

河北省花生地方品种基于 EST-SSR 的遗传多样性及性状-标记相关分析

胡宏霞,穆国俊,侯名语,陈焕英,崔顺立,何美敬,刘立峰

(河北农业大学农学院/教育部华北作物种质资源实验室/河北省作物种质资源重点实验室,保定 071001)

摘要:利用 215 对 EST-SSR 引物对 70 份河北省花生地方品种的遗传多样性进行了检测,结果表明,58 对引物在不同材料间具有多态性,多态性引物比率为 26.98%。共扩增出 168 个位点,其中 156 个为多态性位点;不同 EST-SSR 的多态性信息量(PIC)变幅为 0.0630~0.9825,平均为 0.5244。聚类分析结果表明,在阈值为 8.00 时,可以将各地方品种明显分为 2 大类,第 I 类群包含所有普通型材料,第 II 类群包含所有珍珠豆型和多粒型。标记-性状相关分析获得了与 5 个农艺性状显著相关的标记 12 对,可以应用于花生育种中农艺性状的分子标记辅助选择。

关键词:花生;地方品种;EST-SSR;遗传多样性;相关分析

Genetic Diversity and Marker-Trait Analysis for the Peanut Landraces in Hebei Based on EST-SSR Markers

HU Hong-xia, MU Guo-jun, HOU Ming-yu, CHEN Huan-ying, CUI Shun-li, HE Mei-jing, LIU Li-feng

(Key Laboratory of Crop Germplasm Resources of Hebei Province/Laboratory of Crop Germplasm Resources for Northern China, Ministry of Education/College of Agronomy, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001)

Abstract: The genetic diversity of 70 accessions of peanut landraces in Hebei was evaluated by 215 pairs of EST-SSR primers. The results showed that 58 pairs of EST-SSR primers were polymorphic. One hundred and sixty eight alleles were detected, of which 156 were polymorphic. The polymorphic information content (PIC) of each primer varied from 0.0630-0.9825 with an average of 0.5244. The tested accessions were classified into 2 groups, the first group was composed of all *A. hypogaea* accessions while the second group included *A. vulgaris* and *A. fastigiata* accessions. The trait and marker correlation analysis further revealed that twelve pairs of EST-SSR markers were identified to be significantly correlated with 5 different agronomic traits, which could be used for marker-assisted selection in peanut breeding program.

Key words: peanut; landrace; EST-SSR; genetic diversity; correlation analysis

花生是世界上重要的油料作物和植物蛋白来源,在 100 多个国家和地区广泛种植^[1]。我国是花生生产大国,种植面积、总产量分别居世界第 2 位和第 1 位^[2]。河北省是花生种植大省,常年种植面积 42 万 hm²。由于其南北跨度大,花生种植区域广泛,具有丰富的地方种质资源^[3]。我国早期育成的花生品种,其亲本绝大多数都直接或间

接来自伏花生、狮头企、姜格庄半蔓、南充混选 1 号等少数优良亲本,遗传基础狭窄,个别年份病虫害发生严重,品种的遗传脆弱性凸现^[4-5]。种质资源是作物遗传改良的物质基础,深入开展花生种质资源的遗传多样性研究,发掘和利用优异种质资源,进一步拓宽育成品种的遗传基础具有重要意义。

收稿日期:2013-03-10 修回日期:2013-04-23 网络出版日期:2013-10-22

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20131022.1542.016.html>

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(CARS-14);河北省应用基础研究计划重点基础研究项目(10960120D);河北省高等学校科学技术研究重点项目(ZD2010136);河北省专家出国培训项目

第一作者从事花生分子育种研究。E-mail:xiandaihuhongxia@163.com

通信作者:刘立峰,从事花生基因组学与分子育种研究。E-mail:liulifeng@hebau.edu.cn

近年来,许多学者利用各种分子标记,对不同植物学类型的花生种质资源的遗传多样性进行了研究。K. R. Kottapalli 等^[6]利用 71 对 SSR 对美国微核心种质中的 72 份种质进行了扫描,得出其遗传多样性较为丰富,可以为花生遗传育种所利用。姜慧芳等^[7]、任小平等^[8]、G. H. He 等^[9]分别用 PAPD 和 AFLP 标记对不同花生资源的遗传差异进行了鉴定,结果表明不同标记扩增花生品种的多态性不完全一致。李杨等^[10]利用 MFLP 标记分析了栽培种花生的遗传多样性,表明 MFLP 标记在栽培种花生中具有较丰富的多态性。R. H. Tang 等^[11]利用 SSR 分子标记研究了花生属种间亲缘关系,结果表明花生属种间种质存在丰富的 DNA 多态性。姜慧芳等^[12-13]建立了中国花生小核心种质,并利用 SSR 标记对中国花生小核心种质与 ICRISAT 核心种质资源进行了比较,发现中国花生小核心种质遗传多样性比 ICRISAT 核心种质丰富,发掘了高油酸种质资源,并发现中国花生小核心种质中高油酸资源遗传多样性丰富。崔顺立等^[14]用 genomic-SSR 标记对河北省花生地方品种的遗传多样性分析表明 SSR 标

记可以明显区分普通型、珍珠豆型和多粒型。康红梅等^[15]研究了山西省 75 份花生材料的表型及 SSR 遗传多样性,得出 SSR 数据能够比较真实地反映花生品种间的亲缘关系,同时指出 SSR 标记与农艺性状的关系有待进一步研究。

EST-SSR 标记具有开发成本低、使用方便、可检测复等位基因、共显性、来源于表达基因序列、与功能基因连锁的机率高等特点,广泛应用于花生资源的遗传多样性、遗传连锁图谱的构建和 QTL 定位等研究^[16-18]。本研究利用本实验室自主开发的 EST-SSR 和已公布的部分 EST-SSR 引物,对河北省花生地方品种进行了扩增,以期鉴定其多态性和实用性,并通过性状-标记相关分析,获得与花生重要农艺性状相关的分子标记,为花生分子标记辅助选择育种提供基础。

1 材料与方法

1.1 材料

70 份河北省花生地方品种均由本实验室提供,品种名称、来源及植物学类型见表 1。EST-SSR 引

表 1 供试花生地方品种及植物学类型

Table 1 The peanut landraces and botanical types

编号 Code	地方品种名称 Landrace	地理来源 Origin	类型 type	编号 Code	地方品种名称 Landrace	地理来源 Origin	类型 type	编号 Code	地方品种名称 Landrace	地理来源 Origin	类型 type
1	遵化立秧	遵化市	普通	25	大城花生	大城县	普通	49	文安一窝猴	文安县	普通
2	新河大一窝猴	新河县	普通	26	盐山乌鸦窝	盐山县	普通	50	深县大半蔓	深州市	普通
3	河间半爬蔓	河间市	普通	27	北大冉	清苑县	普通	51	抚宁花生	抚宁县	普通
4	辛农一窝猴	巨鹿县	普通	28	高邑一窝猴	高邑县	普通	52	迁西立秧	迁西县	普通
5	滦平大花生	滦平县	普通	29	扬母花生	唐山市	普通	53	广宗扫角	广宗县	普通
6	大粒花生	昌黎县	普通	30	曲阳半蔓	曲阳县	普通	54	束鹿花生	辛集市	普通
7	新乐大拔茬	新乐市	普通	31	滦县立秧	滦平县	普通	55	秦皇岛立秧	秦皇岛市	普通
8	交河一窝猴	交河县	普通	32	石家庄花生	石家庄市	普通	56	盐山半撒芳	盐山县	普通
9	坝县花生	霸县	普通	33	抚宁老爬蔓	抚宁县	普通	57	盐山半撒蔓	盐山县	普通
10	易县一窝猴	易县	普通	34	大名大秧花生	大名县	普通	58	清苑一窝猴	清苑县	普通
11	武清一窝猴	武清县	普通	35	滦县大秧	滦平县	普通	59	保定红	保定市	普通
12	大名莲花	大名县	普通	36	高邑半蔓	高邑县	普通	60	平山中粒花生	平山县	珍珠豆
13	任丘铁把	任丘市	普通	37	大红袍	保定市	普通	61	肃宁小拔果	肃宁县	珍珠豆
14	肃宁花生	肃宁县	普通	38	南清花生	南清县	普通	62	芦龙小花生	芦龙县	珍珠豆
15	饶阳花生	饶阳县	普通	39	文安爬蔓	文安县	普通	63	农展多粒	唐山市	多粒
16	抚宁立秧	抚宁县	普通	40	景县一窝猴	景县	普通	64	深县四粒红	深州市	多粒
17	抚宁大粒	抚宁县	普通	41	抚宁九批楼	抚宁县	普通	65	抚宁小紫粒	抚宁县	珍珠豆
18	迁安花生	迁安市	普通	42	涿县一把揪	涿县	普通	66	深县小拔果	深州市	珍珠豆
19	隆尧一窝猴	隆尧县	普通	43	武邑花生	武邑县	普通	67	巨鹿小花生	巨鹿县	珍珠豆
20	内丘一窝猴	内丘县	普通	44	元氏半蔓果	元氏县	普通	68	衡水一窝猴	衡水市	珍珠豆
21	丰润大花生	丰润县	普通	45	任丘一窝猴	任丘市	普通	69	河间小拔果	河间市	珍珠豆
22	河北大粒敦	唐山市	普通	46	定县大花生	定州市	普通	70	元氏一窝猴	元氏县	珍珠豆
23	大名一把揪	大名县	普通	47	献县花窝	献县	普通				
24	香河一窝猴	香河县	普通	48	河间爬芳	河间市	普通				

物 215 对,其中 92 对为本试验开发^[18],其余 123 对来自公开发表的文章。引物由北京擎科公司合成。

1.2 方法

1.2.1 田间种植 田间试验于 2010 年在河北农业大学作物育种中心进行,每个品种种植 3 行,单粒点播。行长 1 m,行距 0.27 m,株距 0.1 m,3 次重复,采用完全随机区组设计。试验区周围设 3 行保护行,品种为冀农 05-3。初花期浇水 1 次,750 m³/hm²,其他栽培管理措施同大田。

1.2.2 农艺性状的考察 收获期每小区取有代表性的 10 个单株,晒干后进行农艺性状的考察,包括百果重、百仁重、出仁率、分枝数、单株结果数等。

1.2.3 DNA 提取和 PCR 扩增 DNA 提取和 PCR 扩增采用崔顺立等^[14]的方法进行,选取多态性、重复性较好的引物进行分析。

1.2.4 数据统计 统计电泳图谱上有差异且易于识别的多态性条带,有带记为 1,无带记为 0。计算引物的多态性百分率和不同标记的多态性信息量 (PIC, polymorphic information content)。

$$\text{引物的多态性百分率} = \frac{\text{多态性谱带数}}{\text{总谱带数}} \times 100\%$$

$$PIC = 1 - \sum x_i^2$$

其中 x_i 为第 i 对引物扩增的多态性带在所有供试材料中出现的频率。利用 DPS Version 7.05 软件,采用最长距离法对欧式距离进行聚类分析。使用 SAS 9.1.3 分析农艺性状与 EST-SSR 标记的相关性, P 值检测性状和标记的相关是否有统计学意义。NCBI Genbank 数据库比对标记相关功能。

2 结果与分析

2.1 花生地方品种农艺性状表现

对 70 个花生地方品种资源的主要农艺性状进行统计分析(表 2)。结果表明,5 个性状数值变化均呈连续性,且变异丰富,其中,变异系数最大的为分枝数,最小的为出仁率,变幅为 3.90% ~ 22.86%,表明河北省花生地方品种农艺性状存在较大变异,选择潜力较大。

2.2 不同引物扩增的多态性分析

215 对引物在 70 份材料间扩增,其中 58 对引物在不同材料间检测出多态性,多态性引物比率为 26.98%。共检测出 168 个位点,其中 156 个为多态

表 2 花生地方品种主要农艺性状表现

Table 2 The agronomic traits of peanut landraces

农艺性状	平均值	最小值	最大值	标准差	变异系数(%)
Agronomic trait	Average	Min.	Max.	s	CV
百果重(g)	165.2	82.7	209.8	32.4	19.60
百仁重(g)	65.5	35.2	82.5	10.8	16.48
分枝数(个)	12.6	5.7	16.7	2.88	22.86
单株结果数(个)	14.8	9.6	21.6	1.96	13.23
出仁率(%)	71.0	67.2	78.6	2.77	3.90

性位点。不同引物间检测出的等位基因数目及多态性信息量差异较大,PIC 变幅为 0.0630(PMe 1503) ~ 0.9825(PMe1996),平均为 0.5244。58 对引物在地方品种中可扩增出 2 ~ 6 个多态性条带,平均每对扩增 2.7 个(表 3,图 1),表明 58 对 EST-SSR 引物扩增花生地方品种的多态性较高。

2.3 河北省花生地方品种基于 EST-SSR 的聚类分析

58 对多态性引物在 70 份供试材料中的扩增带型经数字化后进行欧式聚类分析(图 2)。结果表明,在阈值 8.00 处可将 70 份花生地方品种资源明显分为 2 大类群,第 I 类群包括 59 份普通型材料,第 II 类群包括 11 份珍珠豆型、多粒型材料,珍珠豆型与多粒型的亲缘关系较近,珍珠豆型及多粒型材料没有完全区分开;而 59 份普通型材料又被分为若干亚群。聚类结果表明河北省花生地方品种基于 EST-SSR 分类与植物学分类一致,在花生的遗传多样性研究中,EST-SSR 标记同样具有很好的多态性和实用性。

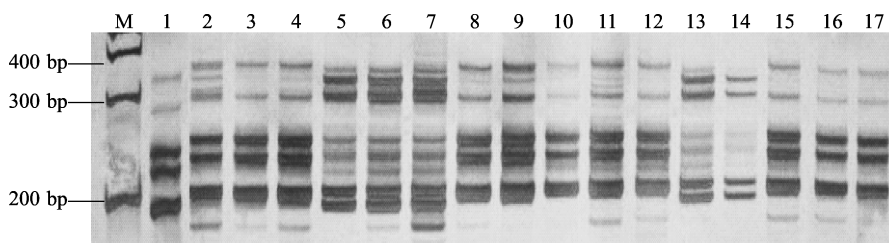
2.4 性状—标记相关分析

通过农艺性状与单标记的相关分析及显著性测验,获得了 12 对与 5 个性状显著相关的 EST-SSR 标记(表 4)。其中标记 PMe 46 与单株结果数显著相关;PMe 75、PMe 83、PMe 703 与出仁率显著相关;PMe 15 与百果重、百仁重、出仁率显著相关;PMe 25、PMe 53、PMe 99、PMe 119、PMe 121 与百果重、百仁重、出仁率、单株结果数显著相关;PMe 81 与百果重、出仁率、分枝数、单株结果数显著相关;PMe 120 与百果重、百仁重、出仁率、分枝数、单株结果数显著相关。对 12 对 EST-SSR 进行了相关功能推测,结果表明 PMe 53、PMe 119 与代谢酶相关,PMe 81 与花生抗性相关的基因簇相关;PMe 99 与乙烯响应转录因子相关;PMe 120、PMe 121 与机械强度相关;与出仁率相关的 3 对标记功能未知或未确定。

表 3 不同 EST-SSR 引物扩增的多态性结果

Table 3 Polymorphism analysis of EST-SSR primers

引物 Primer	总位点数 Total alleles	多态性位点数 Polymorphic alleles	多态性比例(%) Polymorphic ratio	多态性 信息量 <i>PIC</i>	引物 Primer	总位点数 Total alleles	多态性位点数 Polymorphic alleles	多态性比例(%) Polymorphic ratio	多态性 信息量 <i>PIC</i>
PMe 2	3	3	100	0.3925	PMe 85	3	2	67	0.7716
PMe 7	2	2	100	0.3218	PMe 87	4	3	75	0.5685
PMe 8	2	2	100	0.2599	PMe 89	6	6	100	0.6453
PMe 14	2	1	50	0.0863	PMe 94	4	4	100	0.6822
PMe 15	3	2	67	0.7716	PMe 95	6	6	100	0.8684
PMe 16	2	2	100	0.2725	PMe 99	4	4	100	0.8150
PMe 17	2	2	100	0.7716	PMe100	3	3	100	0.8719
PMe 18	2	2	100	0.7922	PMe101	4	4	100	0.5172
PMe 22	3	3	100	0.5685	PMe106	3	3	100	0.3771
PMe 23	2	2	100	0.7645	PMe107	3	3	100	0.5939
PMe 25	4	3	75	0.8823	PMe119	2	2	100	0.2472
PMe 31	2	1	50	0.4593	PMe120	3	3	100	0.6822
PMe 34	3	3	100	0.2301	PMe 121	5	5	100	0.6910
PMe 35	3	3	100	0.5813	PMe 703	2	2	100	0.4808
PMe 37	2	2	50	0.2215	PMe 717	1	1	100	0.2974
PMe 46	3	2	67	0.7500	PMe 902	2	2	100	0.1142
PMe 53	5	4	80	0.6305	PMe 1209	1	1	100	0.3694
PMe 59	3	3	100	0.6185	PMe 1277	2	2	100	0.1687
PMe 60	2	2	100	0.2599	PMe 1346	2	2	100	0.1280
PMe 62	5	5	100	0.6540	PMe 1381	1	1	100	0.2472
PMe 64	5	5	100	0.7166	PMe 1389	2	2	100	0.1552
PMe 65	4	4	100	0.8670	PMe 1435	2	2	100	0.1280
PMe 66	4	4	100	0.7609	PMe 1503	1	1	100	0.0630
PMe 68	2	2	100	0.7500	PMe 1522	2	1	50	0.2725
PMe 71	2	2	100	0.7645	PMe 1633	2	2	100	0.2084
PMe 75	5	5	100	0.6811	PMe 1817	2	2	100	0.2725
PMe 81	3	3	100	0.8921	PMe 1888	1	1	100	0.1687
PMe 82	4	4	100	0.7854	PMe 1996	3	1	33	0.9825
PMe 83	6	6	100	0.9178	PMe 2198	2	1	50	0.6001



M:Marker;1~17 同表 1 编号 1-17are as same as table 1

图 1 引物 PMe 95 在部分材料间扩增电泳图

Fig. 1 Amplified bands of primer PMe 95 in part of materials

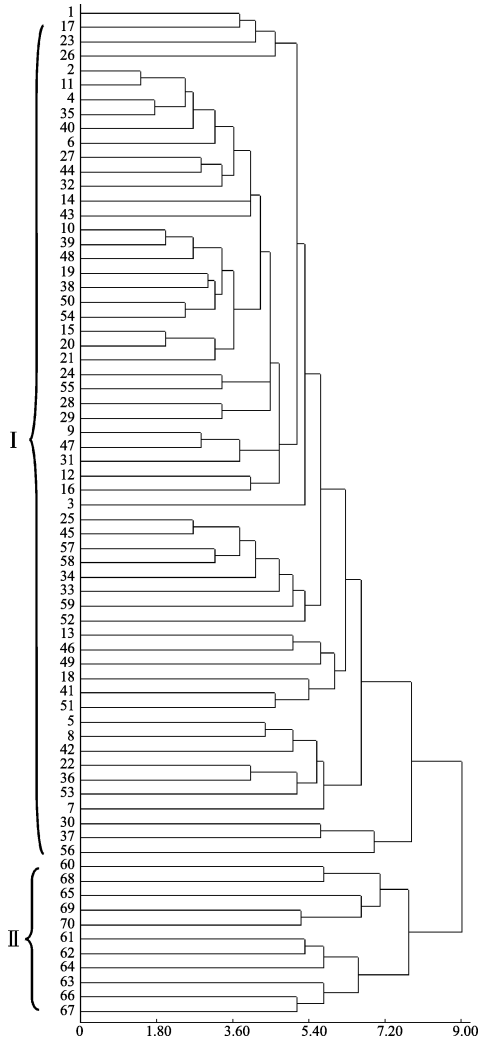


图 2 花生地方品种基于 EST-SSR 标记的聚类树状图

Fig. 2 Dendrogram of the peanut landraces based on EST-SSR

3 讨论

国内外学者利用分子标记对花生种质资源的遗传多样性进行了较多研究,但对其所携带的优异性状及其关联分子标记的研究较少。M. D. Burow 等^[19]首次从二倍体的花生野生资源中获得了抗线虫的资源,并利用分离群体分组分析法(BSA, bulked segregant analysis)获得了与抗性基因连锁的 3 个 RAPD 标记:RKN229、RKN410、RKN440。洪彦彬等^[20]利用 SSR 标记对花生抗黄曲霉性状进行关联分析,发现 1 对 SSR 标记的带型能直接区分抗、感品种,推断该标记可能与一个贡献率较大的抗黄曲霉基因连锁。H. F. Jiang 等^[21]利用 SSR 和 AFLP 标记获得了花生抗青枯病的分子标记。黄莉等^[22]利用 SSR 标记对 ICRISAT 花生微核心种质农艺性状和黄曲霉抗性进行关联分析,获得了农艺性状和黄曲霉抗性相关的增效和减效等位变异,并发掘了 ICG6022 等携带优良等位变异的载体品种。本研究采用最长距离法在阈值为 8.00 时将地方品种分为普通型及珍珠豆型和多粒型 2 大类群,与崔顺立等^[14]利用 genomic-SSR 对河北省花生地方品种进行遗传多样性分析相比较,虽然使用的聚类方法和引物类型不同,但聚类结果都可以将不同类型的品种明显区分,说明使用 EST-SSR 研究花生的遗传多样性是有效的。另外,本研究结合 5 个农艺性状进行了性状—标记相关分析,获得了 12 对与 5 个农艺性状显著相关的 EST-SSR,并对其相关功能进行了推测,为进一步研究这些农艺性状相关基因、功能标记及分子标记辅助选择提供了可能。

表 4 农艺性状相关的分子标记及其相关功能推测

Table 4 Agronomic traits related EST-SSR marker and its conjecture function

标记 Marker	登录号 NCBI accession number	重复基元 Repeat motif	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	相关性状 Related trait	标记相关功能推测 Related functions conjecture	P 值 P value
PMe 46	VBL6_60_I21_E001. g1	(TC)14	F:CTGAATCCATTTTGCTCCTCA R:CAAGTTGCTAAGCACCACGAG	单株结果数	水稻 3 号染色体 基因片段	<0.0009
PMe 75	CL15161Contig1	(GA)11	F:GAGGACTGTGAGGTTCTGACG R:TGGTTCATTGCATTTGCATAC	出仁率	未确定	<0.0008
PMe 83	VBL1_3_B19_E001. g1	(CAA)19	F:CATCCCATCATTTCCCTCTT R:TACACTGAAGCTGGGATCCTG	出仁率	未确定	<0.0001
PMe 703	VBL1_5_F06_E001. g1	(TAA)4	F:CGCCCTCCTTCTCGTTCA R:TCTTGCCCGTTCTTCTGTTTAG	出仁率	未知	<0.0002
PMe 15	VBL6_40_G14_E001. g1	(TCT)4	F:CCTCACTTCTTTTGCATGGT R:TGGAAAGGAAATGATTTGGTG	百果重,百仁重, 出仁率	未知	<0.0001
PMe 25	CLIContig3279	(TTC)6	F:CGCCAAAAGAAGAAGAGAAGC R:ATCCCCACCAACAATACATGA	百果重,百仁重, 出仁率,单株结果数	富含亮氨酸 重复序列的蛋白质	<0.0001

表 4(续)

标记 Marker	登录号 NCBI accession number	重复基元 Repeat motif	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	相关性状 Related trait	标记相关功能推测 Related functions conjecture	P 值 P value
PMe 53	CL1Contig389	(GT)16	F:AATGTCAAGGCTGCTCAAGA R:CATTCCAATCTTTCCTCCA	百果重,百仁重, 出仁率,单株结果数	与二磷酸果糖酶相关	<0.0001
PMe 99	CL1Contig11303	(TC)15	F:GCAATTTATGTGCACCCTTTT R:CGCTTGACACCAATGAAGTCT	百果重,百仁重, 出仁率,单株结果数	乙烯响应转录 因子相关	<0.0001
PMe 119	CL1Contig3381	(TC)18	F:AGAAACACGCCTAGTGGAAATG R:CCGTGCCGTTTACTCTCACT	百果重,百仁重, 出仁率,单株结果数	大豆腺苷酸激酶相关	<0.0001
PMe 121	VBL6_9_F12_E001.g1	(TC)14	F:ATGCTCTCAGTTCTTGCTGA R:CAGACATAACAGTCAGTTTACC	百果重,百仁重, 出仁率,单株结果数	与机械强度相关	<0.0001
PMe 81	VBL1_18_G05_E001.g1	(TATC)8	F:TCCTTCCCACAATAACAATGAA R:GAGGAGAAAACATGGCTAAAA	百果重,出仁率, 分枝数,单株结果数	花生 AHF-205D04NBS- LRR 基因簇	<0.0001
PMe 120	CL13Contig2	(GA)12	F:ATGCTCTCAGTTCTTGCTGA R:AAGGAGCCAGCTAGCTACATAGT	百果重,百仁重, 出仁率,分枝数, 单株结果数	与机械强度相关	<0.0005

近年来多态性分子标记的缺乏仍是制约花生分子标记辅助选择的瓶颈。截至目前,来源于花生栽培种、野生种的各种 SSR 分子标记有 9274 个,其中 EST-SSR 有 5946 个,通过扩增 8 个栽培种发现其多态性只有 14.5%^[23]。整合栽培种花生遗传连锁图谱,标记最多的有 1114 个^[24];整合有栽培种和野生种的花生遗传连锁图,标记最多的有 3693 个^[25],因此,对于拥有 20 个连锁群的花生基因组而言,分子标记数还较少,不能满足分子标记辅助育种的要求。随着第 2 代测序技术的发展,花生基因组测序的启动,相信会有更多的 SNP 和 InDel 等分子标记被开发出来,为进一步开展花生功能标记、基因发掘和分子标记辅助育种创造条件。

参考文献

- [1] Huang L, Jiang H, Ren X, et al. Abundant microsatellite diversity and oil content in wild *Arachis* species [J]. PLoS One, 2012, 7:e50002
- [2] 禹山林. 中国花生遗传育种学 [M]. 上海:上海科学技术出版社, 2010
- [3] 刘立峰, 耿立格, 王静华, 等. 河北省花生地方品种农艺性状和品质性状的遗传分化 [J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(2): 190-194
- [4] 禹山林. 中国花生品种及其系谱 [M]. 上海:上海科学技术出版社, 2008
- [5] 康红梅, 崔富华, 夏友霖, 等. 花生亲本材料遗传评价研究 [J]. 花生学报, 2007, 36(1): 712
- [6] Kottapalli K R, Burow M B, Burow G, et al. Molecular characterization of the U S peanut mini core collection using microsatellite markers [J]. Crop Sci, 2007, 47: 1718-1727
- [7] 姜慧芳, 任小平. 利用 RAPD 技术鉴定花生种质资源的差异 [J]. 花生学报, 2002, 31(2): 10-13

- [8] 任小平, 廖伯寿, 张晓杰, 等. 中国花生核心种质中高油酸材料的分布和遗传多样性 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(4): 513-518
- [9] He G H, Prakash C S. Evaluation of genetic relationships among botanical varieties of cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) using AFLP markers [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2001, 48(4): 347-352
- [10] 李杨, 韩柱强, 王育荣, 等. 利用 MFLP 标记分析栽培种花生遗传多样性 [J]. 中国油料作物学报, 2010, 32(4): 479-484
- [11] Tang R H, Gao G Q, He L Q, et al. Genetic diversity in cultivated groundnut based on SSR markers [J]. J Genet Gen, 2007, 34(5): 449-459
- [12] 姜慧芳, 任小平, 黄家权. 中国花生小核心种质的建立及高油酸基因源的发掘 [J]. 中国油料作物学报, 2008, 30(3): 294-299
- [13] 姜慧芳, 任小平, 张晓杰, 等. 中国花生小核心种质与 ICRISAT 微核心种质的 SSR 遗传多样性比较 [J]. 作物学报, 2010, 36(7): 1084-1091
- [14] 崔顺立, 刘立峰, 陈焕英, 等. 河北省花生地方品种基于 SSR 标记的遗传多样性 [J]. 中国农业科学, 2009, 42(9): 3346-3353
- [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] 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
- [17] Qin H D, Feng S P, Chen Y C, et al. An integrated genetic linkage map of cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) constructed from two RIL populations [J]. Thero Appl Genet, 2012, 124: 653-664
- [18] Wei X Y, Liu L F, Cui S L, et al. Development of EST-SSR markers in peanut (*Arachis hypogaea* L.) [J]. Front Agric China, 2011, 5(3): 268-273
- [19] Burow M D, Simpson C E, Paterson A H, et al. Identification of peanut (*Arachis hypogaea* L.) RAPD markers diagnostic of root-knot nematode (*Meloidogyne arenaria* (Neal) Chitwood) resistance [J]. Molecular Breeding, 1996, 2: 369-319
- [20] 洪彦彬, 李少雄, 刘海燕, 等. SSR 标记与花生抗黄曲霉性状的关联分析 [J]. 分子植物育种, 2009, 7(2): 360-364