

中国芒 (*Miscanthus sinensis*) 初级核心种质的构建

肖 亮¹, 易自力², 蒋建雄², 刘树玲², 覃静萍², 伊俊奇², 杨 塞²

(¹ 湖南农业大学作物种质和资源利用国家重点实验室培育基地, 长沙 410128;

² 湖南农业大学生物科学技术学院, 长沙 410128)

摘要: 以 555 份芒 (*Miscanthus sinensis*) 种质资源为研究对象, 根据 26 个表型性状数据, 按地理来源、植物区系和单一性状进行分组, 分别采用简单比例法、平方根法和多样性指数法确定组内取样数, 再根据聚类 and 随机 2 种方法进行组内个体选择。依照上述方案共构建出 19 个具有代表性的芒初选核心种质样本库。通过平均相似系数、性状符合度、数量性状变异系数和遗传多样性指数等 4 项检测指标对上述 19 种构建方案进行比较, 最终确定了按“植物区划分组 + 多样性指数确定取样数 + 聚类选择个体”为芒初级核心种质构建的最佳方案。通过此方法建立起的芒初级核心种质资源共 83 份, 占总资源的 14.95%, 且新构建的初级种质资源与总资源性状符合度达到 100%。

关键词: 芒; 表型性状; 核心种质; 遗传多样性指数

Establishment of China's *Miscanthus sinensis* Primary Core Collection

XIAO Liang¹, YI Zi-li², JIANG Jian-xiong², LIU Shu-ling², QIN Jing-ping², YI Jun-qi², YANG Sai²

(¹ Key Laboratory of Crop Germplasm Innovation and Utilization, Hunan Agricultural University, Changsha 410128;

² College of Bioscience and Biotechnology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128)

Abstract: In this study, 555 *Miscanthus sinensis* germplasm resources were selected as material. Based on 26 phenotypic traits, 19 sampling strategies were used, which consisted of 3 stratification methods such as resource of geographical origin, floristic region and single character, 3 sampling number determination methods such as proportioned, square root and diversity index and 2 individual selection methods such as random and cluster. The criteria against whole collection included mean similarity coefficient, coincidence of traits, mean coefficient of variation of quantitative traits and mean shannon index. The results indicated that an optimal strategy was set by stratification according to floristic region determination of the sampling number with genetic diversity-dependent strategy and selecting sample by clusters. By using this strategy, a pre-core collection of Chinese *Miscanthus sinensis* germplasm with a total of 83 accessions was established, carrying 100% phenotypic genetic diversity of the whole collection.

Key words: *Miscanthus sinensis*; phenotypic traits; core collection; diversity index

芒 (*Miscanthus sinensis*) 为多年生、C4 草本植物, 隶属于禾本科 (Poaceae) 芒属 (*Miscanthus* Andersson), 主要分布在东南亚和东亚地区^[1]。我国是芒的天然分布中心, 分布范围遍及我国东部 22 个省份和自治区^[2]。芒由于生物量大、生长速度

快、抗逆性强、纤维素含量高等一系列优点受到欧美国家和能源领域科学家们的高度关注。并普遍认为这类草本植物具有生物质能源开发利用的潜力, 在不久的将来或许会成为石油和煤炭等化石燃料的理想替代品^[3]。

收稿日期: 2014-03-10 修回日期: 2014-04-26 网络出版日期: 2014-10-13

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20141013.2033.023.html>

基金项目: 湖南省自然科学基金 (12JJ2019); “十二五”农村领域国家科技计划课题 (2013BAD22B01)

第一作者研究方向为芒属植物遗传育种。E-mail: 32680385@qq.com

通信作者: 易自力, 研究方向为能源植物开发与利用。E-mail: yizili889@163.com

核心种质是指采用一定方法从某种作物种质资源总收集品中遴选出能最大程度代表该作物遗传多样性而个体数量尽可能少的种质所构成的收集品^[4]。因此,构建核心种质有利于有目的、有重点的研究和发掘物种种质资源中的优异基因,对提高物种种质资源的研究水平和利用效率有重要意义。目前,国内外已先后在扁豆^[5]、大麦^[6]、芝麻^[7]、水稻^[8]、小豆^[9]、小麦^[10]、辣椒^[11]、木豆^[12]、莴苣^[13]、葡萄^[14]、梨^[15]、灰楸^[16]、甘薯^[17]、甜瓜^[18]、甘蔗^[19]和饭豆^[20]等 70 多种植物中构建了初级或次级核心种质资源库,而关于芒的核心种质的构建还未见报道。由于芒在我国分布广泛、生态类型繁多、基因资源储量丰富,因此构建芒的核心种质库对开展与芒有关的研究具有十分重要的科研价值。

鉴于此,本研究在大量收集我国芒野生资源的前提下,连续 3 年对具有辨识度的芒的表型性状进行观测,并采用多种取样方案构建芒初级核心种质资源库,通对各取样方案进行比较来确定最优组合。通过以上研究,希望为我国芒种质资源的开发和利用提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 材料

湖南农业大学芒属种质资源圃始建于 2006 年,其中保存了芒(*Miscanthus sinensis*)种质资源 555 份,原始数据来自 2009–2011 年连续 3 年对该 555 份芒的考种数据。

1.2 方法

1.2.1 取样方案 取样方案如图 1 所示。分 3 个层次:即分组原则、组内取样比例和组内取样方法。分组原则按完全随机和系统分组 2 种方法进行,系统分组又分别按地理来源、植物区系^[21]和单一性状 3 种方法。其中,地理来源按种质采集地的行政区划分为广西、广东、贵州、安徽、福建、重庆、海南、云南、河南、湖北、江西、吉林、辽宁、山东、山西、四川和浙江等 17 个组别,植物区系按种质采集地的区系归属分为华中、华北、华南、华东、北部湾、滇缅泰、滇黔贵、云贵高原、横断山脉、南海和东北地区等 11 个组别,单一性状则按质量性状和数量性状分成 26 个组别。其中,质量性状包括节毛、节蜡粉、叶背毛、叶色、叶鞘口毛、叶鞘背毛、叶鞘蜡粉、叶鞘颜色、茎蜡粉、茎色等 10 个质量性状,数量性状则包括株高、主茎长、第 1 节长、节数、倒 2 节直径、第 1 节直径、茎

秆鲜重、含水量、旗叶长、最大叶长、最大叶宽、叶片数、50% 孕穗期、50% 抽穗期、50% 开花期和种子成熟期等 16 个数量性状。

在分组后确定组内取样量时,采用了按组内个体数量的简单比例($N_i = n_i \times a$,其中 N_i 为第 i 组的取样数; n_i 为第 i 组的种质数; a 为取样比例; i 为组号)、平方根比例($N_j = (\sqrt{n_j} / \sum_{i=1}^m \sqrt{n_i}) \times N \times a$,其中 N_j 为第 j 组的取样数; n_j 为第 j 组的种质数; n_i 为第 i 组的种质数; m 为分组数; N 为总品种数; a 为取样比例)和多样性比例($N_g = H'_g / \sum H' \times N \times a$,为第 g 组取样数; N 为总种质数; a 为取样比例且取值为 15%; H' 为各组平均多样性指数, $H' = -(\sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^l p_{ij} \ln p_{ij}) / n$, k 为性状数, l 为性状代码数, i 表示第 i 个性状, j 表示第 j 个代码; i, j 为某分组性状中第 i 个性状第 j 个代码出现的频率)等 3 种方法。

组内取样方法采用聚类 and 随机 2 种方法。取样方案如图 1 所示,共确定了 19 种取样方案。

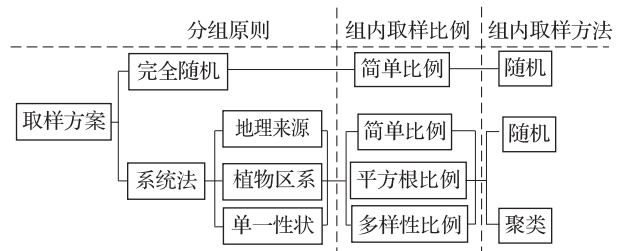


图 1 取样方案示意图

Fig. 1 Sampling scheme

按照核心种质要有代表性、异质性和多样性的原则,采用平均相似系数、性状符合度、数量性状变异系数和遗传多样性指数等 4 项检测指标对构建的初级核心种质与总资源进行比较。

1.2.2 数据处理 首先对质量性状进行赋值(表 1),其次对数量性状进行 10 级分类,即将数量性状依据平均值(\bar{X})和标准差(δ)分为 10 级,1 级 $< \bar{X} - 2\delta$,10 级 $\geq \bar{X} + 2\delta$,中间每级相差 0.5δ 。利用 DPS 6.50 统计分析软件分别进行初级核心种质与总资源的 t 测验。

2 结果与分析

2.1 不同取样方法的比较

通过分组原则、组内取样比例和组内取样方法等 3 个层级的组合,共得到 19 种芒初级核心种质资源的取样方案。根据初级核心种质资源的评价方法,采用平均相似系数、性状符合度、数量性状变异系数和多样性指数等 4 项指标来进行各取样方案比较。

表 1 芒质量性状赋值表

Table 1 Code designed for qualitative traits in *M. sinensis*

性状 Characters	分级标准 Criteria for recording
节毛 Node hairness	无 = 1, 极少 = 2, 少 = 3, 多 = 4, 很多 = 5
节蜡粉 Node waxiness	无 = 1, 少 = 2, 较少 = 3, 中等 = 4, 多 = 5
叶背毛 Leaf back hairness	无 = 1, 极少 = 2, 少 = 3, 中等 = 4, 多 = 5, 很多 = 6
叶色 Leaf color	浅绿 = 1, 绿 = 3, 深绿 = 5
叶鞘口毛 Sheath mouth hairness	无 = 1, 极短 = 2, 短 = 3, 中等 = 4, 长 = 5, 很长 = 6
叶鞘背毛 Sheath hairness	无 = 1, 极少 = 2, 少 = 3, 中等 = 4, 多 = 5, 很多 = 6
叶鞘蜡粉 Sheath waxiness	无 = 1, 极少 = 2, 少 = 3, 中等 = 4, 多 = 5, 很多 = 6
叶鞘颜色 Sheath color	浅绿 = 1, 绿 = 2, 深绿 = 3, 浅紫 = 4, 紫 = 5
茎蜡粉 Stem waxiness	无 = 1, 很少 = 2, 少 = 3, 中等 = 4, 多 = 5
茎色 Stem color	浅绿 = 1, 绿 = 2, 深绿 = 3, 浅紫 = 4

2.1.1 平均相似系数的比较 相似系数可以用来衡量核心种质库与原始样本间的异质性。相似系数越小,说明样本种质间的异质性越大。19 个初选核心样本各自种质间平均相似系数如表 2 所示。方法 13 的种质间平均相似系数最小,为 0.372,说明利用该方法得到的初级核心样本的异质性最好。而完全随机取样(方法 1)的平均相似系数最大,为 0.459,说明方法 1 异质性最差。

总体看来,无论是按地理来源、单一性状还是植物区系分组,聚类选择取样后所构成的初级核心种质间的平均相似性系数都小于随机取样的平均相似性系数,这说明聚类策略要明显优于随机策略。

2.1.2 性状符合度比较 性状符合度常被用来衡量初级核心种质库的优劣与否。一般而言,核心种质资源与原始总资源的性状符合度越高,说明初级核心种质库对原始性状的保留度越高。对芒的 26 个表型性状进行性状符合度分析,结果如表 2 所示。可以看出,方法 13 的性状符合度最高,为 100%。通过对方法 2 与 3、4 与 5 以及 6 与 7 等以下各组的性状符合度进行比较,得出采用聚类法明显优于随机法,这说明聚类法选择个体能够更好地保留稀有变异。

表 2 19 种不同初级核心种质构建方法的品种间平均相似系数和性状符合度

Table 2 Mean genetic distance and coincidence of traits of 13 methods in core collection

取样方法 Methods	初级核 心种质库 TSS	平均相 似系数 MSC	性状符 合度(%) CT
1 完全随机 + 简单比例 + 随机	83	0.459	81.0
2 地理来源 + 简单比例 + 随机	84	0.437	85.0
3 地理来源 + 简单比例 + 聚类	84	0.432	86.0
4 地理来源 + 平方根比例 + 随机	90	0.428	86.9
5 地理来源 + 平方根比例 + 聚类	90	0.426	87.3
6 地理来源 + 多样性比例 + 随机	92	0.426	87.3
7 地理来源 + 多样性比例 + 聚类	92	0.424	87.7
8 植物区系 + 简单比例 + 随机	81	0.404	92.1
9 植物区系 + 简单比例 + 聚类	81	0.394	94.4
10 植物区系 + 平方根比例 + 随机	80	0.381	97.6
11 植物区系 + 平方根比例 + 聚类	80	0.378	98.4
12 植物区系 + 多样性比例 + 随机	83	0.374	99.5
13 植物区系 + 多样性比例 + 聚类	83	0.372	100.0
14 单一性状 + 简单比例 + 随机	81	0.423	87.9
15 单一性状 + 简单比例 + 聚类	81	0.420	88.6
16 单一性状 + 平方根比例 + 随机	82	0.417	89.2
17 单一性状 + 平方根比例 + 聚类	82	0.416	89.4
18 单一性状 + 多样性比例 + 随机	84	0.415	89.6
19 单一性状 + 多样性比例 + 聚类	84	0.405	91.8

TSS: Total sampling size, MSC: Mean similarity coefficient, CT: Coincidence of traits

2.1.3 数量性状变异系数比较 数量性状的变异系数是衡量性状离散度的重要指标,变异系数越大,说明性状变异保留度越高。计算总资源与样本的数量性状变异系数,并利用 DPS 6.50 软件进行样本均值 t 测验(表 3)。可以看出,方法 1、2、14、16 和 18 的数量性状平均变异系数比总体小,而其他方法则不同程度地大于总体。当采用聚类法选择样本时,按植物区系分组的变异系数最大,且 t 测验显著大于总资源($P < 0.05$),说明植物区系分组法能最大限度的保留了性状变异性。

表 3 总资源与 19 个初级核心样本的平均变异系数 t 测验
Table 3 t value test of the mean CV of total resource and 19 core collection

取样方法 Methods	变异系数 (%) CV	t 值 t value	取样方法 Methods	变异系数 (%) CV	t 值 t value
总资源	25.42	—	10	27.83	0.323
1	23.06	-0.519	11	26.97	0.313
2	24.27	-0.283	12	26.32	0.191
3	25.56	0.034	13	27.32	0.382
4	26.29	0.193	14	23.42	-0.419
5	26.96	0.321	15	27.10	0.319
6	26.58	0.242	16	23.94	-0.309
7	34.17	1.865 *	17	26.85	0.270
8	25.63	0.046	18	23.55	-0.398
9	26.38	0.425	19	26.80	0.260

* 表示差异显著($P < 0.05$),下同
* represents significant difference at 5% level,the same as below

2.1.4 遗传多样性指数比较 遗传多样性指数反映的是物种遗传信息的丰富程度,物种遗传信息越丰富则遗传多样性指数越高。为了获得更多的遗传信息,一般希望初级核心种质资源的遗传多样性指数越大越好。由表 4 可看出,除方法 1、2 和 4 外,其他方法平均遗传多样性指数均大于总资源。从 t 检验的结果来看,方法 3、5、7、9、11、13、15、17、19 的平均遗传多样性指数都显著大于总资源($P < 0.05$),说明以上方法都能够很好地保留总资源的遗传多样性。而其中又以方法 13 的平均遗传多样性指数最大,为 2.01,说明方法 13 更为可取。

2.1.5 不同取样方法的综合比较 综合看来,无论是按地理来源、单一性状还是按植物区系分组,采用聚类选择均能够得到性状符合度和多样性指数较高的样本,而采用随机选择得到的样本虽然性状符合度也能满足要求,但会导致样本多样性指数不高甚

至要低于总体。同时,简单比例法选择的样本冗余度往往高于平方根法和多样性指数法。方法 3、5、7、9、11、13、15、17、19 均能代表总资源,但方法 13 在代表总资源的基础上多样性和异质性均好于其他方法。因此,在保证没有明显遗传多样性丢失的情况下,按植物区系分组、多样性指数确定取样数,再通过聚类方法进行组内取样,是构建芒初选核心种质的理想选择。

表 4 总资源与 19 个初级核心样本的平均遗传多样性指数 t 测验
Table 4 t value test of the mean of total resource and 19 core collection

取样方法 Methods	遗传多样性指数 Shannon index	t 值 t value	取样方法 Methods	遗传多样性指数 Shannon index	t 值 t value
总资源 Total	1.80	—	10	1.84	0.401
1	1.64	-0.421	11	1.89	1.118 *
2	1.70	-0.388	12	1.82	0.281
3	1.89	1.493 *	13	2.01	1.825 *
4	1.71	-0.395	14	1.82	0.322
5	1.90	1.075 *	15	1.93	1.784 *
6	1.82	0.478	16	1.81	0.277
7	1.87	1.318 *	17	1.88	1.543 *
8	1.81	0.401	18	1.83	0.997
9	1.91	1.452 *	19	1.86	1.025 *

2.2 核心种质评价

通过上述方案,提取芒初级核心种质 83 份,提取比例为 14.95%。初级核心种质各性状与总资源各性状的变异系数和遗传多样性指数见表 5。从表 5 可以看出,初选核心种质的 26 个表型性状的变异系数和遗传多样性指数均与总资源非常接近,表明初选核心种质符合预期。

3 讨论

就以往的研究而言,分组原则下构建的核心种质资源库的样本代表性要明显优于不分组原则。而分组原则中,按种质资源的地理来源分组一般能取得比较好的效果。如李秀兰等^[16]以 267 个灰楸种质资源为材料,按地理流域分组构建了 63 份核心种质;胡建斌等^[22]以 1200 份甜瓜种质为材料,按地理分组的原则构建了 189 份核心种质;张永兵等^[18]以 121 份新疆甜瓜地方品种为材料,按地理来源进行分组构建了 25 份核心种质。本研究结果也同样得

表 5 芒总资源与初级核心种质多样性比较

Table 5 Comparison of diversity between the core collection and original collection for *M. sinensis*

性状 Traits	遗传多样性指数 Shannon index		变异系数(%) CV	
	总资源	初级核心种质	总资源	初级核心种质
	Total	Primary core	Total	Primary core
株高 Plant height	2.13	2.01	24.12	25.05
主茎长 Stem length	2.17	2.24	25.46	26.50
第 1 节长 First-internode length	2.24	2.29	28.21	28.29
节数 Internode number per tiller	2.18	2.11	25.54	25.32
倒 2 节直径 Second-internode diameter	2.22	2.23	21.08	23.11
第 1 节直径 Top first-internode diameter	2.22	2.29	21.55	21.59
茎秆鲜重 Weight per tiller	2.07	2.98	48.78	55.38
含水量 Water content in biomass	2.21	2.25	17.49	18.55
旗叶长 Flag leaf length	2.05	2.09	55.84	58.34
最大叶长 Largest-leaf length	2.25	2.28	21.05	22.01
最大叶宽 Largest-leaf width	2.18	2.14	26.50	26.45
叶片数 Leaf number per tiller	2.19	2.12	22.36	28.33
50% 孕穗期 Days to 50% booting	1.70	1.89	18.77	19.87
50% 抽穗期 Days to 50% heading	1.65	2.67	19.11	19.23
50% 开花期 Days to 50% flowering	1.67	1.73	19.09	19.04
种子成熟期 Days to seed maturity	1.70	1.66	19.25	20.10
节毛 Node hairness	1.80	1.93	—	—
节蜡粉 Node waxiness	1.16	2.09	—	—
叶背毛 Leaf back hairness	1.67	1.69	—	—
叶色 Leaf color	0.90	1.88	—	—
叶鞘口毛 Sheath mouth hairness	1.69	1.67	—	—
叶鞘背毛 Sheath hairness	1.39	1.38	—	—
叶鞘蜡粉 Sheath waxiness	1.66	1.78	—	—
叶鞘颜色 Sheath color	1.24	1.27	—	—
茎秆蜡粉 Stem waxiness	1.19	1.58	—	—
茎秆颜色 Stem color	0.95	1.94	—	—

出分组原则下核心种质库的代表性要优于不分组的完全随机方案的结论。但针对分组方法而言,本文比较了地理来源、植物区系和单一性状等 3 种不同的分组方法,结果表明按植物区系分组在去除冗余种质方面好于按单一性状和地理来源,且得到的初级核心样本的遗传多样性更丰富。笔者认为,植物区系和地理来源虽然都是考虑了物种的地理起源问题,但是植物区系的分组方式更多地考虑到了植物物种起源、进化以及自然分布的规律的共性,因此更多地顾及了同一植物区系内物种的遗传多样性。而地理来源则是以行政区划对种质来源进行的简单、

机械的划分,势必减少了样本间的异质性。

本研究选取了前人研究中比较有效的简单比例、平方根比例和多样性指数比例等 3 种方法来确定初级核心种质样本数量,结果表明遗传多样性指数法在芒核心种质构建中表现最好,其次是平方根法,而简单比例法最差。就取样方法而言,虽然有研究报告,为了获得种质资源所期望的最基本的遗传变异,可以考虑使用随机取样。而实际上,在水稻、大豆等作物核心种质的构建过程中,都表明无论是完全随机取样或是分组后的随机取样,结果都比不上系统取样。而本研究结果也同样表明,采用随机

法取样不但容易丧失重复度低的性状,且对冗余的去除力度不够,因此不适于芒初选核心种质的构建。就取样比例而言,A. H. D. Brown^[23]曾提出核心种质的取样数在总资源不低于 3000 份时,以 10% 的样本代表总资源 70% 以上的遗传多样性即可。就目前的研究结果来看,在国内外不同植物核心种质构建中,取样比例一般为该物种的 5% ~ 30%,本研究中核心种质为 83 份,占总资源的 14.95%,符合一般物种核心种质的取样比例。

构建初级核心种质资源的目的是为了既能保留物种内的有效遗传基因资源,又方便减少管理成本,同时为进一步挖掘物种的潜在价值提供材料基础。芒作为一种新型的能源植物正在越来越受到世人的瞩目,因此,基于表型性状构建芒初级核心种质资源,为保护和利用芒的基因资源提供了理论基础。下一步工作应在已构建的芒的初级核心种质的基础上,借助目前在芒属植物中已开发并得到应用的 IS-SR^[24]和 SSR^[25-26]等分子标记对芒的次级或者微核心种质进行构建,进而为芒的高产、抗逆等优质基因资源的挖掘提供便利。

参考文献

- [1] Chen S L, Renvoize S A. Flora of China, Vol. 22 [M]. Beijing: Science Press and St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 2006:581-583
- [2] 易自力. 芒属植物资源的开发与利用[J]. 湖南农业大学学报:自然科学版,2012,38(5):455-463
- [3] Lewandowski I, Clifton-Brown J C, Scurlock J M O, et al. Miscanthus: European experience with a novel energy crop [J]. Biom Bioen, 2000, 19:209-227
- [4] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation [M]. UK: Cambridge University Press, 1984:249-257
- [5] Erskine W, Muehlbauer F J. Allozyme and morphological variability, outcrossing rate and core collection formation in lentil germplasm [J]. Theor Appl Genet, 1991, 83:119-125
- [6] van Hintum T J L. Comparison of marker systems and construction of a core collection in a pedigree of European spring barley [J]. Theor Appl Genet, 1994, 89:991-997
- [7] 张秀荣, 郭庆元, 赵应忠, 等. 中国芝麻核心种质的建立 [J]. 中国农业科学, 1998, 31(3):1-4
- [8] 李自超, 张洪亮, 曾亚文, 等. 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究 [J]. 中国农业科学, 2000, 33(5):1-7
- [9] 王述民, 曹永生, 胡加蓬. 中国小豆种质资源核心样品的初步建立 [J]. 华北农学报, 2002, 17(1):35-40
- [10] 董玉琛, 曹永生, 张学勇, 等. 中国普通小麦初选核心种质的产生 [J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(1):1-8
- [11] Zewdie Y, Tong N K, Bosl P. Establishing a core collection of Capsicum using a cluster analysis with enlightened selection of accessions [J]. Genet Resour Crop Evol, 2004, 51:147-151
- [12] Reddy L J, Upadhyaya H D, Gowda C L L, et al. Development of core collection in pigeonpea [Cajanus cajan (L.) Millspaugh] using geographic and qualitative descriptors [J]. Genet Resour Crop Evol, 2005, 52:1049-1056
- [13] Jansen J, Hintum T V. Genetic distance sampling; a novel sampling method for brainng core collections using genetic distances with an application to cultivated lettuce [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114:421-428
- [14] 郭大龙, 刘崇怀, 张君玉. 等. 葡萄核心种质的构建 [J]. 中国农业科学, 2012, 45(6):1135-1143
- [15] 卜海东, 张冰冰, 宋洪伟. 等. 利用 SSR 结合表型性状构建寒地梨资源核心种质 [J]. 园艺学报, 2012, 39(11):2113-2123
- [16] 李秀兰, 贾继文, 王军辉, 等. 灰楸形态多样性分析及核心种质初步构建 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(2):243-248
- [17] 李慧峰, 陈天渊, 黄咏梅, 等. 基于形态性状的甘薯核心种质取样策略研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(1):91-96
- [18] 张永兵, 伊鸿平, 马新力, 等. 新疆甜瓜地方品种资源核心种质构建 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(1):52-57
- [19] 齐永文, 樊丽娜, 罗青文, 等. 甘蔗细茎野生种核心种质构建 [J]. 作物学报, 2013, 39(4):649-656
- [20] 王丽侠, 程须珍, 王素华. 等. 中国饭豆种质资源遗传多样性及核心种质构建 [J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(2):242-247
- [21] 吴征镒, 孙航, 周浙昆, 等. 中国种子植物区系地理 [M]. 北京: 科学出版社, 2010:52-56
- [22] 胡建斌, 马双武, 王吉明, 等. 基于表型性状的甜瓜核心种质构建 [J]. 果树学报, 2013, 3(3):404-411
- [23] Brown A H D. Core collections: A practical approach to genetic resource management [J]. Genome, 1989, 31(5):818-824
- [24] 卢玉飞, 蒋建雄, 易自力. 中国芒属植物 ISSR-PCR 扩增反应体系的优化 [J]. 草地学报, 2013, 21(3):167-173
- [25] 卢玉飞, 蒋建雄, 易自力. 玉米 SSR 引物和甘蔗 EST-SSR 引物在芒属中的通用性研究 [J]. 草业学报, 2012, 21(5):86-95
- [26] 肖亮, 薛德, 蒋建雄, 等. 中国芒 (*Miscanthus sinensis*) 种质资源 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(1):31-36