

河北省绿子叶黑豆种质资源表现型和 ISSR 标记遗传多样性分析

耿立格¹, 王丽娜¹, 张磊¹, 张京慧¹, 宋彦峰²

(¹河北省农林科学院粮油作物研究所/河北省作物遗传育种实验室, 石家庄 050031; ²河北农业大学农学院, 保定 071001)

摘要:为了揭示河北省绿子叶黑豆种质资源的遗传多样性, 为其研究利用提供理论根据, 以 46 份原产河北省的绿子叶黑豆种质资源为试验材料, 对其基于表型性状及 ISSR 标记鉴定结果进行了聚类分析, 结果表明: 7 个 ISSR 引物共检测出 60 个等位变异, 平均每个位点有 8.6 个等位变异, 变幅为 5~17 个; ISSR 引物的多态性信息量 *PIC* 变幅为 0.721~0.927, 平均 0.820; 利用表型性状和 ISSR 标记数据进行品种间遗传多样性分析, 遗传相似系数变化范围分别为 0.07~0.53 和 0.43~1.00, 平均为 0.284 和 0.704, 遗传相似性变幅较大, 河北省不同绿子叶黑豆品种间存在着丰富的遗传多样性。聚类结果显示, 类群与品种来源地有关。

关键词:绿子叶黑豆; 种质资源; 农艺性状; ISSR; 遗传多样性

Genetic Diversity Analysis of Green-Cotyledon Black Soybean Germplasm Resources in Hebei Province based on Agronomic Traits and ISSR Markers

GENG Li-ge¹, WANG Li-na¹, ZHANG Lei¹,
ZHANG Jing-hui, SONG Yan-feng²

(¹Institute of Cereal and Oil Crops, Hebei Academy of Agricultural and Forestry Sciences/Crop Genetics and Breeding Laboratory of Hebei Province, Shijiazhuang 050031; ²College of Agronomy, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001)

Abstract: The genetic diversity of green-cotyledon black soybean cultivars native to Hebei province was evaluated based on ISSR and agronomic characters. The results indicated that 60 alleles of 7 ISSR markers were detected among 46 cultivars with an average of 8.57 alleles per ISSR marker, and the number of alleles per primer ranged from 5 to 17. The value of allelic polymorphism information content (*PIC*) ranged from 0.721 to 0.927, on the average of 0.82 per primer. The value of genetic similarity (*GS*) indices of 46 cultivars based on the 14 agronomic traits and ISSR data varied from 0.067 to 0.533 and 0.43 to 1.0 respectively, with an average of 0.284 and 0.704, indicated that the genetic diversity among green-cotyledon black soybean cultivars from Hebei was abundant. The clustering results showed that the groups could reflect the origin of the cultivars.

Key words: Green-cotyledon black soybean; Germplasm; Agronomic character; ISSR; Genetic diversity

黑豆为豆科植物大豆 [*Glycine max* (L.) Merrill] 的黑色种子, 又名乌豆、黑豆。黑豆具有高蛋白、低热量的特性, 其蛋白质含量高达 36%~40%, 富含 18 种氨基酸, 特别是人体必须的 8 种氨基酸含量比美国 FDA 规定的高蛋白质标准还高。黑豆还含有 19 种油脂, 不饱和脂肪酸含量达 80%, 吸收率

高达 95% 以上, 除能满足人体对脂肪的需要外, 还有降低血液中胆固醇的作用, 尤其绿子叶黑大豆药效更显著^[1]。

ISSR (inter-simple sequence repeat) 标记方法是近年来发展起来的一种新型分子标记技术^[2-3], 能揭示出比 RFLP、RAPD、SSR 更多的多态性^[4]。它不

收稿日期: 2009-05-19

修回日期: 2009-12-22

基金项目: 河北省科技支撑项目 (06220118D); 河北省科技基础条件平台建设项目 (07669045D)

作者简介: 耿立格, 副研究员, 硕士, 主要从事作物种质资源安全保存、评价鉴定研究。E-mail: glg126@yahoo.com.cn

仅可以快速、高效和灵敏地检测出基因组 DNA 的多态性,而且有很好的重复性,操作简单、成本较低,在植物遗传多样性研究中迅速得到应用^[5-11]。就大豆而言,已经利用 ISSR 技术开展了资源品种的分类以及遗传多样性研究^[12-14],但在黑豆特别是绿子叶黑豆研究上,国内却未见报道。本文以河北省作物种质资源库保存的 46 份绿子叶黑豆资源为试验材料,试图通过对表型性状和 ISSR 数据分析,鉴定不

同品种的遗传相似性和差异,揭示其遗传多样性水平,为绿子叶黑豆资源收集保存和合理利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

选取河北省作物种质资源库中保存的 46 份绿子叶黑豆品种作为研究材料(表 1)。

表 1 材料资料及序号

Table 1 List of the tested accessions

序号 No.	库编号 Code	名称 Name	来源 Source	序号 No.	库编号 Code	名称 Name	来源 Source
1	IIB10201	药黑豆	石家庄市	24	IIB10599	铁荚青	沧州黄骅
2	IIB10235	小扁黑	张家口涿鹿	25	IIB10600	铁扫帚	沧州黄骅
3	IIB10387	铁皮青	沧州沧县	26	IIB10601	小粒黑豆	沧州南大港
4	IIB10422	青瓢黑豆	石家庄平山	27	IIB10602	夏播黑豆	沧州河间
5	IIB10580	白露忙	沧州沧县	28	IIB10603	平地黄	沧州青县
6	IIB10581	前进二号	沧州沧县	29	IIB10604	平顶黄	沧州青县
7	IIB10582	殿子小黑豆	沧州河间	30	IIB10605	小黄荚	沧州任邱
8	IIB10583	平地黑	沧州任邱	31	IIB10606	平顶黄	沧州河间
9	IIB10584	芦位黑豆	沧州河间	32	IIB10607	小黑豆	沧州东光
10	IIB10585	南皮小黑豆	沧州南皮	33	IIB10608	平顶黄	沧州任邱
11	IIB10586	竹竿青	沧州南皮	34	IIB10609	平顶黄	沧州青县
12	IIB10587	当年陈	沧州青县	35	IIB10610	平顶黄	沧州青县
13	IIB10588	铁皮青	沧州沧县	36	IIB10611	快黑豆	沧州献县
14	IIB10589	群选一号	沧州沧县	37	IIB10612	平顶黄	沧州任邱
15	IIB10590	大黑豆	沧州南大港	38	IIB10613	孟村黑豆	沧州孟村
16	IIB10591	大粒黑豆	沧州任邱	39	IIB10614	黑丝黑豆	沧州沧县
17	IIB10592	快黑豆	沧州献县	40	IIB10615	霸县小黑豆	廊坊霸县
18	IIB10593	大黄荚	沧州任邱	41	IIB10616	8012 混-1	沧州农科所
19	IIB10594	连地生	沧州青县	42	IIB10617	大黄荚	沧州青县
20	IIB10595	连地生	沧州青县	43	IIB10707	榆树林镇黑皮大豆	承德平泉
21	IIB10596	连壁生	沧州沧县	44	IIB10711	黑豆	唐山迁安
22	IIB10597	连步生	沧州青县	45	IIB10716	乌豆	保定安国
23	IIB10598	皮猴爪子	沧州沧县	46	IIB10721	大粒黑	沧州孟村

1.2 试验方法

1.2.1 田间试验设计 田间试验于 2008 年 6 月在河北农林科学院试验站进行,采用随机区组设计,2 次重复,双行区,每行 50 粒,2 粒/穴,行长 7m。田间管理按常规进行。

1.2.2 表型性状数据采集及测定 考察的表型性状主要包括茸毛色、花色、叶形、生长习性、结荚习性、粒形、株高、主茎节数、分枝数、单株荚数、百粒重、生育期、粗蛋白含量和粗脂肪含量,其中粗蛋白含量和粗脂肪含量利用傅立叶变换近红外光谱仪测定。

1.2.3 ISSR 反应体系与程序 基因组 DNA 的提取参考 Doyle 等^[15]的方法。本试验参照加拿大哥

伦比亚大学 UBC 公司 2006 年公布的 ISSR 引物序列和 Kantety 等^[16]研究所利用的 ISSR 引物序列,由上海生工生物工程有限公司合成引物。ISSR 的 PCR 反应总体积为 20 μ l,其中模板 DNA(100ng/ μ l) 1.5 μ l,引物(10 μ mol/L) 2.0 μ l,10 \times PCR 缓冲液 2 μ l,dNTP(2.5 mmol/L) 2 μ l,Taq 酶(5U/ μ l) 0.3 μ l,ddH₂O 12.2 μ l。10 \times PCR 缓冲液、Taq 酶、dNTP 均购自大连宝生物工程有限公司。ISSR 反应程序为:94 $^{\circ}$ C 预变性 5min;94 $^{\circ}$ C 变性 1min;退火 1min,退火温度据引物而定;72 $^{\circ}$ C 延伸 2min;2~4 步骤循环 45 次;72 $^{\circ}$ C 延伸 5min;4 $^{\circ}$ C 下保存。PCR 扩增产物用测序胶(6%聚丙烯酰胺凝胶)分离,采用

银染技术检测。

1.2.4 统计分析 将材料的茸毛色、花色、叶形、生长习性、结荚习性、粒形、株高、主茎节数、分枝数、单株荚数、百粒重、生育期、粗蛋白、粗脂肪等 14 个表型性状进行统计分析,利用 NTSYS 2.10 软件进行材料间相似系数的计算。

利用每个引物对全部材料进行 ISSR 扩增,在聚丙烯酰胺凝胶上表现为谱带,按有无分别赋值为 1 和 0,利用 NTSYS 2.10 软件进行材料间相似系数的计算。

各引物多态性信息量 PIC (polymorphism information content) 按照公式 $PIC_i = 1 - \sum_{j=1}^n p_{ij}^2$ 计算,式中 p_{ij} 表示标记 i 的第 j 个带型出现的频率,标记 i 的总带型从 1 到 n ^[17]。

2 结果与分析

2.1 表型性状多样性

表型性状鉴定结果见表 2。由表 2 可知,各性状在不同品种之间存在较大差异,表现出不同程度的遗传分化。在考查的 8 项数量性状中,百粒重的变异系数最大,为 36.27%;其次为单株荚数、分枝数、株高分别为 27.41%、25.69% 和 24.48%;变异系数最小的是粗蛋白含量,为 5.15%。

表 2 绿子叶黑豆数量性状基本统计分析

Table 2 Statistical analysis of quantitative traits for green-cotyledon black soybean

性状 Trait	最小值 Min	最大值 Max	平均值 \bar{x}	标准差 s	变异系数(%) CV
生育期(d)	90	111	101.83	5.41	5.31
百粒重(g)	6.3	22.5	12.82	4.65	36.27
株高(cm)	54.6	143.4	90.74	22.22	24.48
粗蛋白含量(%)	35.3	45.6	41.08	2.12	5.15
粗脂肪含量(%)	14.2	20.1	17.14	1.56	9.11
分枝数(个)	1.5	7.3	4.02	1.03	25.69
主茎节数(个)	13.7	23.2	18.65	2.33	12.49
单株荚数(荚)	39.8	123.1	75.93	20.81	27.41

2.2 基于表型性状的聚类分析

利用 14 个表型性状数据计算材料间的遗传相似系数,46 个品种间的遗传相似系数变化范围为 0.07~0.53,平均为 0.284,遗传相似系数较低,说明材料间遗传变异较大。利用 NTSYS2.10 软件进行聚类分析,构建了各供试品种的亲缘关系图(图 1)。在遗传相似系数为 0.31 处可将 46 个品种分为 6 大类

群。药黑豆和小扁黑为第 I 类群;第 II 类群包括殿子小黑豆、南皮小黑豆等 23 个品种。第 III 类群有白露忙、平地黑等 10 个品种。第 IV 类群包括芦位黑豆、大黄荚(IIB10593)、大粒黑豆和快黑豆(IIB10592) 4 个品种。第 V 类群包括铁皮青(IIB10387)、青瓢黑豆 2 个品种,第 VI 类群包括铁皮青(IIB10588)、榆树林镇黑皮大豆、黑豆、乌豆和大粒黑 5 个品种。其中石家庄、张家口、保定、唐山、承德市的 6 份材料聚集在第 I、V、VI 类群,沧州材料大部分聚集在第 II、III、IV 类群,廊坊的 1 份材料聚在第 III 类群。

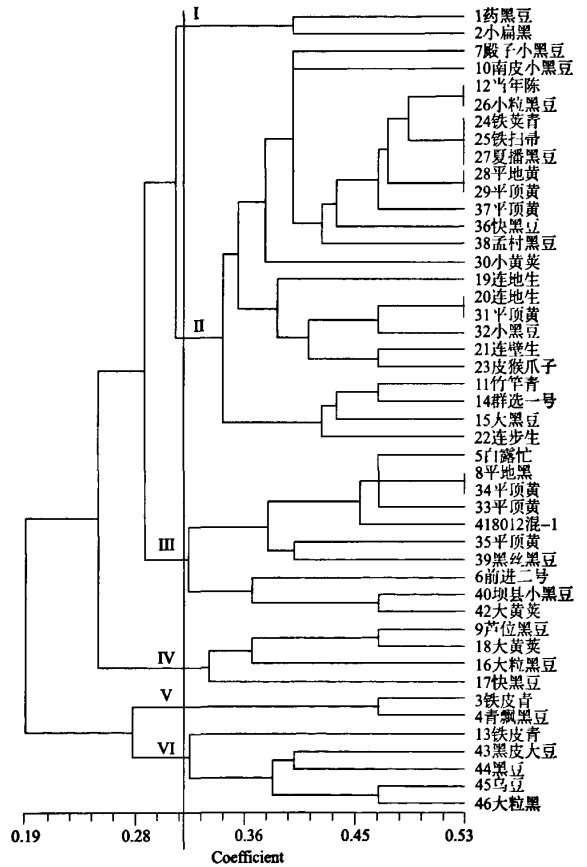


图 1 表型性状聚类图

Fig. 1 The dendrogram of accessions using agronomic characters

对聚类各类群性状数据进行分析,结果见表 3。结果表明:第 I 类群的主茎节数、单株荚数高于其他类群;第 II 类群生育期最短,属于早熟品种;第 III 类群株高高于其他类群;第 IV 类群百粒重最高,属于矮秆晚熟品种。根据育种学理论,不同类群间组配杂交组合有可能产生可供育种利用的遗传变异。

表 3 基于表型性状划分类群内的部分性状平均值

Table 3 The average of agronomic characters within each dendrogram cluster

组群 Cluster	生育期(d) Growth period	百粒重(g) 100-seed weight	株高(cm) Plant height	粗蛋白(%) Crude protein content	粗脂肪(%) Crude fat content	分枝数 Branches	主茎节数 Nodes per plant	单株荚数 Pods per plant
I	101.84	11.08	93.12	40.81	16.71	3.94	19.60	80.71
II	98.60	12.11	86.05	39.09	17.35	4.02	17.24	74.39
III	101.75	14.15	98.25	42.93	17.95	4.28	18.58	67.33
IV	106.43	19.26	84.67	43.86	17.91	4.19	17.33	66.01

2.3 ISSR 标记的多态性

利用 10 个 ISSR 引物进行 PCR 扩增,其中 7 个引物扩增效果较好。用这 7 个 ISSR 引物对 46 份绿子叶黑豆材料进行分析,共检测到 60 个等位变异。等位变异数在 5 ~ 17 个之间,平均每个位点出现 8.6 个等位变异,以引物 M02 最多,M01 最少。引物多态性信息含量 PIC 变幅为 0.721 ~ 0.927,平均 0.820(表 4)。位点多态性信息含量与等位变异数基本一致。

表 4 引物序列及多态性比较

Table 4 Sequences of primers used and comparisons of polymorphism

引物 Primer	引物序列 Primer sequence	等位变异数 No. of alleles	多态性信息量 PIC
M01	(CA) ₆ R	5	0.721
M02	(CA) ₆ RY	17	0.927
M03	(CA) ₆ RG	7	0.830
M05	(GCT) ₄ Y	7	0.821
M06	(AGC) ₄ Y	10	0.877
M08	(AGC) ₄ AY	8	0.804
U842	(GA) ₈ YG	6	0.763
合计		60	
平均		8.6	0.820

Y: 嘧啶 Pyrimidine; R: 嘌呤 Purine

2.4 基于 ISSR 标记的聚类分析

根据 ISSR 多态性计算材料间遗传相似系数,46 个品种间的遗传相似系数变化范围为 0.43 ~ 1.00,平均为 0.704,遗传相似性变化较大。利用 ISSR 数据进行聚类分析,构建了各供试品种的亲缘关系图(图 2)。在遗传相似系数 0.59 ~ 1.00 范围内的聚类结果显示:46 个品种可分为 6 大类群。第 I 类群可分为 2 个亚群共 39 个品种;药黑豆、铁皮青(IIB10588)、白露忙分别单独聚为第 II、III、IV 类群;

大黄豆(IIB10617)和榆树林镇黑皮大豆聚为第 V 类群;小扁黑、青瓢黑豆聚为第 VI 类群。从上述结果来看,聚类情况与材料来源地有关。来自沧州市的 39 份材料中 37 份聚在第 I 类群,1 份单独为第 II 类群,1 份聚在第 V 类群;来自石家庄、承德、张家口地区的 4 份材料分别聚在第 II、V、VI 类群,来自廊坊、保定、唐山地区的 3 份材料与沧州材料聚在第 I 类群。

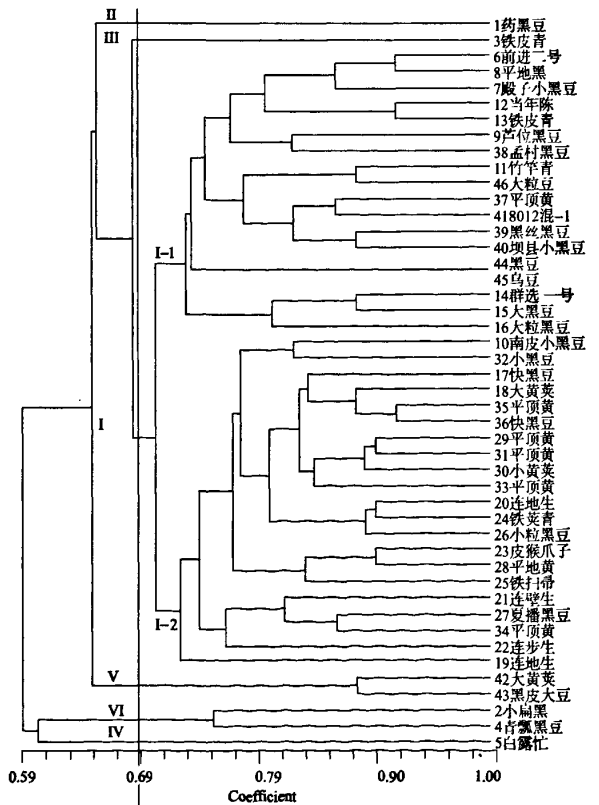


图 2 ISSR 数据聚类图

Fig. 2 The dendrogram of accessions using ISSR data

3 讨论

3.1 表型性状与 ISSR 标记聚类结果的比较

根据聚类结果可以看出,通过表型性状、分子标记数据基本能将不同来源的材料区分开。但表型性状作为材料鉴别分析的方法,更为直观,更能突出作物的地域特征。而分子标记技术不受外界环境的影响,可以弥补农艺性状数据有限的缺陷,更为精确、稳定的鉴定材料之间的同异性。本研究在对表型性状分析时,当年陈与小粒黑豆,铁荚青、铁扫帚与夏播黑豆,平地黄与平顶黄(IIB10604),平地黑与平顶黄(IIB10609)未被区别开,利用 ISSR 分子标记技术,它们之间数据差别明显。因此,利用表型性状和分子标记相结合,有利于对不同材料的来源、特性进行更准确的鉴定。

3.2 绿子叶黑豆资源保存和收集问题

在作物种质保存和收集过程中,材料是否重复,是各个国家都面临且有待解决的一个难题,解决好这一问题不仅能大量节省材料在保存、繁种中的耗费,同时也为材料的研究、利用提供了方便。在本研究中,黑豆与乌豆利用表型性状数据能够区分开,但利用 ISSR 数据进行分析,却不能区别开来,对于这 2 份材料需要进一步分析,如确定为同一材料,应去掉冗余,减少保存工作的压力。同时通过对同名的铁皮青、平顶黄、快黑豆、大黄荚、连地生品种的 ISSR 标记分析的聚类结果来看,不同来源的同名品种均存在不同的差异,同一县内不同地点的品种间也不相同,该结果与上述的农艺性状所得到的结论相一致,因而对这些不同来源的同名品种进行入库保存、数据整理是有价值的。另外通过对保存材料的遗传多样性研究,为资源收集提供了理论依据,可以排除资源不必要的重复收集。

3.3 黑豆资源的研究利用问题

随着科学技术的发展和人们生活节奏的加快,人们开始逐渐重视营养平衡,食用黑豆已经成为一种时尚。黑豆的营养价值及其特有的保健功能正越来越受到人们的重视,特别是药用价值更高的绿子叶黑豆更加受到人们青睐。黑豆起源于我国,资源极其丰富,但是我国黑豆的育种工作大部分还处在农家品种筛选及选育阶段,只进行了少量的杂交育种工作^[18-19]。本试验通过开展绿子叶黑豆资源遗传多样性研究,明确了各材料间亲缘关系的远近。在育种工作中,可针对育种目标选用具有目标农艺性状,

且聚类分析中不同类群间遗传相似性较小的材料作为亲本,直接聚合目标农艺性状,减少研究材料的数量,从而提高育种效率。特别是独立成群的少部分品种如铁皮青(IIB10588)、青瓢黑豆、榆林镇黑皮大豆等,与其他材料间表现出较大的遗传差异,具有很大的利用潜力,可重点进行保存利用研究。

参考文献

- [1] 林汝法,柴岩,廖琴,等. 中国小杂粮[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2002
- [2] Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification [J]. *Genomics*, 1994, 20:176-183
- [3] Gupta M, Chyi Y S, Romero-Severson J, et al. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple-sequence repeats [J]. *Theor Appl Genet*, 1994, 89:998-1006
- [4] 李海生. ISSR 分子标记技术及其在植物遗传多样性分析中的应用[J]. *生物学通报*, 2004, 39(2):19-21
- [5] Jian S G, Shi S H, Zhong Y, et al. Genetic diversity among south China *Heritiera littoralis* detected by inter-simple sequence repeats (ISSR) analysis [J]. *Journal of genetics and molecular biology*, 2002, 13(4):272-276
- [6] Ge X J, Sun M. Reproductive biology and genetic diversity of a cryptoviviparous mangrove *Aegiceras corniculatum* (Myrsinaceae) using allozyme and inter-simple sequence repeat (ISSR) analysis [J]. *Molecular Ecology*, 1999, 8:2061-2069
- [7] 杨传平,魏利,姜静,等. 应用 ISSR-PCR 对西伯利亚红松 19 个种群的遗传多样性分析[J]. *东北林业大学学报*, 2005, 33(1):1-3
- [8] 梁景霞,祁建民,方平平,等. 烟草种质资源遗传多样性与亲缘关系的 ISSR 聚类分析[J]. *中国农业科学*, 2008, 41(1):286-294
- [9] 邹游,黄敏,侯若彤,等. ISSR 标记技术在猕猴桃遗传研究中的运用[J]. *西南大学学报*, 2008, 33(1):111-115
- [10] 程春明,石云素,宋燕春,等. ISSR 分子标记技术在分析玉米自交系遗传关系研究中的适用性[J]. *植物遗传资源学报*, 2005, 6(2):172-177
- [11] 张青林,罗正荣. ISSR 及其在果树上的应用[J]. *果树学报*, 2004, 21(1):54-58
- [12] 王玉民,姜昱,康岭生,等. 利用 ISSR 技术探讨大豆属植物的亲缘关系[J]. *吉林农业科学*, 2007, 32(6):30-32, 38
- [13] 谢甫绵, Takahata T. 利用 ISSR 分子标记进行不同来源大豆品种的分类[J]. *大豆科学*, 2005, 24(3):161-165
- [14] 周延清,李敏,贾敬芬,等. 河南大豆遗传多样性的 ISSR 分析[J]. *西北植物学报*, 2006, 26(9):1883-1887
- [15] Doyle J J. Isolation of plant DNA from fresh tissue [J]. *Focus*, 1990, 12:149-151
- [16] Kantety R V, Zeng X, Bennetzen J L, et al. Detection of high levels of polymorphism among dent and popcorn inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification technique [J]. *Maize Newsletter*, 1995, 69:132-134
- [17] Anderson J A, Churchill G A, Autrique J E, et al. Optimizing parental selection for genetic linkage maps [J]. *Genome*, 1993, 36:181-186
- [18] 易泽林,唐道彬,赵良建,等. 黑皮绿子叶大豆新品种西豆 5 号的选育[J]. *种子*, 2007, 26(9):91-92
- [19] 陈振武. 黑豆新品种[J]. *新农业*, 2005(8):46

河北省绿子叶黑豆种质资源表现型和ISSR标记遗传多样性分析

作者: 耿立格, 王丽娜, 张磊, 张京慧, 宋彦峰, GENG Li-ge, WANG Li-na, ZHANG Lei, ZHANG Jing-hui, SONG Yan-feng
作者单位: 耿立格, 王丽娜, 张磊, 张京慧, GENG Li-ge, WANG Li-na, ZHANG Lei, ZHANG Jing-hui (河北省农林科学院粮油作物研究所/河北省作物遗传育种种实验室, 石家庄, 050031), 宋彦峰, SONG Yan-feng (河北农业大学农学院, 保定, 071001)
刊名: 植物遗传资源学报 ISTIC PKU
英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES
年, 卷(期): 2010, 11 (3)
被引用次数: 1次

参考文献(19条)

1. 邹游;黄敏;侯若彤 ISSR标记技术在猕猴桃遗传研究中的运用[期刊论文]-西南大学学报 2008(01)
2. 梁景霞;祁建民;方平平 烟草种质资源遗传多样性与亲缘关系的ISSR聚类分析[期刊论文]-中国农业科学 2008(01)
3. 杨传平;魏利;姜静 应用ISSR-PCR对西伯利亚红松19个种源的遗传多样性分析[期刊论文]-东北林业大学学报 2005(01)
4. Ge X J;Sun M Reproductive biology and genetic diversity of a cryptoviviparous mangrove *Acgiceras corniculatum* (Myrsinaceae) using allozyme and inter-simple sequence repeat (ISSR) analysis [外文期刊] 1999
5. Jian S G;Shi S H;Zhong Y Genetic diversity among south China *Heritiera littoralis* detected by inter-simple sequence repeats (ISSR) analysis journal of genetics and molecular 2002(04)
6. 李海生 ISSR分子标记技术及其在植物遗传多样性分析中的应用[期刊论文]-生物学通报 2004(02)
7. Gupta M;Chyi Y S;Romero-Severson J Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple-sequence repeats 1994
8. Zietkiewicz E;Rafalski A;Labuda D Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification 1994
9. 陈振武 黑豆新品种[期刊论文]-新农业 2005(08)
10. 易泽林;唐道彬;赵良建 黑皮绿子叶大豆新品种西豆5号的选育[期刊论文]-种子 2007(09)
11. Anderson J A;Churchill G A;Autrique J E Optimizing parental selection for genetic linkagemaps 1993
12. Kantety R V;Zeng x;Bennetzen J L Detection of high levels of polymorphism among dent and popcorn inbred lines using inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification technique 1995
13. Doyle J J Isolation of plant DNA from fresh tissue 1990
14. 周延清;李敏;贾敬芬 河南大豆遗传多样性的ISSR分析[期刊论文]-西北植物学报 2006(09)
15. 谢甫绶;Takahata T 利用ISSR分子标记进行不同来源大豆品种的分类[期刊论文]-大豆科学 2005(03)
16. 王玉民;姜昱;康岭生 利用ISSR技术探讨大豆属植物的亲缘关系[期刊论文]-吉林农业科学 2007(06)
17. 张青林;罗正荣 ISSR及其在果树上的应用[期刊论文]-果树学报 2004(01)
18. 程春明;石云素;宋燕春 ISSR分子标记技术在分析玉米自交系遗传关系研究中的适用性[期刊论文]-植物遗传资源学报 2005(02)

19. 林汝法;柴岩;廖琴 中国小杂粮 2002

引证文献(1条)

1. 李金礼;施文娟;阮仁超;赵德刚;文晓鹏 利用ISSR标记解析黔东南玉米地方种质的遗传多样性[期刊论文]-种子 2010(12)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201003004.aspx