

# 北方花生育成品种(系)分子标记鉴定及系谱分析

高斌, 李洪珍, 崔顺立, 郭丽果, 陈焕英, 穆国俊, 杨鑫雷, 刘立峰

(华北作物种质资源研究与利用教育部重点实验室/河北省种质资源实验室/河北农业大学农学院, 保定 071001)

**摘要:** 本研究利用从 3964 对引物中鉴定筛选到的 57 对 SSR 和 6 对 AhTE 引物对 40 份骨干亲本和 113 份北方花生育成品种(系)进行基因型扫描, 共检测到 267 个等位位点, 其中 209 个为多态性位点, 多态性比率达 78.28。引物多态性信息含量(PIC) 变幅为 0.0754~0.9217, 平均值为 0.7134。利用基因型数据进行聚类分析, 当遗传相似系数(GS) 为 0.62 时, 153 份花生材料分为 I(2 个亚群, GS 为 0.678)、II(13 个亚群, GS 为 0.774) 两个类群; 当 GS 为 0.99 时, 63 对核心引物可将 153 份种质资源完全分开, 并构建了 DNA 指纹数据库。通过遗传贡献值分析出北方花生育成品种(系)的骨干亲本主要以伏花生、狮头企和沐阳大站秧为主, 其中伏花生遗传贡献值最大(18.26), 衍生品种最多(75 份), 而在河南、河北、山东等地的伏花生衍生品种比率分别为 65.12%、70.83%、72.73%, 且衍生品种比率与遗传贡献值呈正相关。本研究将为我国北方花生新品种鉴定提供更加科学的理论依据, 为花生品种系谱修订奠定基础。

**关键词:** 花生; 分子标记; 指纹图谱; 系谱分析

## Molecular Marker Identification and Pedigree Analysis for Peanut Cultivars ( Lines ) in Northern China

GAO Bin, LI Hong-zhen, CUI Shun-li, GUO Li-guo, CHEN Huan-ying,  
MU Guo-jun, YANG Xin-lei, LIU Li-feng

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

**Abstract:** In the present study, 113 peanut varieties in Northern China and 40 key breeding parental lines were subjected for molecular genotyping, by using 57 SSR markers and 6 AhTE markers which come from 3964 candidate primers. Out of 267 detected alleles, 209 alleles showed polymorphisms with the polymorphic ratio of 78.28. The PIC of all the primers ranged from 0.0754 to 0.9217 with an average of 0.7134. Subsequently, when GS (genetic similarity coefficient) = 0.62, the cluster analysis partitioned two groups including I (including 2 sub-groups, GS = 0.678) and II (including 13 sub-groups, GS = 0.774). When GS was 0.99, a total of 153 peanut cultivars were separated by 63 core primer pairs, and a DNA fingerprint database was established. By tracing the source of varieties, Fuhuasheng, Shitouqi, and Muyangdazhanyang as main backbone parents of peanut cultivars in Northern China, were dissected by calculating the genetic contribution value and the number of derived varieties of the backbone parents. Among them, the genetic contribution of Fuhuasheng was the largest (18.26),

收稿日期: 2018-12-18 修回日期: 2019-01-20 网络出版日期: 2019-01-23

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20181218003>

第一作者研究方向为花生遗传育种, E-mail: hebeigaobin@163.com; 李洪珍为共同第一作者

通信作者: 杨鑫雷, 研究方向为花生遗传育种, E-mail: peanut@hebau.edu.cn

刘立峰, 研究方向为花生遗传育种, E-mail: liulifeng@hebau.edu.cn

**基金项目:** 国家现代农业产业技术体系建设项目(CARS-13); 河北省现代农业产业技术体系油料创新团队项目(HBCT2018090202); 河北省科技计划项目(16226301D); 河北省高等学校科学技术研究重点项目(ZD2015056); 河北省青年拔尖人才资助项目

**Foundation project:** Special Fund for Modern Agroindustry Technology Research System of China (CARS-13), Supported by the Earmarked Fund for Hebei Wheat Innovation Team of Modern Agro-industry Technology Research System (HBCT2018090202), Science and Technology R&D Program of Hebei Province (16226301D), Science and Technology Research Projects of Hebei Province Universities (ZD2015056), The Support Program for the Top Young Talents of Hebei Province

and the most derivative species (75 cultivars), while the ratio of derivatives in Henan, Hebei and Shandong provinces were 65.12%, 70.83%, and 72.73%, respectively. The ratio of derivatives was positively correlated with the genetic contribution value. Thus, this study will provide a theoretical basis on the molecular identification of peanut cultivars (lines) in Northern China, which might be valuable on the guidance of classifying peanut pedigree.

**Key words:** peanut; molecular markers; DNA fingerprint; pedigree analysis

花生是我国重要的油料作物之一,其总产约占我国油料作物的 49%,培育和推广优良花生品种对花生产业发展具有重要意义。“十二五”以来,我国北方花生新品种审定数目大幅上升,但由于长期对产量、品质、抗病等少数性状进行定向选择<sup>[1]</sup>,出现了遗传基础狭窄问题,致使育种材料单一、优良性状丢失和品种间相似性升高现象<sup>[2]</sup>。这种现象导致通过常规杂交育种获得优良品种的周期变得更长,加之大多数农艺性状属于数量性状,遗传基础复杂,易受环境影响,通过传统育种方法改良农艺性状的选择效率变得更低。随着分子标记技术的不断发展,筛选与性状紧密连锁的分子标记,将其应用于传统育种方法中,即可加快育种进程,又可提高育种效率。目前,仅有少数功能标记可短时间内获得较稳定的相关性状优良品系,如高油酸标记和抗线虫标记,大多数性状很难在短期内实现标记辅助选择育种<sup>[3]</sup>。

生产上的品种鉴定主要以形态学特征为依据,受诸多因素影响,并且对于遗传相似性较高的品种无法进行准确有效的鉴定,致使以次充好、以假乱真等品种混乱问题屡屡发生,极大地损害了育种者的权益和花生种植户的经济效益。DNA 指纹技术为育种家提供了品种鉴定的重要依据,该技术只需检测品种间基因组 DNA 的差异,不仅能完成品种鉴定工作,还不受季节影响和环境制约,用时短、效率高,已被广泛应用于种质资源分析、新品种测试、种子纯度检测等研究中<sup>[4-8]</sup>。该技术的出现也为花生品种保护开辟了一条新的途径,通过指纹技术开展资源鉴别,可使得花生种质资源不被重复保存、不易被混淆,还可避免同一品种被多次命名的现象发生。前人已对花生不同生物学类型、不同抗病材料以及近缘野生种等开展了 DNA 指纹技术的相关研究<sup>[9-13]</sup>。但到目前为止,花生 DNA 指纹数据库构建仅限于特定生态区,且品种数量较少,而对于北方区联合试验、黄淮海联合试验等多省份、多生态区的花生品种区域试验,大区内花生品种的 DNA 指纹数据库的构建显得尤为重要。目前,利用 DNA 指纹数据库全面、系统地分析花生品种系谱,能为花生分子育种提供重要依据。但前人仅对福建

省<sup>[14-15]</sup>、江苏省<sup>[16]</sup>、辽宁省<sup>[17]</sup>、吉林省<sup>[18]</sup>等省份的育成品种进行了系谱分析,品种选用区域单一,数量较少。国家花生品种及其系谱数据库<sup>[19]</sup>(<http://www.Peanutdata.cn>)中的品种数量及来源需要进一步补充完善。对花生品种进行分子鉴定和系谱分析,可使品种系谱关系更明了,更容易分析出育种所用亲本的数量、类型和来源等信息,从而为合理引种和培育出更优质的花生新品种打下坚实的基础。

因此,利用分子标记进行花生品种鉴定、指纹数据库构建及系谱分析,仍然是花生分子育种工作的重要前提。本研究利用分子标记技术,对 1949-2015 年间 113 份中国北方花生育成品种(系)和 40 份骨干亲本进行分子标记鉴定、DNA 指纹图谱数据库的建立,并进行聚类分析;同时利用各品种的血缘关系,构建以伏花生为根的系谱图,丰富我国花生的系谱数据库,同时明确我国北方花生育成品种(系)的亲本来源。该研究为中国北方花生新品种鉴定提供更加科学的理论依据,为花生品种系谱修订奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试材料为河北农业大学花生研究所提供的 153 份花生材料(表 1),其中依据禹山林<sup>[20]</sup>的《中国花生品种及其系谱》选取骨干亲本材料 40 份(一级骨干亲本 20 份:G1-1~G1-20,二级骨干亲本 20 份:G2-1~G2-20);河北省育成品种(系)24 份,河南省育成品种(系)43 份,山东省育成品种(系)33 份,其他省份 13 份。

### 1.2 分子标记鉴定及 DNA 指纹图谱构建

花生种子基因组 DNA 提取参考 Dang 等<sup>[21]</sup>从种子中提取 DNA 的方法。利用 8 份骨干亲本(伏花生、狮头企、沐阳大站秧、北京大花生、姜格庄半蔓、罗江鸡窝、文登大粒墩和五连撑破囤)对本实验室现有的 3964 对引物(3885 对 SSR 引物和 79 对 AhTE 标记)进行多态性筛选。引物信息来自 PeanutBase(<https://www.peanutbase.org/>),并由上海生工生物工程技术有限公司合成。

表 1 供试花生品种材料

Table 1 The peanut cultivars information in this study

编号 No.	名称 Name	亲本组合或来源 Cross or origin	编号 No.	名称 Name	亲本组合或来源 Cross or origin
G1-1	狮头企	广东省农家品种	J5	邢花 5 号	花选 1 号 × P13
G1-2	天津豆	天津市农家品种	J6	邢花 6 号	P13 × 花选 1 号
G1-3	协抗青	中国农业科学院油料作物研究所	J7	邢花 7 号	唐花 8 号 × 邢花 1 号
G1-4	伏花生	山东省农家品种	J8	冀花 2 号	7851-24 × 7101-43
G1-5	保 17-17 号	河北省农家品种	J9	冀花 4 号	88-8 × 8609 (7924-2 × 莱农 4-4)
G1-6	北京大花生	北京市农家品种	J10	冀花 5 号	濮 93-11 × 郑 86036-26-1
G1-7	大麻壳	江苏省农家品种	J11	冀花 6 号	濮 93-244 × 郑 86036-26-1
G1-8	勾鼻	福建省农家品种	J12	冀花 7 号	LJ9105-0-H1 × 自选 1 号
G1-9	姜格庄半蔓	山东省农家品种	J13	冀花 8 号	淮 01561 × 花选 1 号
G1-10	金堂深窝	四川省农家品种	J14	冀花 9 号	紫花生 × 白沙 1016
G1-11	开封一撮秧	河南省农家品种	J15	冀花 10 号	冀 9102 × 中化 5 号
G1-12	罗江鸡窝	四川省农家品种	J16	冀花 11 号	冀花 5 号 × 开选 01-6
G1-13	沭阳大站秧	江苏省农家品种	J17	冀花 12 号	冀 9402 × 冀 9613
G1-14	遂溪大豆	广东省农家品种	J18	冀花 13 号	冀花 6 号 × 开选 01-6
G1-15	台山三粒肉	广东省农家品种	J19	冀花 15 号	冀 9402 × 冀 9613
G1-16	佟村站秧	江苏省农家品种	J20	冀油 4 号	油麻 1-1 × 全白 1 号
G1-17	文登大粒墩	山东省农家品种	J21	唐花 9 号	唐 8802 × E-10
G1-18	五莲撑破囤	山东省农家品种	J22	唐花 10 号	冀油 5 号 × 8252
G1-19	油果	山东省农家品种	J23	唐花 11 号	8252 航空诱变
G1-20	中琉球	福建省农家品种	J24	唐花 13 号	79266 × 8802
G2-1	白沙 1016 号	狮头企 × 伏花生	V1	中花 16 号	8130 × 中花 5 号
G2-2	天府 3 号	伏花生 × 南充混选 1 号	V2	漯花 1 号	郑 9327 × 豫花 10 号
G2-3	海花 1 号	71/2-1 系选	V3	漯花 6 号	郑 9327 × 海花 1 号
G2-4	冬德 8 号	佟村 8 号 × 德阳鸡窝	V4	漯花 9 号	漯花 6 号 × 淮花 8 号
G2-5	长垣一把抓	河南省地方品种	V5	白院花 1 号	四粒红系选
G2-6	鄂花 2 号	开封一撮秧 × 伏花生	V6	白院花 2 号	吉林省育成品种
G2-7	阜花 4 号	伏花生 × 狮头企	V7	白院花 3 号	四粒红系选
G2-8	阜花 5 号	伏花生 × 狮头企	V8	吉扶 1 号	大白沙变异株系选
G2-9	贺县大花生	广西省农家品种	V9	吉扶 2 号	小白沙变异株系选
G2-10	锦交 4 号	伏花生 × 狮头企	V10	吉扶 3 号	小白沙变异株系选
G2-11	抗青 10 号	徐州 68-4 × 协抗青	V11	扶花 1 号	四粒红系选
G2-12	南充混选 1 号	罗江鸡窝混选	V12	扶花 2 号	四粒红系选
G2-13	濮阳 263	河南省地方品种	V13	扶花 3 号	四粒红变异株系选
G2-14	濮阳二糙	河南省地方品种	V14	吉花 3 号	四粒红 × 徐系 1 号
G2-15	徐系 1 号	徐州 402 × 伏花生	V15	吉花 4 号	鲁花 12 号 × 唐油 4 号
G2-16	徐州 401 号	睢宁二窝系选	V16	吉花 11 号	白沙 1016 × 鲁花 12
G2-17	徐州 402 号	沭阳大站秧系选	Y1	开农 0306	开封市育成品种
G2-18	徐州 68-4 号	徐州 402 × 伏花生	Y2	开农 0316	开农 30 × 开选 016
G2-19	湛油 1 号	狮头企 × 南径种	Y3	开农 30 号	开 83-3 × 鲁花 9 号
G2-20	中花 1 号	鄂花 3 号 × 台山珍珠	Y4	开农 36 号	开 8425 × P372577
J1	冀农花 1 号	中农 108 × J25	Y5	开农 41 号	豫花 5 号 × 豫花 1 号
J2	冀农花 2 号	平度 08 <sup>60</sup> Co 诱变	Y6	开农 49 号	豫花 7 号 × P372
J3	邢花 1 号	花 17 × RH321	Y7	开农 56 号	开农 30 × 开选 01-6
J4	邢花 4 号	8252 × 白沙 1016	Y8	开农 58 号	开农 30 × 开选 01-6

表 1(续)

编号 No.	名称 Name	亲本组合或来源 Cross or origin	编号 No.	名称 Name	亲本组合或来源 Cross or origin
Y9	开农 5 号	徐州 402 × 临系	L2	花育 16 号	鲁花 10 号 × 8233
Y10	开农 71 号	开农 30 × 开选 01-6	L3	花育 18 号	8223 × 海花 1 号 M1 (r 辐射)
Y11	开农 7 号	金堂深窝子 × 伏花生	L4	花育 19 号	79266 × 莱农 13 号
Y12	开农 8598 号	白沙 1016 × 豫花 3 号	L5	花育 20 号	伏旱 1 号 × 8644-6
Y13	濮花 21 号	鲁花 14 号 × 濮 9412	L6	花育 22 号	8014 × 海花 1 号 ( <sup>60</sup> Co)
Y14	濮花 22 号	濮阳市育成品种	L7	花育 23 号	8606-26-1 × 9120-5
Y15	濮花 23 号	濮阳 9502 × 豫花 15 号	L8	花育 24 号	鲁花 14 号 × 鲁花 11 号
Y16	濮花 25 号	濮阳市育成品种	L9	花育 25 号	鲁花 14 号 × 花选 1 号
Y17	濮花 26 号	濮阳市育成品种	L10	花育 31 号	四粒红 × <i>Arachis glabrata</i> Benth
Y18	濮花 28 号	濮 9412 × 鲁花 14	L11	花育 33 号	8606-26-1 × 9120-5
Y19	濮花 30 号	濮阳市育成品种	L12	花育 36 号	花育 16 号 × 花育 17 号
Y20	濮花 33 号	濮 9502 × 豫花 15	L13	花育 57 号	山东省花生研究所育成品种
Y21	濮花 37 号	濮阳市育成品种	L14	花育 62 号	山东省花生研究所育成品种
Y22	濮花 9519	濮 9412 × 鲁花 14	L15	花育 71 号	山东省花生研究所育成品种
Y23	豫花 1 号	徐州 68-4 × 鄂花 2 号	L16	花育 9610 号	B9-1
Y24	豫花 23 号	郑 9316-10 × 远杂 9102	L17	花育 9611 号	( <i>A. glabrata</i> × 四粒红) × 花 37
Y25	豫花 25 号	豫花 9414 × 豫花 9634	L18	鲁花 11 号	花 28 × 534-211
Y26	豫花 28 号	河南省农科院育成品种	L19	鲁花 14 号	(开农 8 号 × 混巨 5 号)F <sub>5</sub> × (开农 8 号 × 油麻 1-1)F <sub>5</sub>
Y27	豫花 41 号	河南省农科院育成品种	L20	鲁花 3 号	徐州 68-4 × 协抗青
Y28	豫花 9326 号	豫花 7 号 × 郑 86036-19	L21	鲁花 9 号	花 19 × 花 17
Y29	豫花 9327 号	郑 8710-11 × 郑 86036-19	L22	青花 1 号	丰花 1 号变异株系选
Y30	豫花 9502 号	豫花 11 × 豫花 15	L23	青花 505	青岛农业大学育成品种
Y31	豫花 9633 号	河南省农科院育成品种	L24	青花 5 号	系花 32 × 白沙 505
Y32	豫花 9719 号	豫花 9 号 × 郑 8903	L25	山花 11 号	(莱宾大豆 × 7709-2)F <sub>1</sub> ( <sup>60</sup> Coγ)
Y33	豫花 9805 号	(豫花 7 号 × 8238-12) × 豫花 15	L26	山花 15 号	98H101 × 9H269
Y34	远杂 9102 号	白沙 1016 × <i>A. Cacoense</i>	L27	山花 8 号	(白沙 1016 × NC6)F <sub>1</sub> (168Gy <sup>60</sup> Coγ)
Y35	远杂 9301 号	河南省农科院育成品种	L28	山花 9 号	(海花 1 号 × 花 17)F <sub>1</sub> ( <sup>60</sup> Co)
Y36	远杂 9307 号	白沙 1016 × (福青 × <i>A. chacoense</i> )	L29	潍花 10 号	花育 17 号 × 潍 1365
Y37	远杂 9847 号	豫花 15 × (豫花 7 号 × <i>A. sp.</i> 30136)	L30	潍花 11 号	潍花 6 号 × 90-2M1
Y38	郑农花 12 号	521-3-1-1 × 远杂 9307	L31	潍花 14 号	H24-6 × 花育 23 号
Y39	郑农花 15 号	郑州市育成品种	L32	潍花 8 号	莱农 13 号 × 79266
Y40	郑农花 3 号	郑州市育成品种	L33	潍花 9 号	鲁花 13 号 × 潍 1561
L1	花 37 号	花 80 × 徐州 68-4			

G 代表骨干亲本; J1~J24 代表河北省花生育成品种(系); Y1~Y40、V2~V4 代表河南省花生育成品种(系); L1~L33 代表山东省花生育成品种; V1、V5~V16 代表其他北方花生育成品种(系)

G represents backbone parents, J1-J24 represents peanut cultivars of Hebei province, Y1-Y40, V2-V4 represents peanut cultivars of Henan province, L1-L33 represents peanut cultivars of Shandong province, V1, V5-V16 represents peanut cultivars of the others

PCR 扩增体系、反应程序及电泳程序参考周金超<sup>[22]</sup>。从中筛选条带清晰、主带明显、多态性丰富、重复性好的引物对供试材料进行基因型扫描,统计每个引物标记在不同品种基因组 DNA 中扩增出的产物片段的大小差异,并计算每对引物的多态性位

点数以及多态性百分率、总位点数、Shannon 信息指数<sup>[23]</sup>和多态性信息指数  $PIC$ <sup>[24]</sup>。而后选用扩增条带稳定,多态性信息含量较大的标记作为核心引物,由核心引物扩增的基因型组成品种的指纹图谱。差异条带以“0”和“1”进行统计,“0”代表无带,“1”

代表有带。采用 Excel 绘制 DNA 指纹图谱。

### 1.3 聚类及系谱分析

采用 NTSYS Pc 2.11 聚类分析软件中的 Qualitative 程序计算遗传相似系数, SHAN 程序中的 UPGMA 生成聚类结果, 绘制供试品种(系)的聚类图。依据《中国花生品种及其系谱》和国家花生数据中心 (<http://www.peanutdata.cn/variety/>) 的花生品种系谱信息, 由一个或者多个骨干亲本在育成品种中贡献值的和为 1 的原则<sup>[25-26]</sup>; 以混合授粉法来培育品种时, 其母本核遗传贡献值为 0.5, 各父本享有相同的核遗传贡献值, 且和为 0.5<sup>[27]</sup>。计算骨干亲本核遗传贡献值, 统计其衍生品种数, 并绘制品种系谱结构图。

## 2 结果与分析

### 2.1 核心引物多态性及 DNA 指纹图谱

利用 8 份骨干亲本(伏花生、狮头企、沐阳大站秧、北京大花生、姜格庄半蔓、罗江鸡窝、文登大粒墩和五连撑破囤)进行引物筛选, 从中筛选多态性丰富、扩增产物带型清晰的引物, 最终筛选获得 57 对 SSR 引物和 6 对 AhTE 引物作为核心引物。利用该 63 对引物对 153 份供试材料进行基因型分析, 共获得 267 个等位位点, 其中 209 个为多态性位点, 平均多态性比率为 78.28。每对引物扩增出的等位位点数变幅为 2~10 个, 平均 4.24 个。其中引物 AHGS1692 扩增出等位位点数最多, 为 10 个(图 1A), 图 1B 为转座元件引物 AhTE0478 在部分材料中的扩增结果。PM375、GM694、GM2067 等 12 条引物扩增的等位变异数最少, 为 2 个(表 2)。

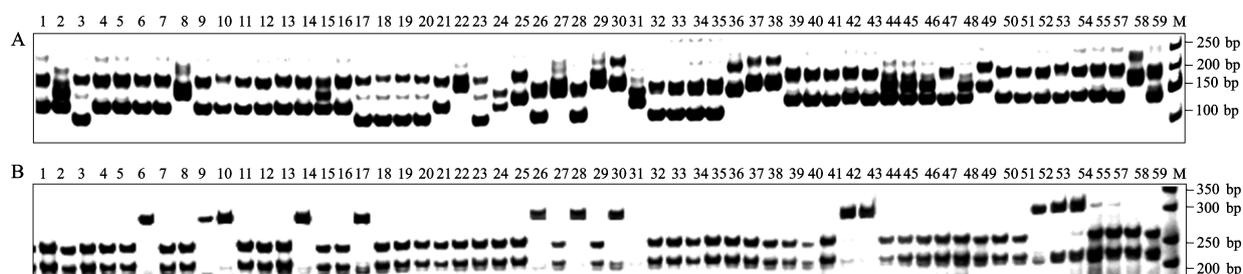
根据每对引物检测到的等位基因数及分布频率, 计算 63 对引物在不同花生品种间的 Shannon 信息指数和多态性信息指数 *PIC*。其中, 多态性引物的 *PIC* 变幅为 0.0754~0.9217, 平均值为 0.7134。引

物 AHGS1692 的 *PIC* 值最高为 0.9217, GM1573 的 *PIC* 值最低为 0.0754。Shannon 信息指数变幅为 0.1654~2.6572, 平均值为 1.4472(表 2)。依据 63 对引物扩增位点构成的多态性数据矩阵, 利用 NTSYS Pc 2.11 计算品种间的遗传相似系数, 结果表明: 在遗传相似系数为 0.988 处, 153 个花生品种分为 153 类。因此, 筛选出的 63 对 SSR 标记数据能够将 153 份供试品种有效的区分开, 利用其构建了北方花生品种的指纹数据库(图 2)。

### 2.2 花生品种特异性及亲缘关系分析

聚类分析获得花生品种(系)间的遗传相似系数。当遗传相似系数为 0.52 时, 所有材料聚为一体; 当遗传相似系数为 0.62 时, 153 份花生材料分为 I、II 两个类群(图 3); 类群 I 包含 25 份材料, 当遗传相似系数为 0.678 时, 可划分为 2 个亚群(I-1 和 I-2), 其中, I-1 亚群包含 18 个品种, 具有伏花生血统的有 8 个, 分别是花育 16 号、花育 20 号、鲁花 3 号、阜花 5 号、漂花 9 号、吉花 4 号、吉花 11 号、白沙 1016; I-2 亚群包括 7 个品种, 其中 6 个吉林省花生品种, 即白院花 1 号、白院花 3 号、扶花 1 号、扶花 2 号、扶花 3 号、吉花 3 号聚到了一起。查询其系谱发现, 除了吉花 3 号以外, 其他 5 个品种均是从四粒红中系选出来的。

类群 II 包含 128 份材料, 当遗传相似系数为 0.774 时, 又可划分为 13 个亚群。其中, 同一产区的花生品种遗传基础相似, 如山东品种多聚集在 II-1 和 II-5 亚群; 河南品种大部分聚集在 II-1 和 II-3 亚群; 河北品种相对比较分散, 说明河北省育成品种选用的亲本较多样化, 如类群 I 中的河北品种冀农花 2 号、冀花 4 号和邢花 4 号, 与山东品种的遗传基础相近。其次, 具有同一亲本的不同品种其遗传相似较高, 如中花 16 号和冀花 10 号的父本均为中花 5 号, 且同时划分于 II-4 亚群中。



A: 核心引物 AHGS1692 在部分材料中的扩增结果; B: 核心引物 AhTE0478 在部分材料中的扩增结果; M: marker (50bp ladder)  
A: Amplification result using primers AHGS1692 in part of materials, B: Amplification result using primers AhTE0478 in part of materials, M: marker (50 bp ladder)

图 1 核心引物在部分材料中的扩增结果

Fig.1 Amplification result using core primers in part of materials

表 2 引物多态性信息

Table 2 The polymorphism information of primers

引物 Primers	多态性 信息 指数 <i>PIC</i>	Shannon 指数 I	总位 点数 Total sites	多态性 位点数 Polymorphic sites	多态性比 率(%) Polymorphic ratio	引物 Primers	多态性 信息 指数 <i>PIC</i>	Shannon 指数 I	总位 点数 Total sites	多态性 位点数 Polymorphic sites	多态性比 率(%) Polymorphic ratio
AHGS1357	0.8575	2.0403	6	6	100	AHS1480	0.8690	2.1328	8	5	63
AHS1661	0.4528	0.6452	4	3	75	AhTE0254	0.7499	1.3862	2	2	100
AhTE0478	0.7233	1.3319	4	3	75	AhTE0478	0.7280	1.3416	5	3	60
Seq3A08	0.7776	1.6006	4	4	100	AhTE0633	0.7475	1.4917	3	3	100
TC42A05	0.7757	1.5840	4	3	75	AhTE1014	0.6129	1.0364	2	1	50
AHGS1171	0.7911	1.6665	4	4	100	EE16	0.7160	1.3153	5	3	60
AHGS1197	0.8535	2.0278	5	5	100	Seq14H06	0.7658	1.5689	3	3	100
AHGS1214	0.7012	1.2913	4	3	75	GM2259	0.4152	0.6058	3	1	33
AHGS1241	0.8393	1.8246	4	4	100	GM2388	0.4738	0.6667	2	1	50
AHGS1251	0.8181	1.8110	6	4	67	AhTE0552	0.6277	1.1163	2	2	100
AHGS1278	0.8390	1.9230	6	4	67	seq3B5	0.7718	1.5570	4	3	75
AHGS1286	0.7775	1.5793	3	3	100	GM1867	0.7273	1.3402	2	2	100
AHGS1329	0.8924	2.3246	6	6	100	GM1135	0.7818	1.6281	6	3	50
AHGS1342	0.7386	1.4481	4	4	100	GM1907	0.7750	1.5668	4	3	75
AHGS1382	0.8462	1.9576	6	4	67	GM1641	0.4964	0.6895	4	3	75
AHGS1385	0.7731	1.5758	3	3	100	GM2536	0.7115	1.3073	2	2	100
AHGS1394	0.7431	1.4814	3	3	100	GM1573	0.0754	0.1654	7	1	14
AHGS1510	0.7076	1.2988	2	2	100	GM625	0.6945	1.2708	6	6	100
AHGS1573	0.7210	1.3272	3	2	67	GM2536	0.7128	1.3099	2	2	100
AHGS1594	0.7273	1.3394	3	2	67	AHGS1127	0.8439	1.9656	5	5	100
AHGS1684	0.7238	1.3073	4	3	75	AHGS1296	0.7809	1.6206	3	3	100
AHGS1692	0.9065	2.4709	7	7	100	AHGS1692	0.9217	2.6572	10	10	100
AHGS1754	0.6777	1.2334	6	6	100	pPGPseq7G2	0.7165	1.3177	3	2	67
AHGS1790	0.6516	1.1739	2	2	100	PM375	0.6516	1.1739	2	2	100
AHGS1886	0.3667	0.5532	8	1	100	GM1890	0.8732	2.0723	5	4	80
AHGS1940	0.8068	1.7592	4	4	100	GM1954	0.6782	1.2348	3	2	67
AHGS1969	0.2734	0.4453	8	2	25	GM635	0.7614	1.5525	8	8	100
AHGS2108	0.4938	0.6870	3	3	100	GM1996	0.7811	1.6216	3	3	100
AHGS2782	0.7410	1.3681	3	2	67	GM660	0.8640	2.0345	4	4	100
AhM086	0.8453	1.9731	5	5	100	GM694	0.5777	0.9836	2	2	100
AHS0049	0.6263	1.0556	5	1	20	GM2067	0.7188	1.3226	2	2	100
AHS0941	0.8525	2.0172	6	5	83	平均 Mean	0.7134	1.4472	4.24	3.32	78.28



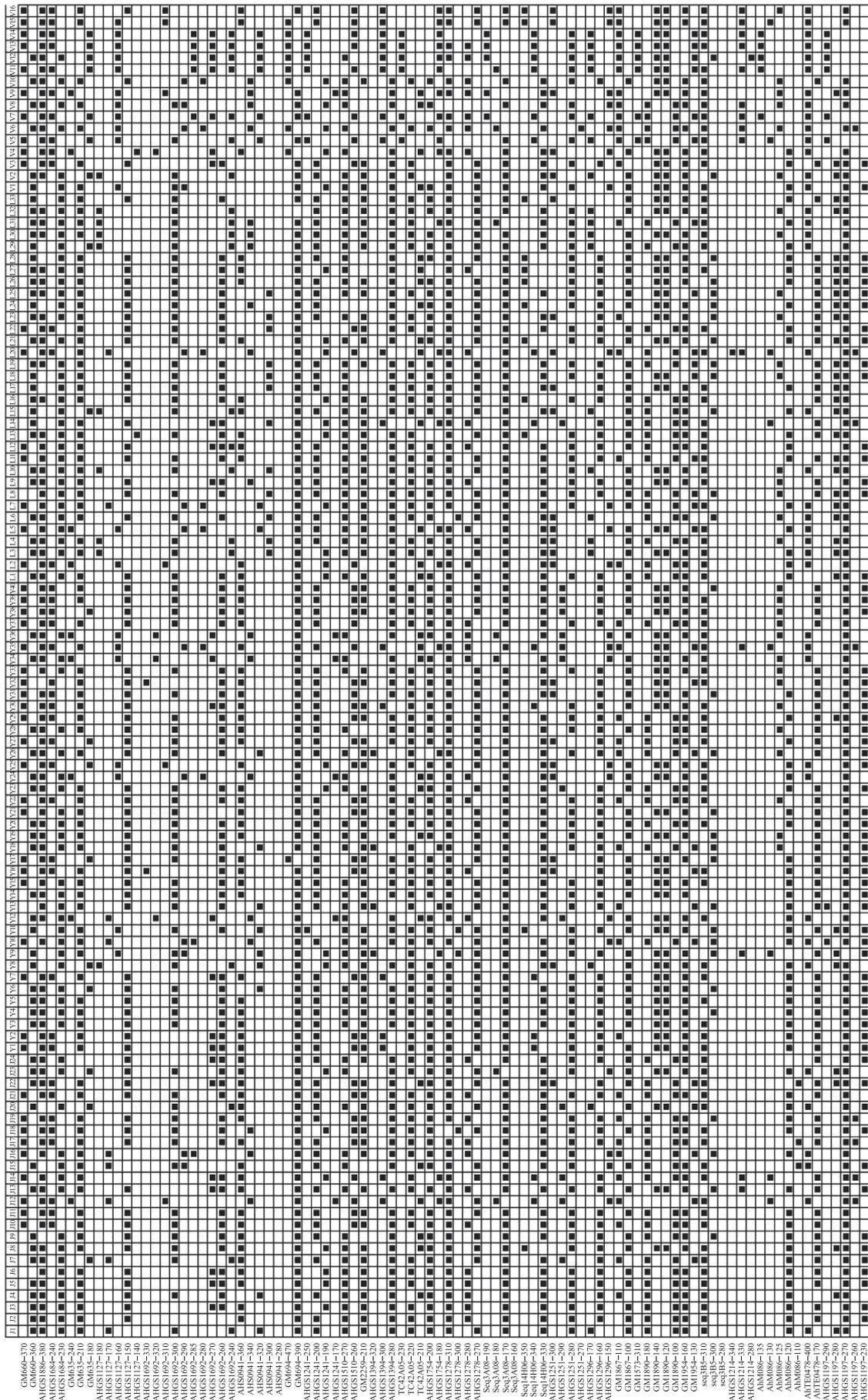


图 2 (续)

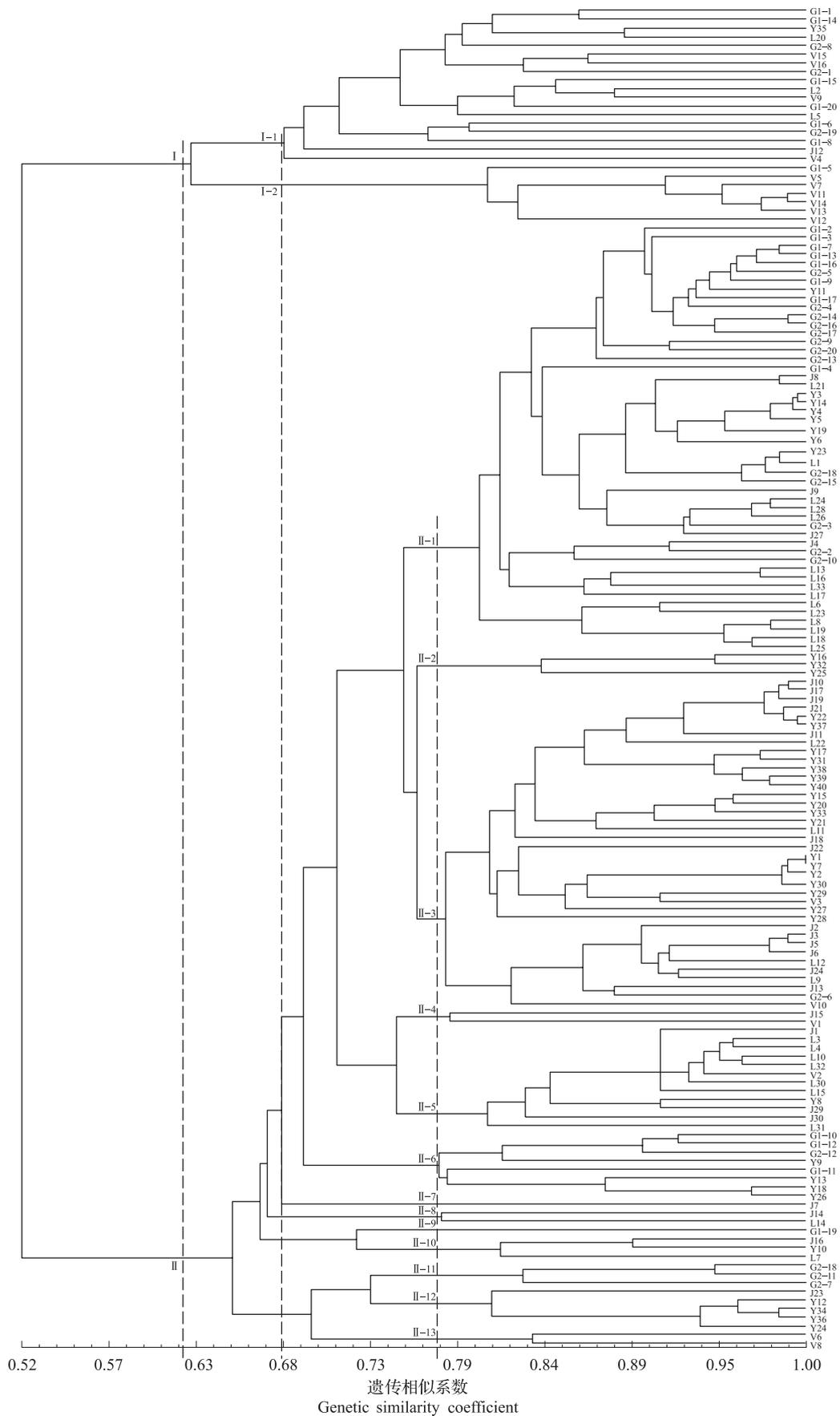


图3 153份花生材料基于63对核心引物的聚类图  
Fig.3 Dendrogram of 153 peanut materials based on 63 core primers

另外,具有相同骨干亲本的不同品种其遗传基础也相近,如 II-3 亚群包含 38 个品种,其中 19 个花生品种是由河南省育种单位选育而成,13 个花生品种是由河北省育种单位选育的,占该类的 81.6%。该亚群中含有伏花生血缘的有 26 个,含有狮头企血缘的有 16 个,含有姜格庄半蔓血缘的有 9 个,含有罗江鸡窝血缘的有 12 个,含有沐阳大战秧血缘的有 15 个,含有北京大花生血缘的有 2 个,含有大麻壳血缘的有 4 个。其他亚群同样存在类似的结果。

研究表明,聚类结果与供试材料的产地、亲缘关系均具有一定程度的相关性;地方品种及早期育成品种与其他品种(系)间的遗传相似系数较小,即遗传差异较大、遗传多样性较高。但同一地区育成的品种间遗传差异较小、遗传多样性较低。

### 2.3 系谱分析

根据《中国花生品种及其系谱》<sup>[20]</sup>、国家花生数据中心(中国花生品种及其系谱数据库 <http://www.peanutdata.cn/variety/>)以及相关资料,查找各花生品种(系)的系谱图,并绘制了北方花生育成品种(系)的系谱图(图 4)。根据系谱图,计算出北方花生育成品种(系)骨干亲本的遗传贡献值和衍生品种数量(表 3)。

系谱分析表明,我国北方花生育成品种(系)的骨干亲本主要为伏花生、沐阳大站秧、狮头企,其中一级骨干亲本河北省花生有 12 份,河南省 13 份,山东省 12 份,较其他省增加了美国花生资源兰娜。供试材料中具有伏花生血缘的骨干亲本有 75 份,如河北省的冀花 12 号、冀花 15 号、冀农花 1 号;河南省的豫花 25 号、开农 58;山东省的鲁花 3 号、花育 16 号、潍花 10 号、潍花 11 号;其他省份的吉花 4 号、吉花 11 号。其中,花 37、豫花 1 号具有 25% 伏花生血缘,且与伏花生的 GS 分别为 0.981 和 0.981;徐系 1 号与徐 68-4 具有 50% 伏花生血缘,且与伏花生的 GS 分别为 0.960 和 0.971,这些血缘关系较近的品种被聚在 II-1 亚群里。骨干亲本伏花生在河北、河南、山东等地的血缘品种率分别为 70.83%、65.12%、72.73%。河北省的品种冀花 2 号拥有最多祖先亲本数,为 17 个。河南花生品种拥有最高平均祖先亲本数,为 5 个。

拥有国外血缘的花生品种有花育 31 号、潍花 14 号、花育 23 号,其中花育 31 号含有野生种血缘;潍花 14 号除了含有美国品种兰娜的血缘外,还含有伏花生、姜格庄半蔓、文登大粒围、沐阳大战秧、狮

头企等中国骨干亲本的血缘。邢花 1 号与通过正反交培育的邢花 5 号和邢花 6 号都含有伏花生和姜格庄半蔓血缘,聚在 II-3 亚群;同样通过鲁花 14 号与濮 9412 正反交而来的濮花 21 号与濮花 28 号聚在 II-6 亚群中。骨干亲本中含有北方大花生血缘的有鲁花 14 号、冀花 2 号和花育 24 号等,聚在 II-1 亚群;骨干亲本中含有姜格庄半蔓血缘的有开农 30、花 37、花育 24 号、鲁花 11 号、鲁花 9 号和山花 9 号等,同样聚在 II-1 亚群中;冀花 12 号、冀花 15 号与冀花 5 号三者具有较高的血缘关系,聚在 II-3 亚群,拥有相同的狮头企、伏花生、罗江鸡窝、沐阳大战秧、白沙 1016、天府 3 号、南充混选 1 号和徐州 402 等骨干亲本的血缘。冀花 11 号、开农 71 和花育 23 号这 3 个品种分别来自河北、河南和山东 3 个不同省份,都具有伏花生、狮头企和沐阳大战秧 3 个骨干亲本的血缘,并聚在 II-10 亚群;花育 23 号同时还含有兰娜型花生品种血缘。由四粒红系选而来的白院花 1 号、白院花 3 号与扶花 1 号、扶花 3 号以及由四粒红与徐系 1 号杂交而来的吉花 3 号同骨干亲本保 17-17 号聚在 I-2 亚群,说明四粒红与河北省农家品种保 17-17 号具有一定的血缘关系。通过系谱分析表明,供试材料的衍生品种比率和遗传贡献值成正相关关系。伏花生的衍生品种比率最高,对应的遗传贡献值最大,在北方花生育种中的利用率较高。

## 3 讨论

### 3.1 SSR 标记与花生 DNA 指纹鉴定

从微卫星标记的发现到分子标记的不断发展,SSR 标记拥有在基因组中分布范围广、遗传信息量大、操作简单、重复性好等多个优点,张建成等<sup>[28]</sup>的研究发现,SSR 标记应用于花生品种鉴定真实有效。胡宏霞等<sup>[29]</sup>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,获得了与 5 个农艺性状显著相关的标记 12 对。孟硕等<sup>[30]</sup>通过分子标记的方法从高油酸父本 CTWE 与 4 个低油酸母本杂交后代进行分子鉴别,进而筛选获得高油酸品种。近年来,花生指纹的构建受到广大花生育种者的重视。同时 SSR 标记被广泛应用于多种作物指纹数据库的构建中,2006 年,刘冠明等<sup>[31]</sup>从 62 对 SSR 引物中挑选出扩增产物带型稳定、主带明显、影子带少、多态性信息含量(PIC)较大的 4 对 SSR 引物构建了 20 份南方花生生产区品种的指纹图谱。2012 年,詹世雄等<sup>[11]</sup>利用 12 对 SSR 引物构建了 40

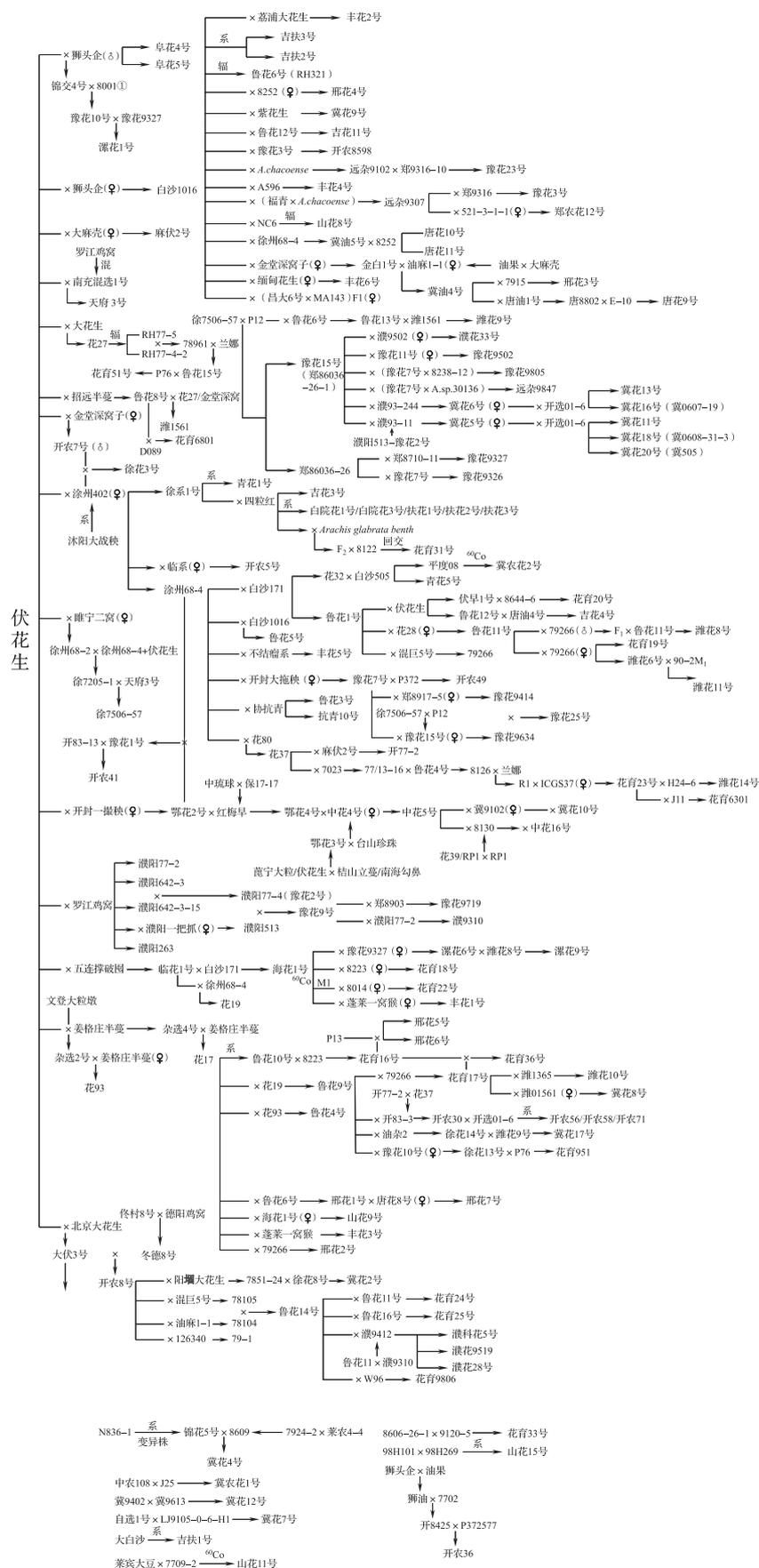


图4 以伏花生为根的中国北方花生育成品种(系)系谱图  
 Fig.4 Pedigrees of peanut cultivars with Fuhuasheng as root in Northern China

表 3 北方花生育成品种的一级骨干亲本的衍生品种信息及遗传贡献值

Table 3 Derivatives information and genetic contribution of the backbone parents of one level in Northern China

骨干亲本 Backbone parents	衍生品种数量 Number of derivatives					骨干亲本衍生品种比率(%) Ratio of derivatives					遗传贡献值 Genetic contribution				
	河北	河南	山东	其他	总和	河北	河南	山东	其他	总和	河北	河南	山东	其他	总和
	Hebei	Henan	Shandong	Others	Total	Hebei	Henan	Shandong	Others	Total	Hebei	Henan	Shandong	Others	Total
伏花生	17	28	24	6	75	70.83	65.12	72.73	46.15	66.37	3.23	7.67	5.16	2.20	18.26
狮头企	12	19	6	3	40	50.00	44.19	18.18	23.08	35.40	1.59	2.23	0.95	1.50	6.28
沐阳大站秧	7	18	14	1	40	29.17	41.86	42.42	7.69	35.40	0.42	2.51	2.26	0.25	5.44
姜格庄半蔓	5	7	14	0	26	20.83	16.28	42.42	0	23.01	1.13	0.96	2.35	0	4.44
罗江鸡窝	4	10	8	1	23	0	23.26	24.24	7.69	20.35	0.56	1.28	0.63	0.02	2.48
开封一撮秧	1	7	0	0	8	0	16.28	0	0	7.08	0.06	1.25	0	0	1.31
五连撑破囤	0	7	7	1	15	0	16.28	21.21	7.69	13.27	0	0.69	0.69	0.09	1.47
协抗青	0	2	1	0	3	0	4.65	3.03	0	2.65	0	0.28	0.50	0	0.78
金堂深窝子	3	3	1	0	7	12.50	6.98	3.03	0	6.19	0.44	0.59	0.13	0	1.16
大麻壳	2	8	3	1	14	8.33	18.60	9.09	7.69	12.39	0.31	0.47	0.25	0.06	1.09
油果	2	5	3	0	10	8.33	11.63	9.09	0	8.85	0.31	0.34	0.25	0	0.91
文登大粒墩	0	7	8	6	21	0	16.28	24.24	46.15	18.58	0	0.23	0.34	5.25	5.83
北京大花生	1	3	3	0	7	4.17	6.98	9.09	0	6.19	0.06	0.19	0.25	0	0.50
中琉球	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0.88	0.06	0	0	0	0.06
保 17-17	1	0	0	1	2	0	0	0	7.69	1.77	0.06	0	0	0.25	0.31
骨干亲本数 Number of backbone parents	12	13	12	8	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—

份珍珠豆型花生品种的指纹图谱。王燕龙<sup>[32]</sup>利用 100 对 SSR 引物对 144 份栽培花生种质进行扩增,共检测到 409 个多态性位点,平均 4.09 个。2017 年,尹亮等<sup>[13]</sup>通过 23 对 SSR 引物在 42 个花生品种中检测到 92 个等位变异,并构建了指纹图谱。本研究 SSR 标记的分析结果及指纹图谱区分花生品种的情况与王燕龙<sup>[32]</sup>的研究结果有所不同,这可能是由于所选用的标记种类、数量以及供试材料分布地理范围、数量的不同所造成的。本研究侧重于河北省、山东省、河南省等北方花生资源指纹图谱分析,将对北方花生分子标记进一步研究提供理论依据。

指纹图谱技术的出现与发展为花生品种的鉴别开辟了一条新的途径,使得花生种质资源不被重复保存、不易被混淆,还有效避免一个品种被多次命名的现象发生。唐荣华等<sup>[10]</sup>、詹世雄等<sup>[11]</sup>对珍珠豆型花生品种展开了研究,分别以 4 对、12 对 SSR 引物构建了 24 份和 40 份珍珠豆型花生品种的指纹图谱,并进行花生品种的鉴别。姜慧芳等<sup>[12]</sup>对 22 份花生属近缘野生种进行研究并构建了指纹图谱,为花生品种鉴定提供了科学依据。陈本银等<sup>[9]</sup>对 15 份高抗青枯病的野生花生材料进行研究并构建了指纹图谱,为抗青枯病野生材料育成的品种鉴定提供重要参考价值。本研究利用 63 对多态性好、条带清晰、重复性好的核心引物,构建了北方花生育成品种

(系)的指纹图谱,将河北、山东、河南等生态区的 113 份花生材料完全区分开,为将来北方花生品种鉴定提供重要的理论依据。

### 3.2 系谱分析与花生育种

随着花生育种技术的不断发展,新、旧品种更替速度不断加快,致使种间亲缘关系日益复杂,给品种鉴定和新品种审定带来很大的难度,从而影响我国花生的全面推广。进行花生品种系谱分析,育种者可以清楚地掌握品种间亲缘关系的远近,从而制定出准确有效的品种鉴定方法。此外,花生品种系谱的汇总整理,可以使品种的系谱关系更明了、更易分析出育种所用亲本的数量、类型和来源等信息,为合理引种和培育更优质的花生新品种奠定了坚实的基础。黄金堂等<sup>[14]</sup>与陈永水等<sup>[15]</sup>对福建省的花生品种系谱展开了研究,结果表明品种育成方式主要以杂交育种为主,培育花生品种的亲本主要来自福建省和广东省。间接亲缘关系的祖先亲本包含诸多国内外种质材料,但祖先亲本仍以伏花生、狮头企、协抗青在内的 8 份材料为主。沈一等<sup>[19]</sup>创建了中国花生品种及其系谱数据库(<http://www.Peanutdata.cn>),详细记载花生品种的系谱信息并建立了花生“系谱树”功能,为我国花生的系谱分析和育种工作提供极大便利。陈志德等<sup>[16]</sup>对江苏省近年来审定(鉴定)的 28 份花生品种系谱进行分析,

发现地方品种伏花生和育成品种徐州 68-4 是江苏花生品种的骨干亲本,并指出江苏审定(鉴定)的花生品种遗传背景相对狭窄的现状。于树涛等<sup>[17]</sup>分析辽宁省 1949-2012 年育成的 95 份花生品种的系谱,研究发现辽宁省部分花生品种的来源与其他省份存在差异。其中,有 12 份品种由国外花生材料经过系统选育或杂交育种培育而成。本研究对中国北方 153 份花生育成品种进行系谱分析。结果表明,伏花生、狮头企、沐阳大站秧、姜格庄半蔓、罗江鸡窝等 5 份品种是北方花生育成品种中利用率较高的骨干亲本。通过聚类分析得知,来自相同生产地区的花生品种聚到了一起,表明我国北方各地区骨干亲本利用情况相似度较高,遗传基础较狭窄。这与陈永水等<sup>[15]</sup>、陈志德等<sup>[16]</sup>、沈一等<sup>[19]</sup>的研究结果较一致。因此,更多的引进国内外优质花生种质资源,并提高其利用率,才能使花生品种选育再上一个新的台阶。

#### 参考文献

- [1] 陈静,胡晓辉,苗华荣,石运庆,禹山林. SSR 标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 360-366  
Chen J, Hu X H, Miao H R, Shi Y Q, Yu S L. Analysis of genetic diversity of peanut (*Arachis hypogaea* L.) varieties under the region tests of north China based on SSR marker. Journal of Plant Genetic Resources, 2009, 10(3): 360-366
- [2] 殷冬梅,王允,尚明照,崔党群. 花生优异种质的分子标记与遗传多样性分析. 中国农业科学, 2010, 43(11): 2220-2228  
Yin D M, Wang Y, Shang M Z, Cui D Q. Genetic diversity analysis of peanut genotypes based on molecular markers. Scientia Agricultura Sinica, 2010, 43(11): 2220-2228
- [3] 周金超,杨鑫雷,崔顺立,侯名语,陈焕英,穆国俊,刘立峰. 花生 SSR 标记与农艺性状的相关性. 作物学报, 2014, 40(7): 1197-1204  
Zhou J C, Yang X L, Cui S L, Hou M Y, Chen H Y, Mu G J, Liu L F. Correlation between SSR markers and agronomic traits in peanut (*Arachis hypogaea* L.). Acta Agronomica Sinica, 2014, 40(7): 1197-1204
- [4] Roder M, Wendehake K, Korzun V, Bredemeijer G, Laborie D, Bertrand L, Isaac P, Rendell S, Jackson J, Cooke R, Vosman B, Ganal M. Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat varieties. Theoretical & Applied Genetics, 2002, 106(1): 67-73
- [5] Röder M S, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier M H, Leroy P, Ganal M W. A microsatellite map of wheat. Genetics, 1998, 149(4): 2007-2023
- [6] Bernet G P, Bramardi S, Calvache D, Carbonell E A, Asins M J. Applicability of molecular markers in the context of protection of new varieties of cucumber. Plant Breeding, 2003, 122(2): 146-152
- [7] Tommasini L, Batley J, Arnold G M, Cooke R J, Donini P, Lee D, Law J R, Lowe C, Moule C, Trick M, Edwards K J. The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*Brassica napus* L.) varieties. Theoretical & Applied Genetics, 2003, 106(6): 1091-1101
- [8] Singh R K, Sharma R K, Singh A K, Singh V P, Singh N K, Tiwari S P, Mohapatra T. Suitability of mapped sequence tagged microsatellite site markers for establishing distinctness, uniformity and stability in aromatic rice. Euphytica, 2004, 135(2): 135-143
- [9] 陈本银,姜慧芳,任小平,廖伯寿,黄家权. 野生花生抗青枯病种质的发掘及分子鉴定. 华北农学报, 2008, 23(3): 170-175  
Chen B Y, Jiang H F, Ren X P, Liao B S, Huang J Q. Identification and molecular traits of *Arachis* species with resistance to bacterial wilt. Acta Agriculture Boreali-Sinica, 2008, 23(3): 170-175
- [10] 唐荣华,庄伟建,高国庆,韩柱强,钟瑞春,贺梁琼,周翠球. 珍珠豆型花生的简单序列重复 (SSR) 多态性. 中国油料作物学报, 2004, 26(2): 20-26  
Tang R H, Zhuang W J, Gao G Q, Han Z Q, Zhong R C, He L Q, Zhou C Q. Simple sequence repeats polymorphism among accessions of var. *Vulgaris* Harz in *Arachis hypogaea* L. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2004, 26(2): 20-26
- [11] 詹世雄,刘冠明,郑奕雄,杨灵,张平湖,庄东红. 40 个珍珠豆型花生 SSR 指纹图谱的构建. 种子, 2012, 31(6): 23-27  
Zhan S X, Liu G M, Zheng Y X, Yang L, Zhang P H, Zhuang D H. Construction of molecular fingerprinting for forty Spanish-type peanut using SSR markers. Seed, 2012, 31(6): 23-27
- [12] 姜慧芳,任小平,王圣玉,黄家权,雷永,廖伯寿. 野生花生高油基因资源的发掘与鉴定. 中国油料作物学报, 2010, 32(1): 30-34  
Jiang H F, Ren X P, Wang S Y, Huang J Q, Lei Y, Liao B S. Identification and evaluation of high oil contenting wild *Arachis* species. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2010, 32(1): 30-34
- [13] 尹亮,李双铃,任艳,石延茂,袁美. 42 个花生品种的 SSR 标记指纹图谱构建. 花生学报, 2017, 46(1): 8-13  
Yin L, Li S L, Ren Y, Shi Y M, Yuan M. Construction of molecular fingerprint for 42 peanut varieties using SSR markers. Journal of Peanut Science, 2017, 46(1): 8-13
- [14] 黄金堂,陈海玲,郑国栋,李清华,邱国清,李淑萍,谢志琼. 福建花生品种系谱及其性状演变分析. 中国农学通报, 2012, 28(27): 31-36  
Huang J T, Chen H L, Zheng G D, Li Q H, Qiu G Q, Li S P, Xie Z Q. Analysis of pedigree and evolution of traits for peanut varieties registered in Fujian. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2012, 28(27): 31-36
- [15] 陈永水,陈剑洪,郭陞垚,肖宇,陈茹艳,王金线. 福建省审(认)定花生品种系谱及主要性状遗传改良分析. 中国农学通报, 2014, 30(18): 136-144  
Chen Y S, Chen J H, Guo S Y, Xiao Y, Chen R Y, Wang J X. Analysis of pedigree and main traits improvement of peanut cultivars registered in Fujian. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2014, 30(18): 136-144
- [16] 陈志德,俞春涛,谢吉先,张祖明,刘永惠. 江苏花生品种系谱分析及农艺性状的演变. 花生学报, 2011, 40(2): 20-23  
Chen Z D, Yu C T, Xie J X, Zhang Z M, Liu Y H. Pedigree

- analysis and evolution of agronomic traits for peanut varieties registered in Jiangsu. *Journal of Peanut Science*, 2011, 40(2): 20-23
- [17] 于树涛, 于洪波, 苏君伟, 赵立仁, 史普想, 唐月异, 王秀贞, 吴琪. 辽宁花生品种系谱分析及农艺性状的演变. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(2): 423-428  
Yu S T, Yu H B, Su J W, Zhao L R, Shi P X, Tang Y Y, Wang X Z, Wu Q. Pedigree analysis and evolution of agronomic traits for peanut varieties registered in Liaoning. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2014, 15(2): 423-428
- [18] 孙晓苹, 陈小妹, 吕永超, 李春雨, 王绍伦, 刘海龙, 高华援. 吉林省花生品种系谱分析. *东北农业科学*, 2017, 42(6): 23-27  
Sun X P, Chen X S, Lv Y C, Li C Y, Wang S L, Liu H L, Gao H Y. Analysis on pedigree of peanut varieties registered in Jilin Province. *Journal of Northeast Agricultural Sciences*, 2017, 42(6): 23-27
- [19] 沈一, 鄂志国, 刘永惠, 陈志德. 中国花生品种及其系谱数据库的构建. *中国油料作物学报*, 2015, 37(4): 571-575  
Shen Y, E Z G, Liu Y H, Chen Z D. Database construction of Chinese peanut varieties and their genealogy. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2015, 37(4): 571-575
- [20] 禹山林. 中国花生品种及其系谱. 上海: 上海科学技术出版社, 2008: 1-54  
Yu S L. Peanut varieties and pedigree China. Shanghai: Shanghai Scientific & Technical Publishers, 2008: 1-54
- [21] Dang P M, Chen C Y. Modified method for combined DNA and RNA isolation from peanut and other oil seeds. *Molecular Biology Reports*, 2013, 40: 1563-1568
- [22] 周金超. 花生遗传连锁图谱构建及农艺性状的 QTL 定位分析. 保定: 河北农业大学, 2014  
Zhou J C. Genetic map construction and QTL mapping for agronomic traits in cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.). Baoding: Hebei Agricultural University, 2014
- [23] Williams J G, Kubelik A R, Livak K J, Rafalski J A, Tingey S V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 1990, 18(22): 6531-6534
- [24] Botstein D, White R L, Skolnick M, Davis R W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 1980, 32(3): 314-331
- [25] 谭正宝. 中国东北大豆育成品种(1923-2005)系谱和遗传多样性分析. 南昌: 南昌大学, 2008  
Tan Z B. The pedigree and genetic diversity on soybean cultivars released during 1923-2005 in Northeast. Nanchang: Nanchang University, 2008
- [26] 熊冬金. 中国大豆育成品种(1923-2005)基于系谱和 SSR 标记的遗传基础研究. 南京: 南京农业大学, 2009  
Xiong D J. Studies on the genetic bases of Chinese soybean cultivars released during 1923-2005 based on by pedigree and SSR marker analyses. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2009
- [27] 刘文欣. 建国以来我国棉花品种遗传改良研究. 北京: 中国农业大学, 2004  
Liu W X. Studies on genetic improvement in cotton planted in China since 1949. Beijing: China Agricultural University, 2004
- [28] 张建成, 王传堂, 杨新道. SSR 和 STS 标记在花生栽培品种鉴定中的应用研究. *植物遗传资源学报*, 2006, 7(2): 215-219  
Zhang J C, Wang C T, Yang X D. SSR and STS polymorphisms in seed testing for peanut cultivars. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2006, 7(2): 215-219
- [29] 胡宏霞, 穆国俊, 侯名语, 陈焕英, 崔顺立, 何美敬, 刘立峰. 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. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(6): 1118-1123, 1129  
Hu H X, Mu G J, Hou M Y, Chen H Y, Cui S L, He M J, Liu L F. Genetic diversity and marker-trait analysis for the peanut landraces in Hebei based on EST-SSR markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, 14(6): 1118-1123, 1129
- [30] 孟硕, 李丽, 何美敬, 崔顺立, 王鹏超, 闫丛丛, 鞠晓影, 刘立峰, 穆国俊. 高油酸花生 (*Arachis hypogaea* L.) 杂交后代 *ahFAD2B* 基因的分子标记辅助选择. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(1): 142-146  
Meng S, Li L, He M J, Cui S L, Wang P C, Yan C C, Ju X Y, Liu L F, Mu G J. Molecular marker assisted selection of *ahFAD2B* gene in high oleate peanut (*Arachis hypogaea* L.) hybrids. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, 16(1): 142-146
- [31] 刘冠明, 郑奕雄, 黎国良. 20 个花生品种的 SSR 标记指纹图谱构建. *中国农学通报*, 2006, 22(6): 49-51  
Liu G M, Zheng Y X, Li G L. SSR fingerprinting map of 20 peanut cultivars. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2006, 22(6): 49-51
- [32] 王燕龙. 花生栽培种遗传多样性的 SSR 分析及其指纹图谱的构建. 济宁: 曲阜师范大学, 2013  
Wang Y L. SSR analysis of genetic diversity of peanut cultivation and the construction of fingerprints. Jining: Qufu Normal University, 2013