

豌豆种质表型性状 SSR 标记关联分析

顾 竞¹, 李 玲², 宗绪晓¹, 王海飞¹, 关建平¹, 杨 涛¹

(¹中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 北京 100081;

²辽宁省农业科学院经济作物研究所, 辽阳 111000)

摘要: 关联分析是以连锁不平衡原理为基础, 鉴定某一群体内表型性状与遗传标记或候选基因间关系的遗传分析方法。本研究利用 59 个多态性 SSR 标记, 对 192 份豌豆种质进行全基因组扫描, 以分析 SSR 位点遗传多样性, 寻找其连锁不平衡位点; 采用 TASSEL 软件的一般线性模型, 利用 59 个 SSR 标记对 19 个形态性状进行关联分析。结果显示 SSR 位点间有较高的多态性和一定程度的连锁不平衡, 共检测出 32 个 SSR 标记位点与 14 个表型性状相关联, 一些 SSR 标记与 2 个或多个形态性状相关联。

关键词: 豌豆; SSR; 连锁不平衡; 关联分析

Association Analysis Between Morphological Traits of Pea and its Polymorphic SSR Markers

GU Jing¹, LI Ling², ZONG Xu-xiao¹, WANG Hai-fei¹, GUAN Jian-ping¹, YANG Tao¹

(¹National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of

Agricultural Sciences, Beijing 10081; ²Institute of Economic Crops, Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Liaoyang 111000)

Abstract: Association analysis is an approach to identify the relationship of molecular markers or candidate genes with morphological traits in a given population based on linkage disequilibrium. 59 polymorphic SSR markers were applied for genotyping on 192 core collections of pea (*Pisum sativum* L.) to identify their genetic diversity, and to detect linkage disequilibrium of pair wise loci in the targeted population composed of the 192 core collections. The association analysis between 59 SSR loci and 19 morphological traits was performed by using TASSEL GLM (General Linear Model) program. High polymorphism and various degree of linkage disequilibrium (LD) were detected among SSR loci. Associations between 32 SSR loci and 14 morphological traits were detected, some loci were found associated with two or more morphological traits.

Key words: Pea; SSR; Linkage disequilibrium; Association analysis

作物的大部分性状是数量性状, 因此掌握数量性状的表型和基因型更利于育种工作的进行。随着基因组学的研究由简单质量性状向复杂的数量性状转移, 尤其是大量分子标记的开发和生物信息学的发展, 应用关联分析方法发掘植物数量性状基因成为目前基因组学研究的热点之一。关联分析 (association analysis) 又称连锁不平衡作图 (linkage dise-

quilibrium mapping) 或关联作图 (association mapping), 是一种以连锁不平衡为基础, 鉴定某一群体内目标性状与遗传标记或候选基因关系的分析方法^[1]。与连锁分析相比, 关联分析的优点有 3 个: (1) 以现有的自然群体为材料, 无需构建专门作图群体。(2) 可以同时检测同一个基因座上的多个等位基因。(3) 定位的高精确性, 能达到单基因的水

收稿日期: 2011-03-29 修回日期: 2011-05-31

基金项目: 现代农业产业技术体系专项 (CARS-09); 农业部作物种质资源保护项目 (NB2010-2130135-25-09)

作者简介: 顾竞, 硕士, 研究方向为食用豆类种质资源及 SSR 标记关联分析

通讯作者: 宗绪晓, 博士, 研究员, 从事食用豆类资源、改良、分子标记以及耕作体系、抗逆生理研究。E-mail: zongxx@mail.caas.net.cn

平^[2]。随着分子育种和基因组学研究的深入,目前关联分析已应用于水稻、玉米、大麦、大豆等大宗作物^[3-9],但在豌豆尚未见报道。

本研究采用株高、单株分枝数、单株荚数、单荚粒数、荚长和百粒重等8个形态性状差异明显的192份豌豆种质,田间种植鉴定其表型,利用59对多态性SSR引物鉴定其基因型。在连锁不平衡成对位点分析的基础上,完成表型性状与SSR标记间的关联分析。

1 材料与方法

1.1 试验材料

根据株高、单株分枝数、单株荚数、单荚粒数、荚长、百粒重、粒色、花色分类,从国家种质库中抽取性状差异显著且无育种系谱的192份国内外豌豆资源作为参试材料,符合关联分析关于试验材料应非结构性群体、相互间无直接亲缘关系的基本要求。

1.2 田间试验及性状调查

田间试验位于辽宁省辽阳市辽宁省农业科学院经济作物研究所试验农场。采用间比法试验设计,每份参试资源种质种成一个小区,每小区留苗25株,不设重复,每20个小区间设一个对照(中豌6号)小区,田间管理参照当地豌豆生产田。形态性状标准及调查规范按照《豌豆种质资源描述规范和数据标准》^[10]进行。

1.3 SSR标记全基因组扫描

用于提取DNA的叶样来自田间试验的苗期植株分枝上尚未完全展开的顶部叶片,从每小区的10个随机单株中取200~300mg叶样,在液氮中冻干磨成细粉。参考Dellaporta等^[11]和Doyle等^[12]创立的CTAB法,做适当修改后提取DNA。随机抽取8份材料的DNA用于SSR引物筛选,最终从分布于豌豆7个连锁群的551对备选引物中遴选出分布均匀、多态性高的引物59对(表1),用于关联分析。

表1 试验选用的59个SSR位点

Table 1 List of 59 SSR loci selected for this research

连锁群 LG	SSR位点 Locus	图位(cM) Position	连锁群 LG	SSR位点 Locus	图位(cM) Position	连锁群 LG	SSR位点 Locus	图位(cM) Position
I	<i>PSAC75</i>	174.1	III	<i>PSAB141</i>	161.1	V	<i>PSAB23</i>	37.7
	<i>PC20</i>	26		<i>PSAD270</i>	257.7		<i>PSAA163.2</i>	109.2
	<i>PD21</i>	154.6		<i>PSAA175</i>	43.6		<i>PSGAP1</i>	103.8
	<i>PSAD147</i>	88.1		<i>PSAA355</i>	242.1	<i>Sugtrans</i>	74.8	
	<i>PSAA258</i>	165.2		<i>PGK1</i>	232.7	VI	<i>PSAC17</i>	128.6
	<i>PSAB28</i>	133.9		<i>PsAAT1</i>	25.8		<i>PSAC76b</i>	148.9
	<i>AF016458</i>	165.1		<i>Agpl1</i>	8.5		<i>PSAD60</i>	75.5
	<i>PsAS2</i>	61.7		<i>Nip</i>	83.9	<i>PSAD160</i>	9.1	
	<i>FBPaldo</i>	9.9		<i>Eno12B</i>	211.9	<i>Gsp</i>	132.1	
II	<i>PSAB72</i>	29.7	IV	<i>AA315</i>	167	VII	<i>PB14</i>	113.9
	<i>AD134</i>	159.8		<i>PSAA219</i>	0.8		<i>PSAA456</i>	16.8
	<i>PSAD83</i>	60.2		<i>PSAA7</i>	35.4		<i>PSAA98</i>	174.9
	<i>PSAB109</i>	48.6		<i>PSAA378</i>	129.5		<i>PSAA19</i>	76.8
	<i>PSAA18</i>	34.2		<i>PSAC22</i>	136.4		<i>PSAA387</i>	154.6
	<i>PD23</i>	72.5	<i>PSAC32</i>	124.3	<i>PSAB60</i>	183.2		
	<i>PSAA332</i>	19.6	<i>PSAA255</i>	96.2	<i>PSAB65</i>	85.7		
	<i>PSAA205</i>	181.7	<i>PSAB31</i>	64.8	<i>Gs3B</i>	82.9		
	<i>Peptrans</i>	19.3	V	<i>PSAB47</i>	56.3	<i>eEF1Bb</i>	210.2	
	<i>Ga2ox</i>	0		<i>PSAD280</i>	124.1	<i>Nlm</i>	61.6	
<i>TE002P07</i>	143.9	<i>PSAC58</i>		167.3				

PCR 反应总体积 10 μ l。反应体系中含 1 \times PCR Buffer, 2.5mmol/ μ l MgCl₂, 4 种 dNTP 各 0.168 mmol/ μ l, 0.5U Taq DNA polymerase 酶, Primer F 和 Primer R 引物各 0.4 μ mol/ μ l, 以及 25ng 模板 DNA。PCR 扩增在 PTC-220 型 (MJ Research) PCR 仪上进行, 盖温控制在 105 $^{\circ}$ C, 先在 94 $^{\circ}$ C 下预变性 3min; 再进行 35 个循环的变性 (94 $^{\circ}$ C 30s)、退火 (温度随引物而不同 30s)、延伸 (72 $^{\circ}$ C 120s) 步骤; 然后在 72 $^{\circ}$ C 下继续延伸 5.5min; 最后慢慢冷却至 10 $^{\circ}$ C。PCR 扩增产物在 5% 聚丙烯酰胺凝胶上电泳, 银染显色。

1.4 数据处理

1.4.1 SSR 位点遗传多样性 利用 59 个 SSR 位点的分子数据, 依据以下公式进行多态信息含量 (PIC) 的计算:

$$h_i = 1 - \sum_{j=1}^i p_{ij}^2$$

其中 h_i 表示第 i 位点上第 j 个等位变异的频率, 1 表示第 i 位点检测到的等位变异数。用多个位点的平均值表示每条染色体或整个基因组的遗传多样性。

1.4.2 连锁不平衡的衡量 连锁平衡通常用 r^2 (Squared allele-frequency correlation) 和 D' (standardized disequilibrium coefficients) 来表示, r^2 和 D' 的取值范围是 0~1。若连锁的两个基因座位上的等位基因分别为 A、a 和 B、b, 它们组成的单倍型有 AB、Ab、aB 和 ab 共 4 种, $f(x)$ 为各种等位基因和单倍型的频率。

$$D = f(AB) - f(A)f(B)$$

D' 是 D 与 D 最大可能值 (当 $D < 0$ 时为最小可能值) 的比值, 是一种与频率无关的度量; r^2 等于 D^2 除以两基因座各等位基因频率的乘积^[13], 是一种与频率有关的度量。通常 r^2 和 D' 越大, 两等位基因间的连锁不平衡关系越强, 当 r^2 和 D' 都等于 1 时, 两位点处于完全连锁状态, 而当 r^2 和 D' 都等于 0 时, 两位点处于完全平衡状态。一般 D' 小于 0.5 作为 LD 衰减的标志。使用 TASSEL 软件^[14] 计算 LD 配对检测的矩阵图, 用于观察共线和非共线 SSR 位点之间的 LD 排列。

1.4.3 关联分析 使用 TASSEL 软件^[14] 的一般线性模型 (GLM-general linear model) 程序, 将各个体 Q 值作为协变量, 将 19 个性状的表型数据分别对标记变异进行回归分析。

$$Y_j = \alpha + \beta I_{pj} + \beta_1 X_{1j} + \beta_2 X_{2j} + \dots + \beta_k X_{kj} + \epsilon_j$$

其中 Y_j 是第 j 个材料数量性状表型值, I_{pj} 是第

j 个材料第 p 个等位变异出现的指示变量, β 是群体各位点各等位变异的平均效应, $X_{1j} \sim X_{kj}$ 是第 j 个材料基因组变异源于第 1~ k 群体的概率 Q 值, $\beta_1 \sim \beta_k$ 是亚群体各位点各等位变异的平均效应, ϵ_j 是残差^[15]。

2 结果与分析

2.1 豌豆 SSR 位点的遗传多样性评价

192 份豌豆种质资源在 59 个 SSR 位点上共检测出 291 个等位变异, 平均每个位点为 4.9322 个, 有效等位基因所占的比例均值为 0.7903 (表 2)。其中, PD21、PSAA18 和 PSAD270 等位变异最多, 各为 11 个, 其多态信息含量 (PIC) 为 0.8417、0.8462、0.8326; 其次是 PSAC75、PSAC22, 等位变异各为 10 个, PIC 值为 0.8542、0.4079。检测等位变异最少的是 PSAA258、PsAS2、Eno12B、PSAA7、PSAA378 和 Sugtrans 分别仅为 2 个, 其 PIC 值 0.28350、0.2862、0.1313、0.1502、0.0805、0.3746。59 个 SSR 位点的 PIC 值变化范围 0.0805~0.8542, 均值 0.5438, 表明本研究获得的 SSR 位点的遗传多样性丰富。

综合分析比较各个参数, 等位变异数和 PIC 值的变化趋势基本一致, 除了 PC20 和 PSAC22, 等位变异数为 8 和 10, 但 PIC 值 0.4697 和 0.4079, 相对较低。有效等位基因变异比率高的, PIC 值也高, 但是等位变异数低的则呈现相反的趋势。豌豆 SSR 位点在 7 个连锁群上均匀的分布, 并且具有丰富的遗传多样性, 为与表型性状的关联分析提供了良好的基础。

2.2 群体 SSR 位点间的连锁不平衡

关联分析以基因间的连锁不平衡为基础, 因此分析散布于豌豆全基因组的 SSR 位点间的连锁不平衡利于分析其全基因组连锁不平衡状态。图 2 显示了 59 个 SSR 位点在 7 个连锁群上连锁不平衡的分布状态。SSR 位点以连锁群为单位, 按表 1 顺序排列在 X、Y 轴上, 黑色对角线上方的每个像素格使用右侧色差代码, 表示成对位点间 D' 值大小; 对角线下方为支持成对位点间 LD 的概率。

$D' > 0.5$ 表示较高的连锁不平衡程度。由图 1 可见 7 个连锁群上均分布有较高连锁不平衡的位点。对角线右上方圈起的部分是连锁不平衡程度较高的区域, 12 个红色格子显示的是 $D' = 1$, 也就是说这 12 个标记处于完全连锁状态, 其中 LG IV 上有 7 个完全连锁标记。

表2 59个SSR位点的遗传多样性

Table 2 Genetic diversity of 59 SSR loci

连锁群 LG	SSR 位点 Locus	等位基因数 Alleles No.	有效等位基因比率 Availability	多态信息含量 PIC	连锁群 LG	SSR 位点 Locus	等位基因数 Alleles No.	有效等位基因比率 Availability	多态信息含量 PIC
I	PSAC75	10	0.8490	0.8542	IV	PSAA219	4	0.5885	0.5843
I	PC20	8	0.7292	0.4697	IV	PSAA7	2	0.4375	0.1502
I	PD21	11	0.7031	0.8417	IV	PSAA378	2	0.9479	0.0805
I	PSAD147	5	0.9063	0.6840	IV	PSAC22	10	0.8698	0.4079
I	PSAA258	2	0.8802	0.2835	IV	PSAC32	5	0.9063	0.6453
I	PSAB28	5	0.8333	0.5186	IV	PSAA255	4	0.5729	0.5732
I	AF016458	4	0.9531	0.6080	IV	PSAB31	6	0.8750	0.6974
I	PsAS2	2	0.8542	0.2862	V	PSAB47	7	0.8229	0.5552
I	FBPaldo	5	0.9896	0.5031	V	PSAD280	5	0.5313	0.5376
II	PSAB72	4	0.5208	0.6456	V	PSAC58	8	0.9219	0.6864
II	AD134	4	0.6927	0.5939	V	PSAB23	6	0.7292	0.7256
II	PSAD83	6	0.9740	0.6094	V	PSAA163.2	4	0.4948	0.3388
II	PSAB109	5	0.7344	0.6055	V	PSGAPAI	3	0.6823	0.4884
II	PSAA18	11	0.7240	0.8462	V	Sugtrans	2	0.9531	0.3746
II	PD23	8	0.8906	0.8155	VI	PSAC17	4	0.7813	0.5475
II	PSAA332	5	0.7188	0.6514	VI	PSAC76b	4	0.8750	0.4104
II	PSAA205	7	0.8333	0.8060	VI	PSAD60	4	0.8802	0.3795
II	Peptrans	3	0.8750	0.5418	VI	PSAD160	7	0.8385	0.7103
II	Ga2ox	4	0.9792	0.5683	VI	Gsp	4	0.8385	0.4159
II	TE002P07	3	0.8958	0.3204	VII	PB14	4	0.6094	0.6565
III	PSAB141	4	0.5156	0.1577	VII	PSAA456	4	0.6458	0.3803
III	PSAD270	11	0.8698	0.8326	VII	PSAA98	4	0.2604	0.6672
III	PSAA175	4	0.8750	0.5708	VII	PSAA19	5	0.8906	0.6945
III	PSAA355	7	0.6771	0.7727	VII	PSAA387	4	0.8698	0.3926
III	PGK1	3	0.9844	0.3217	VII	PSAB60	4	0.8646	0.5955
III	PsAAT1	4	0.8125	0.6433	VII	PSAB65	5	0.8125	0.5845
III	Agpl1	3	0.9375	0.5782	VII	Gs3B	4	0.9688	0.4725
III	Nip	4	0.9010	0.5232	VII	eEF1Bb	3	0.9531	0.5877
III	Eno12B	2	0.9531	0.1313	VII	Nlm	3	0.7917	0.4816
IV	AA315	6	0.3542	0.6778		平均 Mean	4.9322	0.7903	0.5438

59个SSR位点的1171种位点组合中,统计概率 $p < 0.01$ 支持的不平衡成对位点所占比例为35.87%(表3)。在 $D' = 0.2 \sim 0.4$ 区间内所含有的

不平衡成对位点最多,并且呈现出较高程度的连锁不平衡的衰减。

表3 SSR位点连锁不平衡程度分析

Table 3 Analysis of D' of LD for SSR loci

总位点组合数 No. of SSR loci combinations	LD成对位点数 No. of LD locus pairs	比例(%) Proportion	D' 值次数分布 Distribution of D'					D' 平均值 Mean of D'
			0~0.2	0.2~0.4	0.4~0.6	0.6~0.8	0.8~1.0	
1711	420	35.87	5	265	117	25	8	0.3921

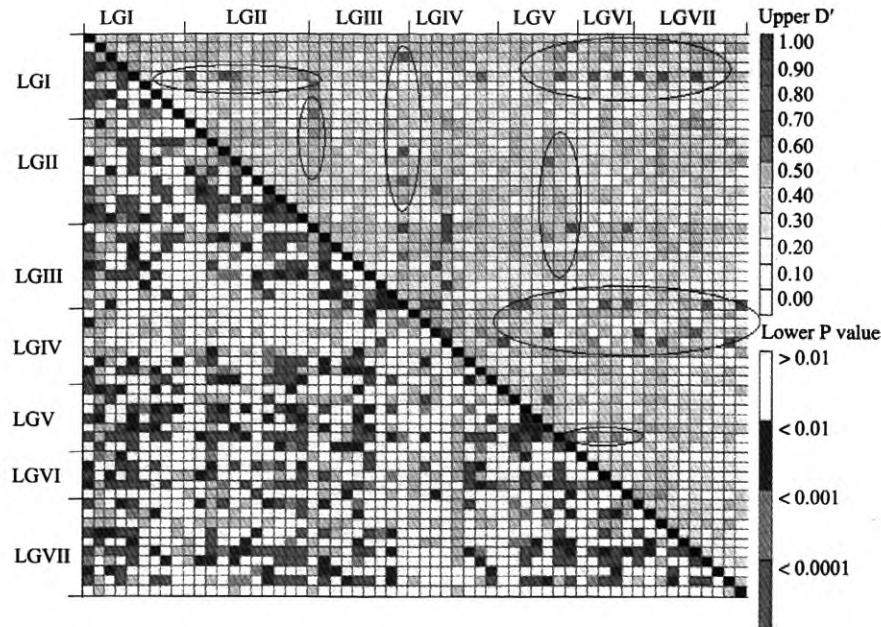


图1 豌豆7个连锁群59个SSR位点间的连锁不平衡分布

Fig.1 Distribution of LD among 59 SSR loci in 7 linkage groups of pea

当 $D' < 0.5$ 时, 连锁不平衡呈现衰减的趋势 (图2), 从图中可以看出, LD 衰减程度较大。LD 衰减所延伸的距离决定着关联分析所需使用标记的多少及关联分析的精确度。

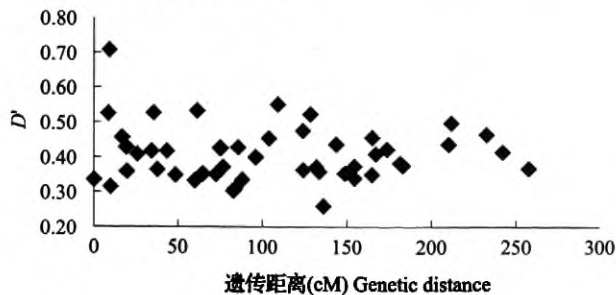


图2 D' 值随遗传距离衰减散点图

Fig.2 Attenuation of D' value along with genetic distance increase

2.3 与农艺性状相关联的 SSR 标记

本研究检测的 59 个 SSR 位点中, 有 32 个 SSR 标记与 14 个农艺性状相关联 (表 4)。结果显示, LGIV 上的关联标记最多为 7 个, 即该连锁群上 7 个标记 (表 1) 均有相关联的性状出现; 其次是 LGIII, 为 6 个; 最少的是 LGVI, 只有 2 个关联标记。

分析结果发现, 同一个位点与多个性状相关联和多个位点与同一性状相关联的情况很普遍。原因可能是作物的许多重要的农艺性状均属于由多个基因控制的数量性状。从表中显示出, 与农艺性状相关联的位点次累计有 51 个, 其中 PsAAT1 与株高、

复叶类型、每节荚数、粒型和子叶色等 5 个农艺性状相关联。对某一特定的农艺性状而言, 与复叶类型相关联的标记位点最多, 为 10 个, 分布于 6 个连锁群上 (除 LGVI), 在 LGIII 上有最多的 3 个标记位点, 即 *PsAAT1*、*Agpl1* 和 *Eno12B*; 其次是与百粒重相关的位点, 是 6 个, 分布于 4 个连锁群上 (LG I、LG III、LG IV 和 LG VI)。

表型变异解释率最大的是与荚长相关联的标记 *PSAB23* 和 *FBPaldo*, 均达到了 1.0, 也就是说这两个标记位点, 每个位点的基因座没有被重组分开, 且等位基因频率相同, 群体内只出现了 2 种单倍型。

3 讨论

3.1 连锁不平衡对关联分析的影响

关联分析是一种以连锁不平衡为基础的作图技术, 因此对作图群体基因组连锁不平衡状况的了解程度直接关系到关联分析的准确性与精确性。研究表明, 由于受重组、遗传漂变、选择、瓶颈效应、繁殖方式、群体融合等诸多影响, 不同物种甚至是同一物种的不同群体, 其基因组之间的连锁不平衡是不同的。

连锁不平衡是由突变产生的多态性形成的, 因重组的发生而打破。本研究所用的豌豆种质材料呈现出了很大程度的连锁不平衡衰减。参试材料中含有较多的杂交品种, 通过多世代的遗传变异及对特定等位基因的高强度选择, 降低了该基因座及其周围的遗传多样性, 从而导致连锁不平衡的增加。

表4 与性状显著相关 ($P < 0.001$) 的 SSR 标记位点及其对表型变异的解释率

Table 4 SSR marker loci associated with morphological traits and their explained phenotypic variation

连锁群 LG	SSR 位点 Locus	图位 (cM) Position	株高 Plant height	复叶 叶型 Leaf type	荚型 Pod type	主茎节数 Nodes No. of main stem	单株 荚数 Pods per plant	每节荚数 No. of pods per node	果柄 长度 Length of stalk	荚长 Pod length	荚宽 Pod width	单荚 粒数 Seeds per pod	粒形 Seed Shape	种子 表面 Seed surface	子叶色 Cotyledon color	百粒重 100-seed Weight
I	PSAC75	174.1														0.22
I	PD21	154.6		0.44									0.26	0.31		
I	AF016458	165.1					0.16									0.07
I	FBPaldo	9.9					0.13			1.00						
II	PSAD83	60.2		0.19												
II	PSAB109	48.6	0.23		0.14											
II	PD23	72.5		0.20						0.33						
II	PSAA205	181.7						0.28								
II	Peptrans	19.3	0.10													
III	PSAA175	43.6									0.15					0.11
III	PSAA355	242.1														0.14
III	PsAAT1	25.8	0.23	0.31				0.20					0.14		0.22	
III	Agpl1	8.5		0.11	0.09				0.09							
III	Nip	83.9												0.16		
III	Eno12B	211.9		0.07												
IV	PSAA219	0.8		0.29	0.18			0.21								
IV	PSAA7	35.4				0.18										
IV	PSAA378	129.5								0.12						
IV	PSAC22	136.4		0.45								0.24			0.21	
IV	PSAC32	124.3														0.16
IV	PSAA255	96.2									0.17					
IV	PSAB31	64.8	0.22												0.24	
V	PSAC58	167.3		0.25												
V	PSAB23	37.7								1.00		0.49				
V	PSAA163.2	109.2						0.26								
V	PSGAPAI	103.8						0.17								
V	Sugtrans	74.8									0.07					
VI	PSAC17	128.6														0.11
VI	PSAD160	9.1													0.34	
VII	PSAA456	16.8					0.17									
VII	PSAB60	183.2					0.13									
VII	Nlm	61.6		0.10												

本研究采用了 59 个 SSR 标记,因标记数量局限,只粗略地进行了豌豆全基因组扫描,目的在于初步了解豌豆基因组连锁不平衡状态,估测标记位点的 LD 衰减。严格意义上的全基因组分析,需要使用密度很高的标记对基因组进行扫描。在植物中,首次运用基于全基因组扫描方法进行关联分析的研究是 2001 年 Hansen 等^[16]对 sea beet 生长习性的研

究,研究发现,440 个全基因组范围内的 AFLP 标记中有 2 个与控制抽薹前是否需要春化的 B 基因显著关联。2006 年 Breseghello 等^[17]通过对 18 个 SSR 标记和 95 份小麦品种的子粒性状进行关联分析,发现 *Xwmcl11*、*Xgwm261* 和 *Xgwm30* 与子粒宽度之间存在显著相关。总之,在未来的研究中应该尽可能的使用更多的标记位点,对豌豆的全基因组进行高

密度扫描,以得到更精确的关联分析结果。

3.2 群体构成对关联分析的影响

为了能够检测到最多的等位基因,所选材料应尽可能包括本物种全部的遗传变异,对于已经构建了核心种质的物种而言,核心种质是关联分析的最佳选择。种质材料的选择同样也决定了关联分析的分辨率。具有高度遗传多样性的种质能够包括历史上曾经发生过的更广泛的重组,因此这样的群体具有较高的关联分析分辨率。

本研究采用的 192 份豌豆种质,是无群体结构的自然群体,但群体不大,对关联分析精确度会有一些影响。今后的类似研究,需要进一步扩大目标群体,以为达到更精确的结果。

参考文献

- [1] Flint-Garcia S A, Thornsberry J M, Buckler E S. Structure of linkage disequilibrium in plants[J]. *Annu Rev Plant Biol*, 2003, 54: 357-374
- [2] Yu J, Edward S B. Genetic association mapping and genome organization of maize[J]. *Curr Opin Biotechnol*, 2006, 17: 155-160
- [3] Flint-Garcia S A, Thillet A, Yu J, et al. Maize association population: A high resolution platform for QTL dissection[J]. *Plant J*, 2005, 44: 1054-1064
- [4] Eizenga G C, Agrama H A, Lee F N, et al. Identifying novel resistance genes in newly introduced blast resistant rice germplasm[J]. *Crop Sci*, 2006, 46: 1870-1878
- [5] Maccaferri M, Sanguineti M C, Enrico N, et al. Population structure and long-range linkage disequilibrium in a durum wheat elite collection[J]. *Mol Breed*, 2005, 15: 271-289
- [6] 杨小红,严建军,郑艳萍,等. 植物数量性状关联分析研究进展[J]. *作物学报*, 2007, 33(4): 523-530
- [7] 王荣焕,王天宇,黎裕. 关联分析在作物种质资源分子评价中的应用[J]. *植物遗传资源学报*, 2007, 8(3): 366-372
- [8] 张军,赵团结,盖钧镒. 大豆育成品种农艺性状 QTL 与 SSR 标记的关联分析[J]. *作物学报*, 2008, 34(12): 2059-2069
- [9] 于海霞,肖静,田纪春,等. 关联分析及其在植物中的应用[J]. *基因组学和应用生物学*, 2009, 28(1): 187-194
- [10] 宗绪晓,王志刚,关建平. 豌豆种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社, 2005
- [11] Dellaporta S L, Wood J, Hicks J B. A plant DNA mini preparation: Version II [J]. *Plant Mol Biol*, 1983, 1: 19-21
- [12] Doyle J J, Doyle J I. Isolation of plant DNA from fresh tissue[J]. *Focus*, 1990, 12: 149-151
- [13] Flint-Garcia S A, Thornsberry J M, Buckler E S. Structure of linkage disequilibrium in plants[J]. *Annu Rev Plant Biol*, 2003, 54: 357-374
- [14] Edward B. I Maize Diversity Research [M/OL]. (2007-01-30) [2007-09-08]. <http://www.maizegenetics.net/bioinformatics>
- [15] 文自翔,赵团结,郑永战,等. 中国栽培和野生大豆农艺品质性状与 SSR 标记的关联分析 I. 群体结构及关联标记[J]. *作物学报*, 2008, 34(7): 1169-1178
- [16] Hansen M, Kraft T, Ganestam S, et al. Linkage disequilibrium mapping of yield and yield stability in modern spring barley cultivars[J]. *Genetics*, 2004, 168: 435-446
- [17] Breseghello F, Sorrells M E. Association mapping of kernel size and milling quality in wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars[J]. *Genetics*, 2006, 172: 1165-1177

欢迎订阅 2012 年《中国农业科学》中、英文版

《中国农业科学》中、英文版由农业部主管、中国农业科学院主办。主要刊登农牧业基础科学和应用基础科学研究论文、综述、简报等。设有作物遗传育种;耕作栽培·生理生化;植物保护;土壤肥料·节水灌溉·农业生态环境;园艺;园林;贮藏·保鲜·加工;畜牧·兽医等栏目。

《中国农业科学》英文版拟于 2012 年 1 月更名为 *Journal of Integrative Agriculture*。

中文版每月 1、16 日出版,定价 49.50 元,全年 1188.00 元,邮发代号:2-138,国外代号:BM43。

英文版每月 20 日出版,国内订价 36.00 元,全年 432.00 元,邮发代号:2-851,国外代号:1591M。

地址:(100081)北京 中关村南大街 12 号《中国农业科学》编辑部;电话:010-82109808, 82106280, 82106281, 82106282;传真:010-82106247;网址:www.ChinaAgriSci.com; E-mail:zgnykx@mail.caas.net.cn

欢迎订阅 2011 年《中国水稻科学》、《水稻科学(英文版)》

《中国水稻科学》(ISSN 1001-7216, CN 33-1146/S)为中国水稻研究所主办的全国性学术期刊,主要报道以水稻为研究对象的未经发表的原始论文。所设栏目包括研究报告、研究简报、研究快报、研究简讯、实验技术、学术专论、文献综述等。同时,还办有姊妹刊《Rice Science》(水稻科学,英文版)(ISSN 1672-6308, CN 33-1317/S)。

双月刊,定价 20.00 元,全年 120.00 元,邮发代号 32-94,国外代号 Q6533。读者可在各地邮政局订阅,也可向编辑部订阅。《水稻科学(英文版)》为季刊,定价 10.00 元,全年 40.00 元,自办发行,请读者直接向编辑部订阅。

地址:(310006)杭州市体育场路 359 号中国水稻研究所内;电话:0571-63370278, 63371017; E-mail: cjr@263.net, crrn@fy.hz.zj.cn

豌豆种质表型性状SSR标记关联分析

作者: [顾竟](#), [李玲](#), [宗绪晓](#), [王海飞](#), [关建平](#), [杨涛](#), [GU Jing](#), [LI Ling](#), [ZONG Xu-xiao](#), [WANG Hai-fei](#), [GUAN Jian-ping](#), [YANG Tao](#)

作者单位: [顾竟,宗绪晓,王海飞,关建平,杨涛, GU Jing, ZONG Xu-xiao, WANG Hai-fei, GUAN Jian-ping, YANG Tao\(中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程,北京,100081\)](#), [李玲, LI Ling\(辽宁省农业科学院经济作物研究所,辽阳,111000\)](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) **ISTIC PKU**

英文刊名: [Journal of Plant Genetic Resources](#)

年,卷(期): 2011,12(6)

参考文献(17条)

1. [宗绪晓;王志刚;关建平 豌豆种质资源描述规范和数据标准](#) 2005
2. [Breseghello F;Sorrells M E Association mapping of kernel size and milling quality in wheat\(Triticum aestivum L.\) cultivars](#) 2006
3. [Hansen M;Kraft T;Ganestam S Linkage disequilibrium mapping of yield and yield stability in modern spring barley cultivars](#) 2004
4. [文自翔;赵团结;郑永战 中国栽培和野生大豆农艺品质性状与SSR标记的关联分析 I. 群体结构及关联标记](#) 2008(07)
5. [Edward B I Maize Diversity Research](#) 2007
6. [于海霞;肖静;田纪春 关联分析及其在植物中的应用\[期刊论文\]-基因组学和应用生物学](#) 2009(01)
7. [张军;赵团结;盖钧镒 大豆育成品种农艺性状QTL与SSR标记的关联分析\[期刊论文\]-作物学报](#) 2008(12)
8. [王荣焕;王天宇;黎裕 关联分析在作物种质资源分子评价中的应用\[期刊论文\]-植物遗传资源学报](#) 2007(03)
9. [杨小红;严建军;郑艳萍 植物数量性状关联分析研究进展\[期刊论文\]-作物学报](#) 2007(04)
10. [Flint-Garcia S A;Thornsberry J M;Buckler E S Structure of linkage disequilibrium in plants\[外文期刊\]](#) 2003
11. [Doyle J J;Doyle J I Isolation of plant DNA from fresh tissue](#) 1990
12. [Dellaporta S L;Wood J;Hicks J B A plant DNA mini preparation:Version II \[外文期刊\]](#) 1983
13. [Yu J;Edward S B Genetic association mapping and genome organization of maize\[外文期刊\]](#) 2006(2)
14. [Flint-Garcia S A;Thornsberry J M;Buckler E S Structure of linkage disequilibrium in plants\[外文期刊\]](#) 2003
15. [Maccaferri M;Sanguineti M C;Enrico N Population structure and long-range linkage disequilibrium in a durum wheat elite collection\[外文期刊\]](#) 2005
16. [Eizenga G C;Agrama H A;Lee F N Identifying novel resistance genes in newly introduced blast resistant rice germplasm\[外文期刊\]](#) 2006
17. [Flint-Garcia S A;Thuillet A;Yu J Maize association population:A high resolution platform for QTL dissection\[外文期刊\]](#) 2005

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201106001.aspx