P47(晒晾烟),P61、P71、P77(黄花烟),这 9 个烟草材料筛选出 45 对多态性较好的引物。

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取与检测 烟草长至 3 叶期后取其嫩叶为材料,采用 CTAB 多株混合法^[8]提取总 DNA,用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 样品完

整性。

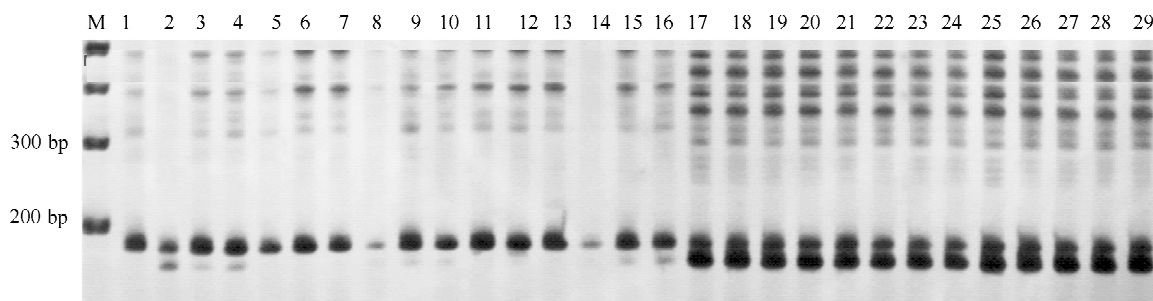
1.2.2 SSR 分子标记 试验所用引物来源于 2011 年 G. Bindler 等^[9]发表的应用于烟草 SSR 研究的 2317 对引物中随机选取的均匀分布在 24 条连锁群上的 960 对引物,由上海生物工程技术服务有限公司合成。扩增反应在 ABI · PCR 扩增仪上进行,采用 10 μ L 体系^[10],其中含模板 DNA 1 μ L,2 \times Dream Taq Green PCR Master Mix(购自 Fermentas 公司)5 μ L,引物浓度为 0.5 μ mol/L。扩增程序为:94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94 $^{\circ}$ C 变性 15 s,55 $^{\circ}$ C 退火 15 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s,共 35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 7 min;4 $^{\circ}$ C 保存。PCR 反应结束后,取 2.5 μ L PCR 产物采用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳 1.5 h,用改进的 NaOH 银染法进行染色显影。

1.2.3 DNA 检测图 将电泳图谱清晰且可重复的条带赋值为 1,同一位置上弱带且不重复或未出现带的赋值为 0,形成 1、0 数据矩阵。根据 M. Nei^[11]和 C. Shannon 等^[12]的方法,以 PopGene 32^[13]软件在假定哈丁温伯格平衡条件下计算出遗传多样性和 Shannon's 指数的估计值,并计算群体内遗传差异和群体间相似系数。用 NTSYS 2.10 软件^[14]进行非加权类平均法(UPGMA,unweighted pair group method with arithmetic mean)聚类分析。

2 结果与分析

2.1 SSR 引物的多态性分析

从 78 份种质中选取黄花烟 3 份、晒晾烟 3 份、烤烟 3 份,共 9 份进行引物筛选,从 960 对引物中筛选出 45 对条带清晰、多态性好的引物。利用这 45 对 SSR 引物对 78 份抗 PVY 的种质材料进行多态性扩增,图 1,表 2 共检测到 108 个位点,其中 96 个为多态性位点,多态性比率为 88.89%。可以看出,多态性比例较高。



M:Marker;1~29:表 1 中的 P1~P29 材料 M:Marker,1-29:P1-P29 materials in table 1

图 1 引物 PT55260 对抗 PVY 材料的部分扩增结果

Fig.1 The amplified result of tobacco resource resistant to PVY by primer PT55260

表 1 78 份抗 PVY 烟草种质资源的编号、名称和类型

Table 1 The number ,name and type of 78 tobacco germplasms resistance to PVY

编号 Number	种质名称 Name	类型 Type	编号 Number	种质名称 Name	类型 Type	编号 Number	种质名称 Name	类型 Type
P1	小尖梢	烤烟	P27	大叶婆	晒晾烟	P53	白济讯-2	晒晾烟
P2	乔庄多叶	烤烟	P28	棉城烟	晒晾烟	P54	TN 86	晒晾烟
P3	圆叶烟	烤烟	P29	大柳叶节骨稀-2	晒晾烟	P55	NC1108	烤烟
P4	安选四号	烤烟	P30	大柳叶节骨密	晒晾烟	P56	牡晒 89-24-2	晒晾烟
P5	革新三号	烤烟	P31	莲花烟-4	晒晾烟	P57	晒 9118	晒晾烟
P6	运城晒晾烟	晒晾烟	P32	金斗烟	晒晾烟	P58	浑源小兰花	黄花烟
P7	朝刀	晒晾烟	P33	铜仁大黄匹	晒晾烟	P59	阳高小兰花	黄花烟
P8	细叶疏节烟	晒晾烟	P34	转枝莲	晒晾烟	P60	临猗小叶烟	黄花烟
P9	督叶尖干种	晒晾烟	P35	赤水烟	晒晾烟	P61	蛤蟆烟 1452	黄花烟
P10	Africa	烤烟	P36	杜晒 80-98-3	晒晾烟	P62	蛤蟆烟 1488	黄花烟
P11	Purely Pryor	烤烟	P37	晋太 33-3	烤烟	P63	蛤蟆烟 1496	黄花烟
P12	Speight G-28	烤烟	P38	H211	晒晾烟	P64	蛤蟆烟 1482	黄花烟
P13	Vesta 33	烤烟	P39	W. B(68)	晒晾烟	P65	蛤蟆烟 1504	黄花烟
P14	Ky 57	晒晾烟	P40	Xanthi-ne	晒晾烟	P66	牛耳烟	黄花烟
P15	N. Rustica(2)	黄花烟	P41	中烟 90	烤烟	P67	临县小叶烟	黄花烟
P16	N. tomentosiformis	晒晾烟	P42	B22	烤烟	P68	代县小兰花	黄花烟
P17	湄潭铁杆烟	烤烟	P43	湄潭小黑烟	晒晾烟	P69	定襄小叶烟	黄花烟
P18	龙烟一号	烤烟	P44	公会晒晾烟	晒晾烟	P70	四川马合	黄花烟
P19	牡单 82-5-1	烤烟	P45	方山晒晾烟	晒晾烟	P71	大叶兰花烟	黄花烟
P20	78-3013	烤烟	P46	寸三皮	晒晾烟	P72	小叶兰花烟	黄花烟
P21	永定一号	烤烟	P47	罗甸马耳烟	晒晾烟	P73	小旱烟	黄花烟
P22	高粱叶	晒晾烟	P48	勐伴晒晾烟	晒晾烟	P74	岢岚小兰花	黄花烟
P23	宿松杀猪刀	晒晾烟	P49	祥云土烟-1	晒晾烟	P75	陕县兰花烟	黄花烟
P24	石佛山晒晾烟	晒晾烟	P50	大柳叶土烟	晒晾烟	P76	五台小兰花	黄花烟
P25	龙岩晒晾烟	晒晾烟	P51	坝林晒晾烟	晒晾烟	P77	灵宝莫合烟	黄花烟
P26	清塘牛利	晒晾烟	P52	广杂 87 号	晒晾烟	P78	建平大兰花烟	黄花烟

2.2 群体内遗传多样性分析

根据烟草类型将 78 份种质材料分为烤烟、黄花烟和晒晾烟 3 大类。类群内遗传多样性分析(表 3)表明:晒晾烟种质的遗传多样性指数是 0.1990,其遗传多样性指数最高,其次是黄花烟为 0.1395,烤烟种质最小,为 0.0850。这说明晒晾烟的遗传变异比较丰富,与前人研究^[15]相吻合。

2.3 群体间遗传相似性分析

利用 PopGene 32 软件对 3 个群体的遗传一致度和遗传距离进行计算(表 4)。结果表明,群

体间烤烟和晒晾烟的遗传距离为 0.0161,遗传一致度为 0.9840,距离最近,相似性最高;烤烟和黄花烟的遗传距离为 1.4105,遗传一致度为 0.2240,距离最远,相似度最低。说明烤烟和晒晾烟的亲缘关系最近,烤烟和黄花烟的亲缘关系最远。这与烤烟来源于晒晾烟,烤烟与黄花烟分属 2 个种相符合。

2.4 整体遗传多样性分析

2.4.1 遗传相似系数 用 PopGene 32 软件计算出 78 个抗 PVY 种质材料间遗传相似系数范围是

表 2 45 对引物的名称、连锁群、引物序列、多态性位点数

Table 2 45 pairs of primers name, linkage group, primer sequence, and polymorphic loci

引物名称 Primer name	连锁群 Linkage group	正向引物序列(5'-3') Forward sequence(5'-3')	反向引物序列(5'-3') Reverse sequence(5'-3')	多态性位点数 Polymorphic loci
PT50778	1	AAAGGTCAATCTGTGCACCC	CCCAGTAATCTCGGAAAGAATG	4
PT50467	1	CACACAGAAGACTGCAAGCTG	GCTGCTCAGAAGTACACCA	3
PT52305	1	GCTGCAATTCCTCTTTCCAC	AGAAGACCTGTGGCCTGAAA	1
PT55260	1	GAGCAGTTCAGTGAGGGTGG	CAAGAATGAATGTCATTGCGA	4
PT51779	2	AACCCACTTGGCCCTAGTCT	TGTTGTACCAGATTGGTTTCTACC	2
PT60524	3	TGGGTAACATGCAACTGACTTC	TTGGATAAACGCTGTCCCAT	1
PT61285	3	CAAGGCCCTTCATCATCATCC	GATTGGACCAACTGAAACCG	1
PT61474	4	AAATGTGGCCGATATTCTG	AGCATTGCTGTTGGTCTTCC	2
PT50762	4	AACTTGTGCGGAATTGCTTT	AAGGGTCTCTCTCTCTGCC	2
PT60522	4	CATACACCACCCTCAAACCC	TGGCCCATCGGTTTAGAATA	2
PT60695	5	GGCGATTACAAATCGTAACA	TGTCGGGTACAAACTTGATGA	2
PT61097	5	TCCACGCTAGGACACCCTAT	TGGATGACTTGATGCCAGAC	2
PT61187	5	GCTCAGTCTGTGAAGAAACAGAA	AGGGAATCCTTGGTTGGTTT	4
PT50840	6	TGTGTGAGGAGTTGGCGTTA	GCCATGTTTCTCGAACCAAA	2
PT50885	6	CGGTGCGATCGTCTGAAA	TGCAAAGGACCAACTGTGAG	2
PT52476	6	CCTCACCTGTCGTCTCACT	GAACCTAACGAACGGACGAGC	1
PT50841	7	GATCTGCTGTGGCAAGTTCA	TGCTCAATAATCATCTCTCACAAA	2
PT52176	9	TTGCATAAGAGTACCCATCTCG	TGTGTGTGTGAAGCTTGAAGAA	2
PT61021	11	TCAAACACGAACTAATAAGGAAACA	CAACCTCATAGAGGACCAGG	1
PT54873	11	CGGCCACTCTTCTCTTTAC	CGAACACCCAGAAATTGGAG	3
PT51166	12	GGATTGCGATGCTTGAATA	GAAGACCGACCGTTGAAGAG	4
PT53226	12	GTTTCACTGGCTCGGATTTT	ATTATCCGCTCAATGGCAA	4
PT53247	12	GTTACGCCACATATCCTCGG	CGTGACGTTTGAATTAGGAAT	2
PT52413	12	AAGGATTTTGAAATGGCGA	CAACACCCACCCAAGCAAT	2
PT61434	12	GTTGGCAGCACATGGAGTTT	GTGGCATAACCCAGCATACC	3
PT60677	12	CAAACCATCCTTTCCACAC	GCCAAGATTCAAGAACCACC	2
PT61010	12	TCAATTCCCTTCTGCCTTTG	GGAAGTGTGGGAATTAGTAGAGC	3
PT52708	13	GTGACACCGCTTCGTCAAAT	GGTATAATGAATCGTGCTCAGAAA	3
PT60108	13	CCTTATTCATGGCATATCAAACA	AGCGTTCTGATCGAAGGACA	2
PT61362	15	TTCAACAATGTGCAAGTCCC	CAGCTTTGTTGGCATTTGAG	3
PT52856	16	AAGCATGTGAAAGTCTCTCGAA	ATACACAGAGCTCGAACCCG	2
PT53405	16	TCACTCTCATTTCTCCTTAAATTGTG	AACCTTCAGACCCAAATGGA	2
PT54818	16	TTTGAAATCGGCTATTTGTGC	TGGCCAGGGAACCAATTTAT	2
PT53113	18	TTCGATGCAGCACTTGTAGC	TCCATTGTATCCATTTCTCCC	2
PT52479	18	GGAAATTCTCTTTAAGAACCCTG	AACACTGCACATAAAGGGTGAA	2
PT61605	19	GCTCCCTTCTCATTGCTTG	GCCAGTTGAAGTTTGTCTCCTC	2
PT50500	19	ATCGGCTTCATAAGGCAAGA	ACCTTTGCAAGGAGGTTTCA	4
PT60404	19	TGTGGATGTCATGGGTCTG	ATTAAGCTGGCATGTCTGGC	4
PT54810	20	AGCATTGATGAGCAAGAGAAA	GCAAGGATTCTACCTTGGTT	2
PT54789	21	GCAGGATATCAGCGGTATAAAG	TTCACTGCTTGGAGGTCA	3
PT60990	23	TCAACCCATAAAGCTGCTCC	AAAGAGACAAAGCAGGCACAA	4
PT61570	23	CACTTCCTCAAACACCTCCC	GACCACACAGTCTAGTTGTCCA	2
PT53026	23	TGCAGTGTCATCACAAATCC	TGCAGTCAGCAACATGAACC	2
PT53320	23	TTTGCAACCCTCCATTCTTT	CCAATGTGAATGGTGAACGA	2
PT54776	23	TCGCTAATTCAAAGTGGGATG	GCCACACCAATACAAGTACACC	2

表 3 群体内遗传多样性

Table 3 Genetic diversity within 3 populations

类型	份数	等位基因数	有效等位基因数	Shannon's 指数	基因多样性	多态位点数	比例 (%)
Type	Copies	N_a	N_e	I	Nei's	Polymorphic loci	Rate
烤烟	18	1.2889	1.1564	0.1332	0.0850	11	24.40
黄花烟	22	1.6279	1.2177	0.1395	0.1395	24	53.33
晒晾烟	38	2.1333	1.3221	0.3495	0.1990	40	88.89

表 4 3 个遗传群体 SSR 分析的遗传一致度 (上三角) 和遗传距离 (下三角)

Table 4 Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) of 3 populations by SSR

Pop ID	烤烟	黄花烟	晒晾烟
烤烟	—	0.2240	0.9840
黄花烟	1.4105	—	0.3256
晒晾烟	0.0161	1.1222	—

0.0454 ~ 0.9973, 平均为 0.5349, 由相似系数获得的次数分布图 (图 2) 可知, 遗传相似性主要集中在 0.1000 ~ 0.1991 范围的占 27.20%, 集中在 0.8000 ~ 0.8990 范围的占 33.73%。说明 (1) 种质库中这 78 个抗 PVY 种质中有一部分亲缘关系较近, 遗传相似性高; 有一部分亲缘关系较远, 遗传相似性低, 这与群体间遗传相似性结果相吻合。(2) 我国烟草抗 PVY 种质资源遗传性状差异较大, 具有较丰富的遗传变异。

2.4.2 聚类分析 聚类分析结果 (图 3) 表明, 在相似系数为 0.23 时, 可以将 78 份种质材料分成 2 大类群, 第 I 大类是烤烟和晒晾烟, 且烤烟和晒晾烟之间没有明显的界限, 第 II 大类是黄花烟。说明 (1) 烤烟与晒晾烟遗传背景相似程度高; (2) 黄花烟与烤烟和晾晒烟遗传距离都较远。

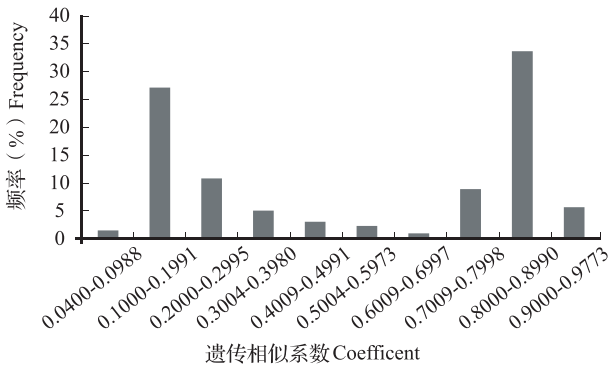


图 2 78 份烟草抗 PVY 种质材料遗传相似系数的次数分布
Fig.2 Frequency distribution of genetic similarity coefficient of 78 tobacco resistance to PVY

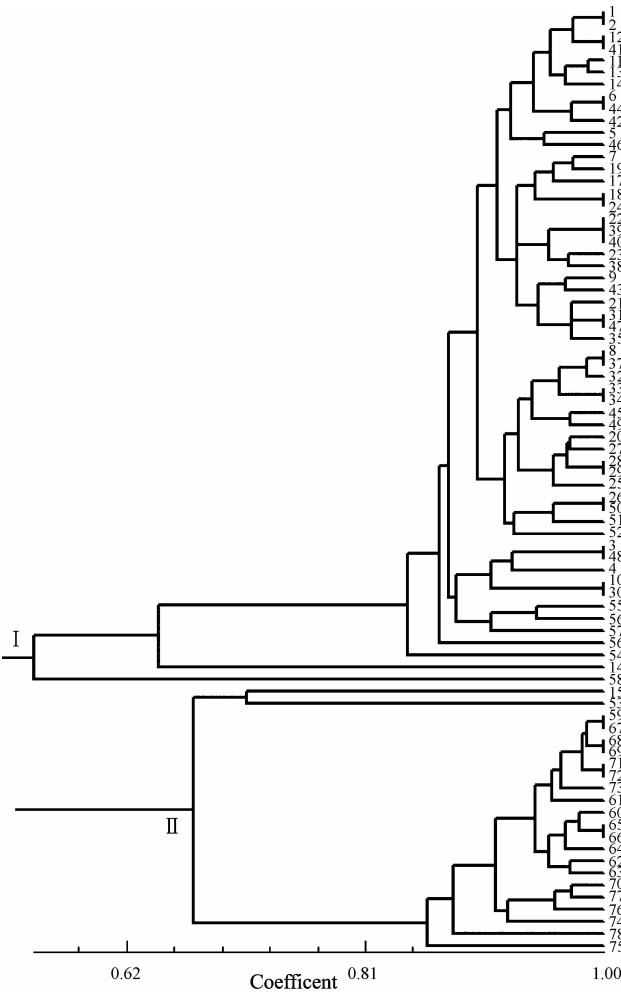


图 3 78 份抗 PVY 种质材料基于 SSR 分析的 UPGMA 聚类图
Fig.3 The UPGMA cluster analysis of SSR data for 78 tobacco resistance to PVY

3 结论与讨论

对 78 份抗 PVY 烟草种质进行遗传多样性分析, 利用筛选出的 45 对多态性好的引物, 检测到 96 个多态性位点, 分布于 18 条连锁群上, 多态性比例为 88.89%。结合遗传多样性指数 (0.3766)、Shannon's 指数 (0.5821) 和遗传相似

系数变异范围(0.4540 ~ 0.9973),可以看出我国抗 PVY 烟草种质资源遗传多样性较低但遗传变异较丰富。供研究的 78 份种质材料中,晒晾烟群体内遗传多样性最大,这可能与供试材料中晒晾烟(38 份)比例大有关;但黄花烟(22 份)与烤烟(18 份)供试种质数量相当,黄花烟群体内遗传多样性显著大于烤烟;烤烟的遗传多样性最小,因此,今后烤烟抗 PVY 育种亲本选择中,应注重对晒晾烟和黄花烟的利用。

从选取的抗 PVY 材料的群体间遗传距离以及整体聚类分析中可以看出,晒晾烟、烤烟之间没有明显的界限,二者遗传距离小,遗传相似度高;这与烤烟、晒晾烟都属于普通烟草栽培种有关,也可能与抗 PVY 种质 VAM(晒晾烟)的过度利用有一定关系。而黄花烟与晒晾烟、烤烟之间遗传距离都较远,这与黄花烟和普通烟草是两个不同烟草栽培种有关,同时也可能与抗 PVY 黄花烟草还未被充分利用有关。目前生产上应用最多的是烤烟,但烤烟抗源少,遗传背景狭窄,限制了烟草抗 PVY 育种的发展。晒晾烟中抗 PVY 资源遗传多样性丰富,且与烤烟遗传相似性大,杂交容易成功,今后育种工作应加快对晒晾烟的利用,丰富烤烟的遗传多样性。另外,黄花烟抗性种质比较多,遗传多样性丰富,但其与烤烟和晒晾烟属于不同的栽培种,杂交不易成功,因此,开发新的技术方法,实现对黄花烟草抗 PVY 基因的充分利用将是我国烟草抗 PVY 育种的研究重点之一。

参考文献

- [1] Smith K M. On the composite nature of certain potato virus diseases of the mosaic group as revealed by the use of plant indicators and selective methods of transmission [J]. P Roy Soc B-Biol Sci, 1931, 109(762): 251-266
- [2] 宁金花,周伟,黄松青,等.烟草马铃薯 Y 病毒研究进展[J].安徽农业科学, 2010, 38(10): 5143-5146
- [3] 谈文,吴元华.烟草病理学[M].北京:中国农业出版社, 2003: 153-154
- [4] 唐俊昆,周志成,易图永,等.烟草马铃薯 Y 病毒病的发生和综合防治[J].现代农业科技, 2011(11): 195-197
- [5] 高冬冬,刘忠丽,孙希文,等.我国有机烟叶主要病虫害防治方法研究进展[J].贵州农业科学, 2013, 41(6): 118-122
- [6] 王学陶.浅议烟草病虫害的综合防治方法[J].科技致富向导, 2010(3): 82-83
- [7] 陈荣平.烟草抗马铃薯 Y 病毒(PVY)育种、抗性基因的克隆与功能分析[D].郑州:河南农业大学, 2012
- [8] Bindler G, vander Hoeven R, Gunduz I, et al. A microsatellite marker based linkage map of tobacco [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114: 341-349
- [9] Bindler G, Plieske J, Bakaher N, et al. A high density genetic map of tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) obtained from large scale microsatellite marker development [J]. Theor Appl Genet, 2011, 123: 219-230
- [10] 潘应花,刘艳华,任民,等.烟草种质不同群体遗传完整性的 SSR 研究[J].植物遗传资源学报, 2013, 14(5): 979-984
- [11] Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1973, 76: 5269-5273
- [12] Shannon C, Weaver E. The mathematical theory of communication [M]. Urbana: University of Illinois Press, 1949
- [13] Yeh E C, Yang R C, Boyle T B. POPGENE, version 1.31: Microsoft window-based freeware for population genetic analysis quick user guide[M]. Edmonton: University of Alberta, 1999
- [14] Rohlf F J. NRSYSpc numerical taxonomy and multivariate analysis system (version 2.0) [M]. New York: Applied Biostatistics Inc, 1988
- [15] 张雪廷,童志军,焦芳婵,等.38 份晒晾烟种质资源遗传关系的 SSR 分析[J].植物遗传资源学报, 2013, 14(4): 653-658