

# 甘薯与牵牛 EST 资源的 SSR 信息分析

兰孟焦, 吴问胜, 王瑞珍, 赵朝森, 赵现伟

(江西省农业科学院作物研究所, 南昌 330200)

**摘要:**为挖掘番薯(*Ipomoea*)属 EST-SSR 资源,从 NCBI 数据库下载 23406 条甘薯(*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) EST 和 62282 条牵牛(*Ipomoea nil* (L.) Roth) EST,利用生物信息学软件预处理、去冗余、拼接后得到 12812 条无冗余的甘薯 EST(6.70 Mb)和 28422 条牵牛唯一序列(17.19 Mb)。对这些序列进行 SSR 搜索,在甘薯上获得 328 个 SSR 位点,出现频率为 2.56%;牵牛上筛选到 962 个 SSR 位点,出现频率为 3.38%。甘薯和牵牛 EST-SSR 具有多个共同特征:在 SSR 位点中,主要是二核苷酸重复类型,其次是三核苷酸重复;在二核苷酸重复中,出现最多的重复基序为 AG/CT,其次是 AT/AT;在三核苷酸重复中,主要基序是 AAG/CCT;SSR 位点的长度主要集中在 20~22 bp。结果表明,搜索出的 EST-SSR 重复基序类型丰富、多态性潜能高,具有较高的开发和利用价值。

**关键词:**番薯属;甘薯;牵牛;EST;SSR 信息

## Analysis of SSR Information in EST Resource of *Ipomoea batatas* (L.) Lam. and *Ipomoea nil* (L.) Roth

LAN Meng-jiao, WU Wen-sheng, WANG Rui-zhen, ZHAO Chao-sen, ZHAO Xian-wei

(Institute of Crops, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200)

**Abstract:** To excavate the EST-SSR resources of *Ipomoea*, 12812 non-redundant ESTs with the total length about 6.70 Mb were obtained by assembling 23406 ESTs from *Ipomoea batatas* (L.) Lam. in NCBI. With the same way, 28422 unique sequences covering 17.19 Mb were generated from *Ipomoea nil* (L.) Roth. A total of 328 SSR loci for *Ipomoea batatas* with the the frequency of 2.56% and 962 SSR loci for *Ipomoea nil* with the frequency of 3.38% were identified by MISA. The EST-SSRs from *Ipomoea batatas* and *Ipomoea nil* had many common features. Among all the identified SSRs, dinucleotide repeats were dominant motifs and then were trinucleotide repeats. For dinucleotide repeats, AG/CT was the major motif, followed by AT/AT. And AAG/CCT was the most frequent motif among the trinucleotide repeats. The length of EST-SSRs was mainly distributed among 20-22 bp. The results indicated that these EST-SSRs with abundant repeat motif types and high potential polymorphism had high value for exploitation and utilization.

**Key words:** *Ipomoea*; *Ipomoea batatas*; *Ipomoea nil*; EST; SSR information

甘薯(*Ipomoea batatas* (L.) Lam.)是我国继水稻、玉米和小麦之后的第四大粮食作物,也是重要的饲料、工业原料和新型能源作物<sup>[1]</sup>。目前, RAPD、AFLP、ISSR 和 SRAP 等分子标记技术开始应用于甘

薯遗传图谱构建<sup>[2-4]</sup>、种质资源遗传多样性分析<sup>[5-8]</sup>、品种鉴定<sup>[9-10]</sup>、重要性状的基因定位<sup>[11-13]</sup>以及辅助育种<sup>[14-15]</sup>等方面研究。简单序列重复(SSR, simple sequence repeats)具有等位变异丰富、多态性

收稿日期:2013-01-12 修回日期:2013-02-27 网络出版日期:2013-08-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130809.1354.015.html>

基金项目:江西省农业科学院创新基金(2012CQN005);现代农业产业技术体系建设专项(CARS-11-C-08)

第一作者研究方向为甘薯遗传育种。E-mail:lanmj100@163.com

通信作者:吴问胜,研究方向为甘薯育种与栽培。E-mail:jxwenshengwu@163.com

高、共显性遗传、重复性高、稳定可靠、检测便捷以及广泛分布于整个基因组等特性,在甘薯遗传育种中具有广阔的应用前景。由于基因组 SSR (gSSR, genomic SSR) 分子标记开发需经基因组文库构建、探针制备和分子杂交等繁琐过程,开发成本高,费事费力,限制了其在甘薯上的发展和应用。相比而言,基于公共数据库已登录的表达序列标签 (EST, expressed sequence tag) 直接开发 EST-SSR 引物,是一种相对高效、低耗成本的新途径。EST-SSR 反映的是基因的编码区域,因此可能作为绝对的标记鉴定功能基因和辅助选择<sup>[16]</sup>。EST-SSR 位点多源于比较保守的转录区,在相关物种间具有很高的可转移性和通用性。在不同属的小麦与大麦、玉米、水稻<sup>[17]</sup>,高羊茅与水稻、小麦<sup>[18]</sup>,大豆与花生<sup>[19]</sup>,芸薹属中白菜与油菜<sup>[20]</sup>,黄瓜属的黄瓜与甜瓜<sup>[21]</sup>等属种间均发现可转移和通用的 EST-SSR,但番薯属种间 EST-SSR 可转移性和通用性的研究尚未见相关文献报道。

鉴于目前已公开报道的甘薯 SSR 引物数量有限,仅为 1100 对左右<sup>[22-26]</sup>,本研究利用生物信息学技术对 NCBI 数据库已登录的番薯属 (*Ipomoea*) 中 23406 条甘薯 EST 序列和 62282 条牵牛 (*Ipomoea nil* (L.) Roth) EST 序列进行 SSR 信息分析,掌握 SSR 在番薯属甘薯与牵牛 EST 上的分布特点,为进一步建立甘薯 EST-SSR 标记、鉴定番薯属 EST-SSR 的可转移性和通用性奠定理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 EST 序列来源、预处理与拼接

甘薯与牵牛 EST 序列源自 NCBI 数据库 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbest>)。用 est\_trimmer 软件 ([http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/download/est\\_trimmer.pl](http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/download/est_trimmer.pl)) 对 EST 序列进行预处理,去除 mRNA 的 5' 或 3' 端 50 bp 的 ploy T 或 ploy A 以及长度小于 100 bp 的 EST 序列;对于长度超过 700 bp 的 EST 序列,保留其 5' 端 700 bp。

EST 序列预处理后,通过软件 CD\_HIT (<http://www.bioinformatics.org/cd-hit/>) 批量去冗余。采用软件 CAP3 (<http://seq.cs.iastate.edu/capdownload.html>) 进行片段重叠群分析和聚类,将去冗余后的 EST 序列组装成唯一序列 (重叠群和单个序列),拼接时设定初始装配参数为默认值。

### 1.2 EST-SSR 位点搜索

利用 misa 软件 (<http://pgrc.ipk-gatersleben.de/misa/>) 对组装后的 EST 唯一序列进行 SSR 位点

搜索。SSR 识别标准为:长度  $\geq 20$  bp,即二、三、四、五、六核苷酸基序重复次数分别大于或等于 10、7、5、4、4;同时,筛选中间被少数碱基 (间隔长度  $\leq 100$  bp) 打断的复合型 SSR<sup>[27-28]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 甘薯与牵牛 EST 序列信息

截至 2012 年 9 月 1 日,已登录 23406 条甘薯 EST 序列和 62282 条牵牛 EST 序列,其中甘薯 EST 序列分别来自于 13 个不同的 cDNA 文库,构建材料包括块根、叶片、悬浮细胞和试管植株等;牵牛 EST 序列来自于 2 个 cDNA 文库,构库材料分别为幼芽、花与花蕾混合物。

从 NCBI 数据库下载全部已登录的甘薯和牵牛 EST 序列。经 est\_trimmer 软件预处理和 CD\_HIT 软件去冗余后,用 CAP3 软件对来自于甘薯和牵牛的 EST 序列分别进行组装。组装后甘薯获得了 12812 个唯一序列,序列总长为 6695.61 kb,其中包括 3165 个重叠群和 9647 个单一序列;牵牛共产生了 28422 个唯一序列,总长度为 17191.78 kb,包括 11942 个重叠群和 16480 个单一序列。

表 1 显示,甘薯 EST 序列冗余率低于牵牛,说明甘薯 EST 序列更具代表性,而牵牛 EST 序列中可能含有更多的高丰度表达基因。

表 1 甘薯和牵牛 EST 序列在组装前后的信息

Table 1 Information on the ESTs of *Ipomoea batatas* and *Ipomoea nil* before and after being assembled

序列信息 Sequence information	甘薯 <i>Ipomoea batatas</i>	牵牛 <i>Ipomoea nil</i>
EST 序列数量 No. of ESTs	23406	62282
重叠群数量 No. of Contigs	3165	11942
单一序列数量 No. of Singletons	9647	16480
总唯一序列数量 Total number of Unigene	12812	28422
平均长度 (bp) Mean length	522	604
序列总长度 (kb) Total length	6695.61	17191.78
平均冗余率 (%) Mean redundancy rate	45.26	54.37

### 2.2 EST-SSR 出现的频率

在甘薯 12812 个唯一序列中搜索到 328 个 SSR 位点,分布于 319 个唯一序列上,其中 9 条含有 1 个以上 SSR 位点。从总体分布来看,甘薯 EST-SSR 出现的频率为 2.56%,平均每 20.41 kb 出现 1 个 SSR。

在 28422 个牵牛唯一序列中筛选到分布于 936

个唯一序列上的 962 个 SSR 位点, 占总唯一序列的 3.29%。

EST-SSR 出现的频率为 3.38%, 平均分布距离为 17.87 kb(表 2)。

表 2 甘薯和牵牛 EST 中 SSR 出现频率

Table 2 Occurrence frequency of SSRs in ESTs of *Ipomoea batatas* and *Ipomoea nil*

参数	甘薯	牵牛
Parameters	<i>Ipomoea batatas</i>	<i>Ipomoea nil</i>
SSR 数目 No. of SSRs	328	962
含 SSR 的 ESTs 数目	319	936
No. of ESTs containing SSR		
含有 1 个以上 SSR 位点的序列数目	9	26
No. of ESTs containing more than 1 SSR		
复合 SSR 数目	5	20
No. of SSRs present in compound formation		
SSR 位点频率(%)	2.56	3.38
Occurrence frequency of SSRs		
SSR 平均距离(kb) Mean distance of SSRs	20.41	17.87

SSR 位点频率(%) = SSR 位点数量/无冗余 EST 数量 × 100%

Occurrence frequency of SSRs = No. of SSRs/No. of non-redundant ESTs × 100%

表 3 基于重复基序大小的甘薯和牵牛 EST-SSR 分布

Table 3 Distribution of EST-SSRs of *Ipomoea batatas* and *Ipomoea nil* based on motif size

重复类型	甘薯 <i>Ipomoea batatas</i>				牵牛 <i>Ipomoea nil</i>			
	SSR 数目	占全部 SSR 比例(%)	出现频率(%)	平均分布距离(kb)	SSR 数目	占全部 SSR 比例(%)	出现频率(%)	平均分布距离(kb)
Type of repeat	No. of SSR	Proportion in all SSR	Occurrence frequency	Mean distance	No. of SSR	Proportion in all SSR	Occurrence frequency	Mean distance
二核苷酸	146	44.51	1.14	45.86	391	40.64	1.37	43.97
Dinucleotide								
三核苷酸	68	20.73	0.53	98.46	275	28.59	0.97	62.52
Trinucleotide								
四核苷酸	34	10.37	0.27	196.93	85	8.84	0.30	202.26
Tetranucleotide								
五核苷酸	49	14.94	0.38	136.65	113	11.75	0.40	152.14
Pentanucleotide								
六核苷酸	31	9.45	0.24	215.99	98	10.19	0.34	175.43
Hexanucleotide								

ATT(21 个, 占 6.40%) 和 AAAGCC/CTTTGG(10 个, 占 3.05%), 其余 64 种重复基序所占比例较小, 均不超过 3.00%(图 1)。

牵牛 EST-SSR 种类较丰富, 包含 128 种重复基序, 其中二、三、四、五、六核苷酸重复基序分别有 4、

## 2.3 甘薯和牵牛 EST-SSR 的分布特征

### 2.3.1 EST-SSR 的优势重复类型

所有甘薯 EST-SSR 中, 二核苷酸和三核苷酸为优势重复类型, 共占全部 EST-SSR 的 65.24%, 其中二核苷酸重复类型所占比例最大(146 个, 占总 EST-SSR 的 44.51%), 三核苷酸重复类型次之(68 个, 占 20.73%)。其余长度重复类型所占比例高低依次排序为五核苷酸(49 个, 占 14.94%)、四核苷酸(34 个, 占 10.37%)、六核苷酸(31 个, 占 9.45%)。

在牵牛 EST-SSR 中, 同样是二核苷酸重复类型所占比例最大, 为 40.64%, 其次是三核苷酸(275 个, 占 28.59%)。其余重复类型所占比例较小, 四核苷酸重复类型所占比例为 8.84%, 五核苷酸占 11.75%, 六核苷酸占 10.19%(表 3)。

### 2.3.2 EST-SSR 的优势重复基序

在搜索出的甘薯 EST-SSR 中, 共观察到 69 种重复基序, 二、三、四、五、六核苷酸重复分别含有 3、8、12、26 和 20 种基序类型。出现频率最高的 5 种重复基序依次为 AG/CT(96 个, 占总 EST-SSR 的 29.27%)、AT/AT(45 个, 占 13.72%)、AAG/CTT(24 个, 占 7.32%)、AAT/

10、18、44 和 52 种基序类型。出现最多的重复基序是 AG/CT(345 个, 占总 EST-SSR 的 35.86%), 其次是 AAG/CTT(152 个, 占 15.80%) 和 AT/AT(39 个, 占 4.05%), 其余 125 种重复基序占 44.28%(每种重复基序均不超过 3.00%)(图 2)。

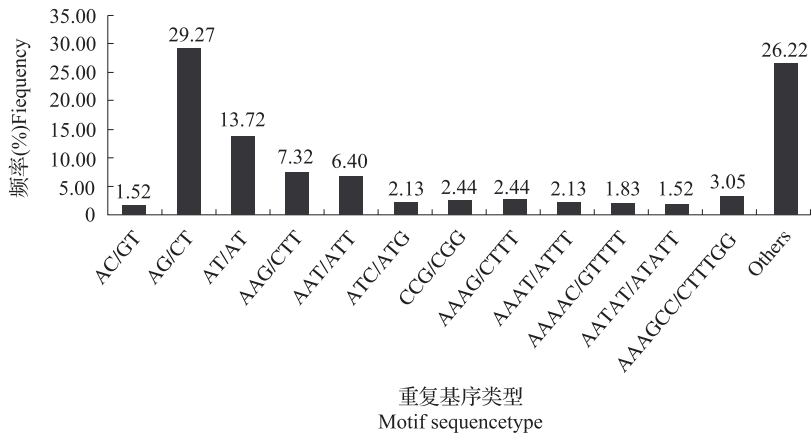


图 1 甘薯 EST-SSR 基序类型分布图

Fig. 1 Frequency distribution of *Ipomoea batatas* based on motif sequence type

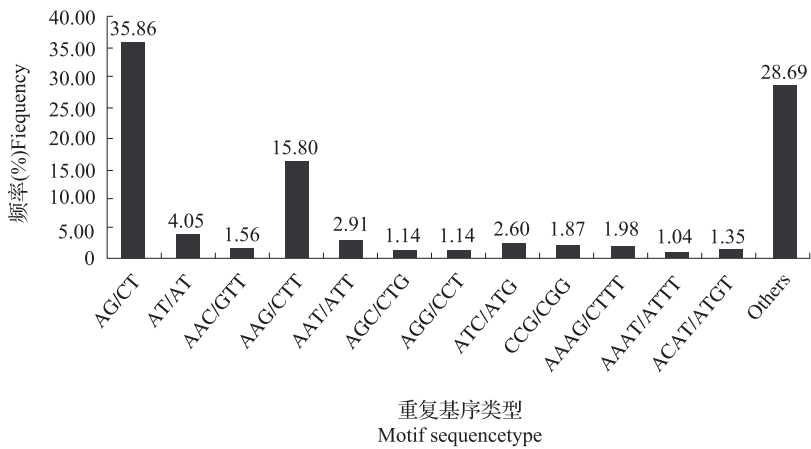


图 2 牵牛 EST-SSR 基序类型分布图

Fig. 2 Frequency distribution of *Ipomoea nil* based on motif sequence type

2.3.3 EST-SSR 基序重复长度 从表 4 可以看出,二至六核苷酸重复类型的甘薯 EST-SSR 的位点长度变化范围差异很大,二核苷酸长度变化范围最大(20 ~ 106 bp)、五核苷酸长度变化范围最

小(20 ~ 35 bp);从各重复类型平均长度来看,二核苷酸最长(30.59 bp),其次是三核苷酸(25.24 bp)、六核苷酸(25.03 bp)、四核苷酸(22.00 bp)、五核苷酸(21.98 bp)。

表 4 番薯属 EST-SSR 基序重复长度

Table 4 The repeat length of EST-SSRs of *Ipomoea* (bp)

重复类型 Type of repeat	甘薯 <i>Ipomoea batatas</i>		牵牛 <i>Ipomoea batatas</i>	
	变化范围 Variation	平均长度 Average	变化范围 Variation	平均长度 Average
二核苷酸 Dinucleotide	20 ~ 106	30.59	20 ~ 56	25.48
三核苷酸 Trinucleotide	21 ~ 60	25.24	21 ~ 72	24.94
四核苷酸 Tetranucleotide	20 ~ 40	22.00	20 ~ 44	21.67
五核苷酸 Pentanucleotide	20 ~ 35	21.98	20 ~ 35	21.14
六核苷酸 Hexanucleotide	24 ~ 42	25.03	24 ~ 36	25.24

在牵牛 EST-SSR 中,三核苷酸重复类型长度变化范围最大(21 ~ 72 bp),六核苷酸变化范围最小(24 ~ 36 bp);二核苷酸重复类型 EST-SSR 位点平均长度最长,为 25.48 bp,五核苷酸重复类型最短

(21.14 bp)。

总体来看,大部分甘薯和牵牛 EST-SSR 的位点长度主要集中在 20 ~ 22 bp,其次分布在 24 ~ 26 bp 长度范围内(图 3)。

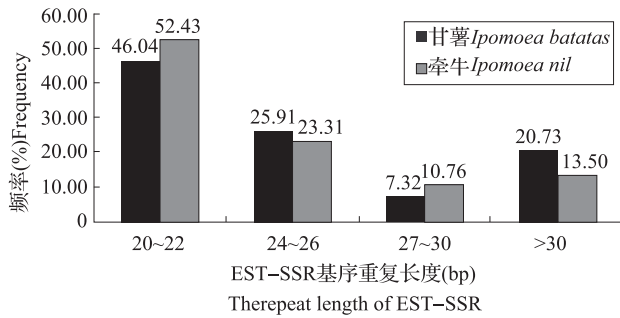


图3 番薯属 EST-SSR 基序重复长度分布图

Fig. 3 Frequency distribution of repeat length of EST-SSRs

### 3 讨论

对 12812、62282 条组装后的甘薯、牵牛无冗余 EST 序列进行搜索,在 319、936 条 EST 上分别搜索到 328、962 个 SSR,含 SSR 位点的序列占无冗余 EST 总数的 2.49% 和 3.29%,这一结果与 EST 文库中 2% 以上 EST 序列都含有 SSR 的推测相符<sup>[29]</sup>。甘薯和牵牛 EST-SSR 平均分布距离分别为 20.41 kb 和 17.87 kb,两者平均距离仅低于玉米(28.30 kb)、大豆(23.80 kb;22.96 kb)<sup>[27,30]</sup> 和小麦(34.02 kb)<sup>[28]</sup>,而远高于白菜(3.90 kb)<sup>[31]</sup>、大麦(4.30 kb)<sup>[32]</sup>、6.80 kb<sup>[33]</sup>、木薯(6.02 kb)<sup>[34]</sup>、花生(7.30 kb)<sup>[35]</sup>、咖啡(7.70 kb)<sup>[36]</sup> 等作物。这一结果的差异除了与物种间基因组差异、EST 序列数量及来源、EST 序列是否预处理有关外,还受 SSR 搜索软件算法、搜索标准的影响。研究表明<sup>[37-39]</sup>,当 SSR 长度大于等于 20 bp 时,SSR 引物在不同品种间扩增时呈较高的多态性,而长度小于 20 bp 时其多态性则会降低。本研究将搜索标准设置为  $SSR \geq 20$  bp,这样严格的筛选标准虽然会降低 SSR 的出现频率,但获得的 EST-SSR 为多态性潜能高的 SSR。如果把搜索标准设置为  $SSR \geq 18$  bp,将搜索到 557、1798 个甘薯和牵牛 SSR 位点,平均距离则分别为 12.02 kb 和 9.56 kb。

在甘薯和牵牛 EST-SSR 中,最多的是二核苷酸重复类型,其次是三核苷酸,这与报道的大豆<sup>[27]</sup>、小麦<sup>[28]</sup>、木薯<sup>[34]</sup>、烟草<sup>[40]</sup> 和蓖麻<sup>[41]</sup> 等的结果一致。而黄立飞等<sup>[42]</sup> 对总长度为 5.09 Mb 的 9204 条甘薯唯一 EST 序列进行分析时发现,六核苷酸重复类型比例最高(30.96%),其次是三核苷酸(29.59%)和二核苷酸(24.54%),这些结果的差异可能与其采用  $SSR \geq 18$  bp 的搜索标准有关。如果按照  $SSR \geq 18$  bp 的标准进行搜索,甘薯 EST-

SSR 二、三、四、五、六核苷酸重复比例为 26.21%、27.83%、6.10%、8.80% 和 31.06%,与其结果类似。S. Dreisigacker 等<sup>[43]</sup> 认为低级基序的 SSR 多态性比高级基序的高,本研究筛选到番薯属甘薯和牵牛 EST-SSR 大部分属于高潜能多态性的低级基序 SSR,具有较高的开发和利用价值。

在二核苷酸重复中,AG/CT 出现频率最高(29.27% 和 35.86%)。此结果与大麦<sup>[33]</sup>、油菜<sup>[44]</sup> 和甘蓝<sup>[45]</sup> 等作物报道结果相同。AAG/CCT 是三核苷酸重复中出现最多的基序类型,本研究所得结果验证了 AAG/CCT 在双子叶植物中表现高丰度重复的推测<sup>[30]</sup>。

本研究结果为进一步建立甘薯 EST-SSR 标记、鉴定牵牛 EST-SSR 在甘薯上是否通用提供理论数据。若证实牵牛 EST-SSR 在甘薯上可转移,对于快速、高效地增加甘薯 SSR 标记数量,促进甘薯分子育种具有重要的意义。

### 参考文献

- [1] 刘庆昌. 甘薯在我国粮食和能源安全中的重要作用[J]. 科技导报,2004(9):21-22
- [2] Thompson P G, Hong L L, Ukoskit K, et al. Genetic linkage of randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in sweet potato[J]. J Am Soc Hortic Sci,1997,122(1):79-82
- [3] Cervantes-Flores J C, Yencho G C, Krieger A, et al. Development of a genetic linkage map and identification of homologous linkage groups in sweetpotato using multiple-dose AFLP markers[J]. Mol Breeding,2008,21(4):511-532
- [4] 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
- [5] Zhang D P, Ghislain M, Huamán Z, et al. RAPD variation in sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) cultivars from South America and Papua New Guinea[J]. Genet Resour Crop Ev, 1998,45(3):271-277
- [6] Fajardo D S, LaBonte D R, Jarret R L. Identifying and selecting for genetic diversity in Papua New Guinea sweetpotato *Ipomoea batatas* (L.) Lam. germplasm collected as botanical seed[J]. Genet Resour Crop Ev,2002,49(5):463-470
- [7] 贺学勤,刘庆昌,瞿红,等. 用 RAPD、ISSR 和 AFLP 标记分析系谱关系明确的甘薯品种的亲缘关系[J]. 作物学报,2005,31(10):1300-1304
- [8] Elameen A, Fjellheim S, Larsen A, et al. Analysis of genetic diversity in a sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) germplasm collection from Tanzania as revealed by AFLP[J]. Genet Resour Crop Ev,2008,55(3):397-408
- [9] McGregor C, Greyling M, Banda J, et al. DNA fingerprinting of sweetpotato (*Ipomoea batatas* L.): two case studies in Africa[J]. Acta Hortic,2001,546:243-248
- [10] 王晶珊,孙世孟,王维华,等. 甘薯同一不亲和群内品种间体细胞杂种[J]. 植物学通报,2004,21(3):306-311
- [11] 吴洁,谭文芳,何俊蓉,等. 甘薯 SRAP 连锁图构建淀粉含量 QTL 检测[J]. 分子植物育种,2005,3(6):841-845
- [12] 蒲志刚,王大一,谭文芳,等. 利用 AFLP 构建甘薯连锁图及淀粉含量 QTL 定位[J]. 西南农业学报:自然科学版,2010,23(4):1047-1050
- [13] 唐茜,何凤发,王季春,等. 甘薯 SRAP 遗传图谱构建及淀粉含量

- QTL 初步定位[J]. 西南农业大学学报,2010,32(6):40-45
- [14] 袁照年,陈选阳,张招娟,等. 甘薯抗 I 型薯瘟病的 RAPD 标记筛选[J]. 江西农业大学学报,2005,27(6):861-863
- [15] 周忠,王欣,马代夫,等. 甘薯抗茎线虫病基因的 RAPD 分子标记[J]. 农业生物技术学报,2005,13(5):549-552
- [16] Gupta P K, Rustgi S. Molecular markers from the transcribed/expressed region of the genome in higher plants[J]. Funct Integr Genomic,2004,4(3):139-162
- [17] Yu J K, LaRota M, Kantety R V, et al. EST derived SSR markers for comparative mapping in wheat and rice[J]. Mol Genet Genomic,2004,271(6):742-751
- [18] Saha M C, Mian M A R, Eujayl I, et al. Tall fescue EST-SSR markers with transferability across several grass species[J]. Theor Appl Genet,2004,109(4):783-791
- [19] He G H, Woullard F E, Marong I, et al. Transferability of soybean markers in peanut (*Arachis hypogaea* L.) [J]. Peanut Sci,2006,33:22-28
- [20] 忻雅,崔海瑞,张明龙,等. 白菜 EST-SSR 标记的通用性[J]. 细胞生物学杂志,2006,28(2):248-252
- [21] 孔秋生. 基于公共序列数据库的 Cucumis 属 EST-SSR 标记的鉴定、开发和利用[D]. 武汉:华中农业大学,2006
- [22] Buteler M I, Jarret R L, Labonte D R, et al. Sequence characterization of microsatellites in diploid and polyploid *Ipomoea* [J]. Theor Appl Genet,1999,99:123-132
- [23] Hu J J, Nakatani M, Mizuno K, et al. Development and characterization of microsatellite markers in sweetpotato[J]. Breeding Sci,2004,54(2):177-188
- [24] Schafleitner R, Tincopa L R, Palomino O, et al. A sweetpotato gene index established by de novo assembly of pyrosequencing and Sanger sequences and mining for gene-based microsatellite markers[J]. BMC Genomics,2010,11:604
- [25] Wang Z Y, Fang B P, Chen J Y, et al. De novo assembly and characterization of root transcriptome using Illumina paired-end sequencing and development of cSSR markers in sweetpotato (*Ipomoea batatas*) [J]. BMC Genomics,2010,11:726
- [26] Wang Z Y, Li J, Luo Z X, et al. Characterization and development of EST-derived SSR markers in cultivated sweetpotato (*Ipomoea batatas*) [J]. BMC Plant Biol,2011,11:139
- [27] 洪彦彬,陈小平,刘海燕,等. 源于大豆 EST 的花生属 (*Arachis*) 同源 SSR 标记的开发及利用[J]. 作物学报,2010,36(3):410-421
- [28] 潘海涛,汪俊君,王盈盈,等. 小麦 EST-SSR 标记的开发和遗传作图[J]. 中国农业科学,2010,43(3):452-461
- [29] Cordeiro G M, Casu R, McIntyre C L, et al. Microsatellite markers from sugarcane (*Saccharum* spp.) ESTs cross transferable to erianthus and sorghum[J]. Plant Sci,2001,160:1115-1123
- [30] Gao L F, Tang J F, Li H W, et al. Analysis of microsatellites in major crops assessed by computational and experimental approaches[J]. Mol Breeding,2003,12:245-261
- [31] 葛佳,谢华,崔崇士,等. 大白菜表达序列标签 SSR 标记分析[J]. 农业生物技术学报,2005,13(4):423-428
- [32] Varshney R K, Grosse I, Hähnel U, et al. Genetic mapping and BAC assignment of EST-derived SSR markers shows non-uniform distribution of genes in the barley genome[J]. Theor Appl Genet,2006,113:239-250
- [33] Thiel T, Miehalek W, Varshney R K, et al. Exploiting EST database for the development and characterization of gene-derived SSR-markers in barley (*Hordeum vulgare* L.) [J]. Theor Appl Genet,2003,106:411-422
- [34] 彭丁文,郑柳城,朱宏波. 木薯 EST 资源的 SSR 信息分析[J]. 中国农学通报,2008,24(2):433-436
- [35] Liang X Q, Chen X P, Hong Y B, et al. Utility of EST-derived SSR in cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) and *Arachis* wild species[J]. BMC Plant Biol,2009,9:35
- [36] Poncet V, Rondeau M, Tranchant C, et al. SSR mining in coffee tree EST databases: potential use of EST-SSRs as markers for the coffee genus[J]. Mol Genet Genomics,2006,276:436-449
- [37] Weber J L. Informativeness of human (dC-dA)<sub>n</sub> (dG-dT)<sub>n</sub> polymorphisms[J]. Genomics,1990,7:524-530
- [38] Cho Y G, Ishii T, Temnykh S, et al. Diversity of microsatellites derived from genomic libraries and GenBank sequences in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet,2000,100:713-722
- [39] Temnykh S, Park W D, Ayers N, et al. Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet,2000,100:697-712
- [40] 赵世浩. 烟草 EST-SSR 标记的建立及其应用[D]. 长沙:湖南农业大学,2007
- [41] Pranavi B, Sitaram G, Yamini K N, et al. Development of EST - SSR markers in castor bean (*Ricinus communis* L.) and their utilization for genetic purity testing of hybrids[J]. Genome,2011,54:684-691
- [42] 黄立飞,房伯平,陈景益,等. 甘薯 EST 资源的 SSR 信息分析[J]. 植物生理学通讯,2009,45(1):23-27
- [43] Dreisigacker S, Zhang P, Warburton M L, et al. SSR and pedigree analyses of genetic diversity among CIMMYT wheat lines targeted to different mega environments[J]. Crop Sci,2004,44:381-388
- [44] 李小白,张明龙,崔海瑞. 油菜 EST 资源的 SSR 信息分析[J]. 中国油料作物学报,2007,29(1):20-25
- [45] 陈琛,庄木,李康宁,等. 甘蓝 EST-SSR 标记的开发与应用[J]. 园艺学报,2010,37(2):221-228

## 2014 年《草地学报》征订启事

《草地学报》是中国科协主管、中国草学会主办、中国农业大学承办的学术刊物。主要刊登国内外草地科学研究及相关领域的新成果、新理论、新进展,以研究论文为主,兼发少量专稿、综述、简报和硕博学位论文摘要,面向从事草地科学、草地生态、草地畜牧业和草坪业及相关领域的高校师生和科研院、所、站的科研人员。本刊从 2012 年 6 月 20 日正式开始在线投稿和审稿和查阅。

本刊为中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国农业核心期刊、RCCSE 中国权威学术刊物。并被美国 CA、英国 CABI 等机构检索,被中国科学引文数据库(CSCD)、中国核心期刊(遴选)数据库等收录。2012 年进入中国科协精品科技期刊项目。

双月刊,全铜版印刷,彩色四封,逢单月月末出版,国内外公开发行(国内邮发代号:80-135;国外代号:Q1949),从 2014 年起每期定价将调整至 25 元,全年 150 元。若错过邮订时间,可直接向本刊编辑部订购(中国草学会会员订阅可优惠 30%)。

地址:(100193)北京市海淀区圆明园西路 2 号中国农业大学动科大楼 152 室

电话:010-62733894

http://www.cdxb.org

E-mail:cdxb@cau.edu.cn