

甘薯杂交 F_1 群体材料的遗传多样性研究

李艳花¹, 唐道彬², 张晓春¹, 杜成章¹, 陈红¹, 钟巍然¹, 王卫强¹, 张凯², 王季春²

(¹重庆市农业科学院特色作物研究所, 重庆 402160; ²西南大学农学与生物科技学院, 重庆 400716)

摘要:甘薯 (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) 作为世界上一种重要的粮食、饲料、工业原料及新型能源作物, 从有性生殖 F_1 选择优良实生系进行选择育种一直是甘薯育种的重要方式。为了优化甘薯杂交育种方法, 合理选配杂交组合, 提高育种效率, 本试验利用 SSR 标记研究了甘薯杂交群体基于 SSR 标记及 13 个农艺性状的遗传多样性, 得到了群体内的聚类图, 并且筛选出了甘薯的高产株系。群体 SSR 标记的聚类分析结果显示, 群体材料与各亲本遗传距离比较远, 被聚为 3 类, 而亲本单独聚在另外一类。13 个农艺性状的聚类将亲本与部分群体材料聚在了一起, 且将群体材料和亲本材料作为一个整体时, 其遗传距离的变异高达 30% 以上, 远远高于 SSR 标记所获得的遗传变异系数。

关键词:甘薯; 群体材料; 遗传多样性

Studies on Genetic Diversity among F_1 Generation Group Materials of Sweet Potato

LI Yan-hua¹, TANG Dao-bin², ZHANG Xiao-chun¹, DU Cheng-zhang¹, CHEN Hong¹, ZHONG Wei-ran¹,
WANG Wei-qiang¹, ZHANG Kai², WANG Ji-chun²

(¹Institute of Characteristic Crops Research, Chongqing Academy of Agricultural Sciences, Chongqing 402160;

²Agronomy and Biotechnology College of Southwest University, Chongqing 400716)

Abstract: *Ipomoea batatas* (L.) Lam., is an important food crop which can be used as an industry material, a new energy resource and forage crop in the world. The main method of sweet potato breeding has commonly been selecting excellent materials from sexual reproduction F_1 generation. In order to optimize the sweet potatoes hybrid breeding methods so as to match reasonable hybrid combinations and improve breeding efficiency, in this experiment, hybrid groups of sweet potato were studied based on SSR markers and 13 agronomic traits, and the cluster diagrams of the groups were obtained. High-yield strains were selected through this experiment. From cross group of SSR markers clustering analysis results, the distance between group materials and parents was far, group materials were clustered in three classes, while parents gathered in another kind. The cluster analyses based on 13 agronomic traits of sweet potato hybrid groups herded parents with some group materials together, then its variation of genetic distance was up to 30% when group materials and parents were taken as a whole, which was far higher than that of SSR markers.

Key words: sweet potato; group materials; genetic diversity

甘薯 (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) 又名番薯、红薯、山芋、地瓜、红苕等, 属于旋花科甘薯属, 为多年生草本植物, 广泛种植在全球 100 多个国家中, 在世界粮食生产中总产列第 5 位^[1-2]。常规的甘薯育种

收稿日期: 2014-03-27 修回日期: 2014-05-30 网络出版日期: 2015-02-13

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150213.0946.001.html>

基金项目:国家自然科学基金资助项目 (31101192); 重庆市应用开发计划项目重点项目 (cstc2013yykfB80010); 中央高校基本科研业务费专项 (XDJK2014B038); 重庆市“十二五”动植物良创专项 (CSTC2012ggB80007)

第一作者研究方向为杂粮育种及栽培。E-mail: 2643564261@qq.com

通信作者: 王季春, 研究方向为薯类育种及栽培。E-mail: wjchun@swu.edu.cn

张凯, 研究方向为薯类分子育种。E-mail: 450017588@qq.com

方法是基于甘薯有性杂交发生广泛分离的基础来进行的,在 F_1 实生苗当代进行人工选择,选择表现优良的株系,接着通过无性繁殖固定其优良性状和杂种优势,从而育成能在生产上可以较长时间利用的新品种^[3]。由于实生苗 F_1 株系数量繁多,每系株数少,表型极易受到环境的影响,仅仅依靠叶形、薯形、产量、基部分枝数等外部形态特征不能准确选择优良株系,也不能反映 F_1 分离情况。然而,目前的甘薯研究者大多专注于对甘薯现有品种种质资源多样性的研究^[4-8],对甘薯杂交群体具体分离情况及其与亲本的遗传差异未有详细研究。因此,作为选育甘薯新品种的重要材料,甘薯杂交群体的遗传差异研究显得尤为必要。本研究对海南自然开花条件下杂交获得的甘薯实生种进行分析,探索 F_1 的分离情况及其种性遗传特性,旨在为今后甘薯育种工作中选择方法的优化提供理论与技术支撑。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试亲本材料由西南大学薯类作物研究所提供,母本为 0505-5,父本为南 007,均为高产高淀粉含量品种(品系)。于 2010 年 12 月 20 日至 2011 年

2 月 10 日,在海南陵水县进行杂交授粉工作,待种子成熟后收获杂交种子,其中共收获杂交种子 64 粒,与亲本一起作为本试验的研究对象。

1.2 试验方法

2011 年 3 月 22 日将上述杂交组合的 64 粒甘薯杂交种子发芽、播种、育苗。6 月 23 日挂牌移栽于西南大学农学与生物科技学院薯类作物研究所歇马试验基地。其中栽培方式同一般的大田种植,垄距为 0.76 m,株距为 0.22 m,每垄固定 24 株,施肥时以 N:P:K = 5:2.5:10 的比例配施,在起垄时施入 P 肥和 K 肥,栽后 10 d 缓苗后将 N 肥作为追肥施入。其他田间管理同常规栽培。2011 年 11 月 10 日收获时分别进行考种和测产。

1.2.1 农艺性状的测量项目及其标准 测定时,参照我国甘薯品种农艺性状调查测量标准^[3],在成熟前测定叶形、叶色、叶脉色、茎粗、基部分枝数、最长蔓长、薯形、薯皮色、大中薯数、大中薯鲜薯重、小薯数和小薯鲜薯重,同时把调查的甘薯质量性状,如叶形、叶色、叶脉色、茎色、薯形、薯皮色进行形态编码,8 个数量性状,如基部分枝数、最长蔓长、茎粗、大中薯数、大中薯鲜薯重、小薯数和小薯鲜薯重转为质量多态性状并进行编码(表 1)。

表 1 甘薯农艺性状鉴定的项目及标准

Table 1 The main agronomic traits and their criteria for sweet potato evaluation

形态特征 Traits	测量标准 Criteria for measuring
1. 叶形	1 = 心形, 2 = 心带齿, 3 = 心齿状, 4 = 尖心形, 5 = 尖心带齿, 6 = 尖心齿状, 7 = 三角形, 8 = 三角形带齿, 9 = 三角形齿状, 10 = 深单缺刻, 11 = 深复缺刻, 12 = 浅单缺刻, 13 = 浅复缺刻, 14 = 鸡爪形
2. 叶色	1 = 浅绿色, 2 = 绿色, 3 = 深绿色, 4 = 浅紫色, 5 = 紫色, 6 = 深紫色, 7 = 褐色, 8 = 褐绿色, 9 = 绿边褐色
3. 叶脉色	1 = 浅绿色, 2 = 绿色, 3 = 绿带紫色, 4 = 浅紫色, 5 = 紫色, 6 = 深紫色, 7 = 紫带绿色
4. 茎色	1 = 浅绿色, 2 = 绿色, 3 = 绿带紫色, 4 = 浅紫色, 5 = 紫色, 6 = 深紫色, 7 = 紫带绿色
5. 薯形	1 = 球形, 2 = 短纺锤, 3 = 纺锤, 4 = 长纺锤, 5 = 上膨胀, 6 = 下膨胀, 7 = 筒形, 8 = 弯曲, 9 = 不规则
6. 薯皮色	1 = 白色, 2 = 浅黄色, 3 = 棕黄色, 4 = 黄色, 5 = 褐色, 6 = 粉红色, 7 = 红色, 8 = 紫红色, 9 = 浅紫色, 10 = 紫色, 11 = 深紫色
7. 基部分枝数	以茎基部 30 cm 范围内, 长度在 10 cm 以上的分枝数表示。1 ≤ 5 个; 2 > 5 个, ≤ 10 个; 3 > 10 个, ≤ 15 个; 4 > 15 个, ≤ 20 个; 5 > 20 个
8. 最长蔓长	用实际测量的主蔓长度(cm)表示。1 ≤ 50 cm; 2 > 50 cm, ≤ 100 cm; 3 > 100 cm, ≤ 150 cm; 4 > 150 cm, ≤ 200 cm; 5 > 200 cm, ≤ 250 cm; 6 > 250 cm
9. 茎粗	以实际测量的主茎最大茎粗(mm)表示。1 ≤ 5 mm; 2 > 5 mm, ≤ 10 mm; 3 > 10 mm, ≤ 15 mm; 4 > 15 mm, ≤ 20 mm; 5 > 20 mm
10. 单株大中薯鲜重	以薯块鲜重超过 100 g 以上的薯块称重(g)。1 = 0 g; 2 > 100 g, ≤ 200 g; 3 > 200 g, ≤ 300 g; 4 > 300 g, ≤ 400 g; 5 > 400 g, ≤ 500 g; 6 > 500 g, ≤ 600 g; 7 > 600 g, ≤ 700 g; 8 > 700 g
11. 单株大中薯数	以薯块鲜重超过 100 g 以上的块数表示。1 < 1 个; 2 ≥ 1 个, < 2 个; 3 ≥ 2 个, < 3 个; 4 ≥ 3 个, < 4 个; 5 ≥ 4 个, < 5 个; 6 ≥ 5 个
12. 单株小薯重	以最大直径超过 1 cm 且重量小于 100 g 的薯块测量(g)。1 ≤ 20 g; 2 > 20 g, ≤ 50 g; 3 > 50 g, ≤ 100 g; 4 > 100 g, ≤ 150 g; 5 > 150 g, ≤ 200 g; 6 > 200 g, ≤ 250 g; 7 > 250 g
13. 单株小薯数	以最大直径超过 1 cm 且重量小于 100 g 的薯块计数。1 < 1 个; 2 ≥ 1 个, < 2 个; 3 ≥ 2 个, < 3 个; 4 ≥ 3 个, < 4 个; 5 ≥ 4 个, < 5 个; 6 ≥ 5 个

1.2.2 统计分析方法 将统计的数据输入 Excel 表格,根据所调查的性状将每个性状进行编码。然后应用 DPS 12.05 专业软件进行甘薯农艺性状的聚类分析^[9],分析时先导入 Excel 数据,然后选择系统聚类,对数据进行标准化处理,种质间遗传距离采用欧氏距离,聚类方法采用类平均法(UPGMA, un-weight pair group method using arithmetic averages)。最后应用 TOPSIS 综合评价法对群体材料进行产量指标的综合评价^[10],筛选高产株系。

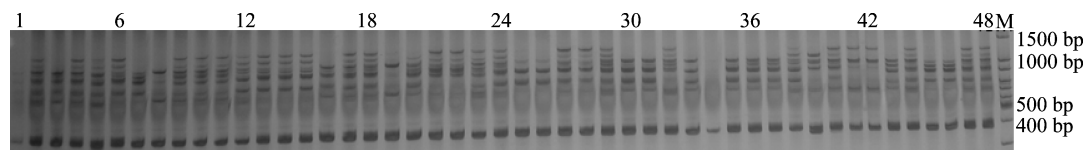
1.3 杂交群体的 SSR 标记分析方法

本试验甘薯 DNA 的提取方法借鉴 K. Ukoskit 等^[11]的 CTAB 法,根据实际情况稍作改良。引物参考前人试验^[12],从 50 对引物中筛选出 22 对进行 SSR 标记的 PCR 扩增和扩增产物的银染检测。PCR 反应体系为:10 × PCR Buffer 1.25 μL, 25 mM Mg²⁺ 0.4 μL, 10 mM dNTPs 0.2 μL, 5 U/μL Taq DNA Enzyme 0.1 μL, Forward Primer 0.5 μL, Reverse Primer 0.5 μL, ddH₂O 6.05 μL, DNA 1.0 μL, 总体积 10 μL (每个反应体系中加入 20 μL 左右矿物油,以防止反应中温度的升降而将试剂挥发完)。PCR 反应程序为:94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 45 s, 55℃ 退火 45 s,

72℃ 延伸 1 min; 35 个循环。完成后在 72℃ 条件下延伸 10 min。产物保存于 4℃ 冰箱中。最后统计 SSR 产物银染结果,以电泳后扩增条带的清晰度及可重复性为标准用于 SSR 的标记分析。每条谱带作为一个单位,有带记为“1”,无带记为“0”,缺失记为“9”,列出二元数据矩阵。标记的遗传聚类采用软件 NT-SYSp version 2.01 进行计算,方法采用 UPGMA 法,通过估算遗传相似度来对群体材料进行聚类分析。

2 结果与分析

杂交组合 0505-5 × 南 007 共收获 64 粒种子在田间的编号为 1~64 号,但是只有 56 粒种子发芽成活。所以本试验仅对这 56 粒杂交种进行了分析。通过 22 对 SSR 引物的 PCR 扩增及电泳,显示群体内 F₁ 材料间具有非常丰富的遗传多样性。每对 SSR 引物均扩增出了各不相同的 DNA 条带和谱带数,没有 1 对引物的扩增产物完全相同,表明甘薯有性生殖 F₁ 发生了比较广泛的变异。电泳结果显示各个引物均扩增出了 1~2 条主特征带,这说明同一物种内的基因组具有同一性^[13]。图 1、图 2、图 3、图 4 是部分引物对杂交群体部分材料的 SSR 扩增结果。



1~48 为 48 粒杂交种子的编号,图 2,3,4 相同

1-48 is the serial number of 48 grain of hybrid seeds, the same as in Fig. 2,3,4

图 1 SSR 引物组合 SIP027 对甘薯杂交群体部分材料的扩增结果

Fig. 1 The results of partial plants of sweet potato cross group used SSR primer SIP027

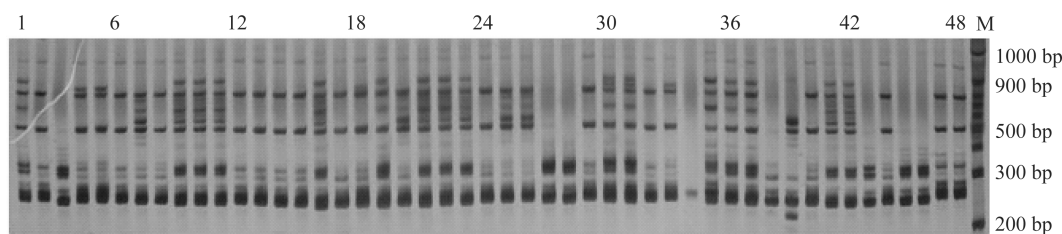


图 2 SSR 引物组合 SIP102 对甘薯杂交群体部分材料的扩增结果

Fig. 2 The results of partial plants of sweet potato cross group used SSR primer SIP102

2.1 基于 SSR 标记的遗传多样性分析

杂交 F₁ 群体材料经过 SSR 标记扩增,获得 373 条多态性谱带,根据计算出的遗传相似系数进行系统聚类,得到如图 5 所示的 SSR 标记聚类图。根据 SSR 标记计算杂交 F₁ 群体材料与其亲本间的遗传相似系数在 0.4113~0.9839 之间,

其中,遗传相似系数最大的是 51 号和 56 号材料,为 0.9839;遗传相似系数最小的是 0505-5 和 39 号,为 0.4113,亲本与群体材料间的遗传相似系数均比较小,杂交后代与亲本材料之间有一定的差异。其中平均遗传相似系数为 0.7329,变异系数为 15.12%。

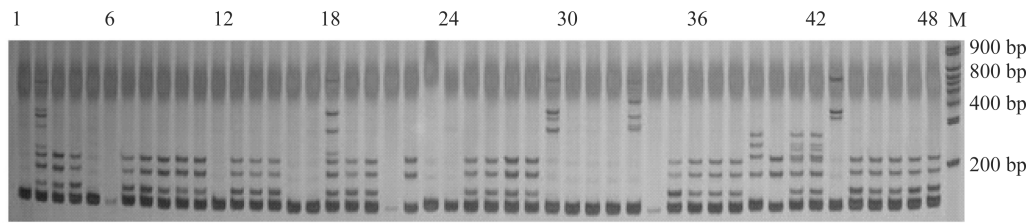


图 3 SSR 引物组合 SIP114 对甘薯杂交群体部分材料的扩增结果

Fig. 3 The results of partial plants of sweet potato cross group used SSR primer SIP114

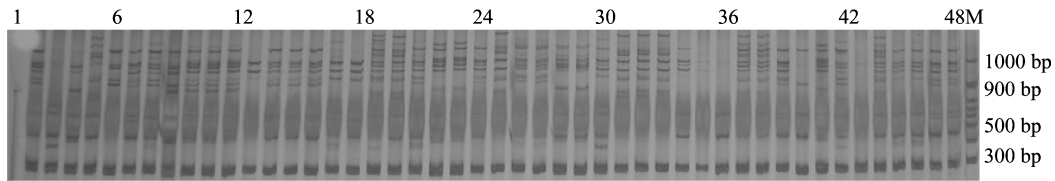


图 4 SSR 引物组合 SIP137 号对甘薯杂交群体部分材料的扩增结果

Fig. 4 The results of partial plants of sweet potato cross group used SSR primer SIP137

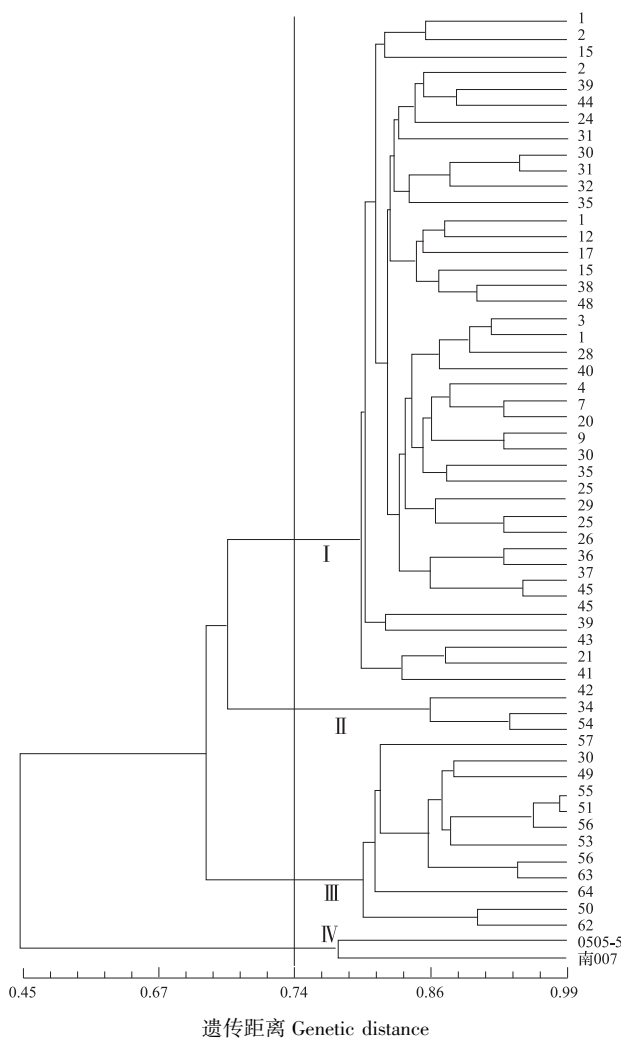


图 5 甘薯群体 SSR 标记系统聚类图

Fig. 5 UPGMA dendrogram of sweet potato group materials based on SSR markers

当 $L = 0.74$ 时,杂交群体 56 份材料及其亲本被聚为 4 类,第 I 类有 41 份材料,占群体总数的 73.21%;第 II 类有 3 份材料,占群体总数的 5.36%;第 III 类有 12 份材料,占群体总数的 21.43%;第 IV 类为 2 个亲本材料。

2.2 基于农艺性状的遗传多样性分析

根据 13 个农艺性状对群体进行系统聚类,得到系统聚类图 6,由图 6 可知,在对群体 56 份材料和亲本的聚类结果中,遗传距离最大的是 2 号和 54 号材料,遗传距离为 10.5347;遗传距离最小的是 39 和 16 号材料,遗传距离为 0.3383。群体材料和亲本的平均遗传距离为 4.8455,变异系数为 32.78%。

与基于分子标记的聚类图不同,农艺性状的聚类图中亲本没有被单独聚为一类,而是和群体材料聚在了一起。当 $L = 4.92$ 时,杂交群体 56 份材料及其亲本被聚为 4 类,第 I 类只有 2 份群体材料;第 II 类有 47 份材料,为参试材料的大多数,其中包括 2 份亲本材料;第 III 类有 8 份材料;第 IV 类为 1 份群体材料。

2.3 甘薯高产株系的筛选

根据产量指标及前人研究的与甘薯产量性状有关的农艺性状^[14],用调查所得的性状数据对甘薯群体材料的产量做综合分析^[15],TOPSIS 综合评价法分析结果如表 2 所示,采用大薯数、大薯重、基部分枝数、最长蔓长、最大茎粗等 5 个与产量直接或间接相关的指标对各群体材料进行分析,TOPSIS 综合指标得分高者具有较高的产量优势,以综合指标值为依据对群体材料及亲本进行排序,得到产量优

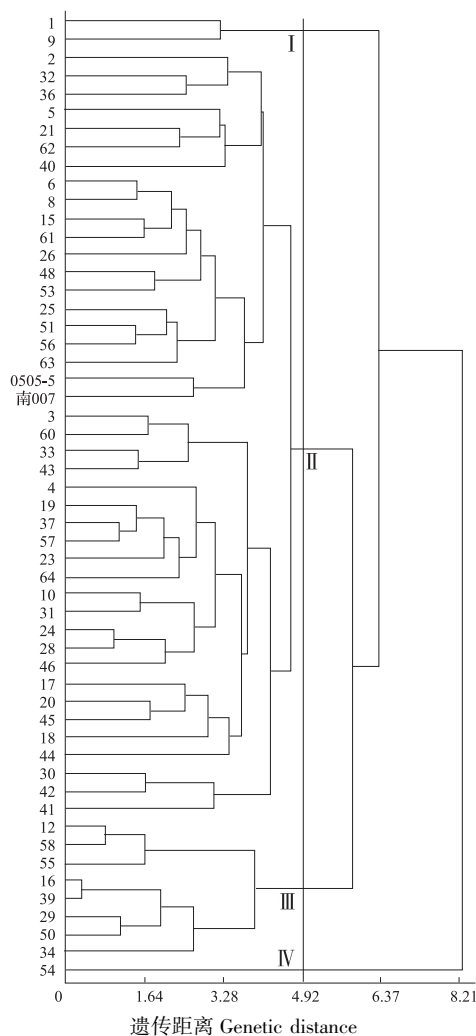


图 6 甘薯群体农艺性状系统聚类图

Fig. 6 UPGMA dendrogram of sweet potato group materials based on agronomic traits

势名次。表 2 中只例举出了产量优势高于亲本的所有单株及部分与亲本表现相当的单株,其中编号为 40、2、5 及 32 的单株在产量性状的表现上有超亲优势,编号为 61 和 62 的单株与亲本材料产量表现差

异不大,它们和其他单株相比在产量上均表现一定的优势。这些材料可以与群体里的低产材料结合,据本试验所得的 SSR 标记进行高产相关基因的分析,进而能够挖掘高产相关基因。这些重要的甘薯群体材料,在下一年扩繁后,可以进一步得到淀粉含量、花青素含量、干率等甘薯品质指标数据,进而进行相关品质性状的基因研究,在今后甘薯转基因育种研究中发挥更大的作用。

3 结论与讨论

3.1 结论

在群体 SSR 标记的聚类分析结果中,有一个共同点是群体材料与其亲本遗传距离比较远,群体材料被聚为 3 类,而亲本单独聚在另外一类,其原因可能是两个亲本之间本身的遗传相似性较小,杂交群体后代获得基因相对比较均衡,则这个群体的材料可能会出现与两个亲本在聚类图上相距较远的情况。研究获得的结果对实际育种工作来说,遗传多样性越丰富则越有利,趋同则不利^[16]。

13 个农艺性状对甘薯杂交群体的聚类分析结果与 SSR 标记所获结果有所差异,农艺性状的聚类将亲本与部分群体材料聚在了一起,且将群体材料和亲本材料作为一个整体时,其遗传距离的变异高达 30% 以上,远远高于 SSR 标记所获得的遗传变异系数,产生这些差异的原因很可能与不利环境条件有关,也与调查时产生的误差有关。因为每个株系繁殖出的单株数量最多的也才有 3 个,部分株系只有一个单株,调查时产生误差的几率较大,且由于环境条件的影响,有些单株没有结薯,或者结薯数量过少,对薯形、薯皮色及鲜薯产量等指标的调查影响很大,一定程度上导致了形态聚类和 SSR 标记聚类分析结果的差异。

表 2 应用 TOPSIS 评价法对群体材料产量性状的综合比较

Table 2 Comprehensive comparison of yield traits for group materials by TOPSIS evaluation

单株(株系)	大中薯重(g)	大中薯数	基部分枝数	最长蔓长(cm)	最大茎粗(mm)	指标	名次
Individual plants (Strain)	Weight of larger and middle tubers	Number of larger and middle tubers	Plant branch	Maximum length of vine	Maximum diameter of stem	Composite indicator	Ranking
40	205.41	1.0	24	120	16.15	0.6136	1
2	510.60	1.0	18	90	13.77	0.5675	2
5	237.71	2.0	12	150	21.15	0.5456	3
32	438.35	2.0	9	150	14.69	0.4981	4
0505-5	455.00	2.6	5	230	9.39	0.4740	5
61	317.02	2.0	10	120	12.76	0.4303	6
南 007	340.00	2.2	5	200	10.07	0.4228	7
62	439.18	1.0	8	110	16.57	0.4190	8

3.2 讨论

在进行聚类分析时,理想的条件是统计整个基因组 SSR 位点的基因数目和其变化情况,并进行科学分析。在该试验中只引用了 22 对 SSR 引物,标记位点对整个基因组的覆盖率不完全。故聚类结果不可避免地存在一定的误差。然而,SSR 所得的数据是在分子水平上进行的,不受环境的影响,其数据代表 DNA 分子中某些序列,这些序列可能与某些性状有关,能够更加准确地反映材料间的遗传差异。

由于表现型值是基因型值与环境互作的结果,容易受到环境因素的影响,在不同的生态条件下,表现型值均会受到不同程度的影响,因此,应最大限度地降低环境因素所造成的变异方差。用农艺性状来研究甘薯的遗传多样性,得到的聚类分析图和 SSR 分子标记的聚类结果一方面有一些相同点,同时也存在一定差异,但是最后的结果都在不同层面上揭示了甘薯杂交群体 F_1 的遗传多样性。SSR 标记获得的多态性位点不一定是肉眼可见的形态学性状上的表现,如能够表现出来,也可能被忽略,因此,在进行农艺性状的调查时应该多调查几个农艺性状,同时,设计有针对性的引物序列,让它范围更广,有形态学性状差异的位点都可以用 SSR 等位位点的形式标记出来,以尽可能增加与分子标记聚类结果的吻合性。

参考文献

- [1] 赵冬兰,郑立涛,唐君,等. 甘薯种质资源遗传稳定性及遗传多样性 SSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(3):34-39
- [2] 张凯,罗小敏,王季春,等. 甘薯淀粉产量及相关性状的遗传多样性和关联度分析[J]. 中国生态农业学报,2013,21(3):365-374
- [3] 陆漱韵,刘庆昌,李惟基. 甘薯育种学[M]. 北京:中国农业出版社,1998:55-58
- [4] 李强,刘庆昌,翟红,等. 中国甘薯主要亲本遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 作物学报,2008,34(6):972-977
- [5] 罗小敏. 国内主要甘薯种质资源的遗传多样性研究[D]. 重庆:西南大学,2009
- [6] 吴洁,谭文芳,阎文昭,等. 甘薯种质资源亲缘关系 SRAP 标记分析[J]. 四川大学学报:自然科学版,2007,44(4):878-882
- [7] 黄洁,甘学德,苏明,等. 紫、红黄肉甘薯种质遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(4):646-650
- [8] 张凯,罗小敏,蒋玉春,等. 甘薯种质资源的 SRAP 鉴定及遗传多样性分析[J]. 核农学报,2013,27(5):568-575
- [9] 阎文昭,王大一,李晋涛,等. 22 个甘薯品种(系)遗传背景的图谱分析[J]. 农业生物技术学报,1997,5(1):40-46
- [10] 陶爱芬. 红麻优异种质综合评价及其 ISSR 分子标记研究[D]. 福州:福建农林大学,2004
- [11] Ukoskit K, Thompson P G, Watson J C E, et al. Identifying a randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) marker linked to a gene for root knot nematode resistance in sweet potato[J]. J Am Soc Hort Sci,1997,122:818-821
- [12] Huang J C, Sun M. Genetic diversity and relationships of sweet potato and its wild relatives in *Ipomoea* series *Batatas* (Convolvulaceae) as revealed by inter-simple sequence repeat (ISSR) and restriction analysis of chloroplast DNA[J]. Theor Appl Genet, 2000,100(7):1050-1060
- [13] 盖钧镒. 植物种质群体遗传结构改变的测度[J]. 植物遗传资源学报,2005,6(1):1-8,14
- [14] 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
- [15] 殷冬梅,张幸果,王允,等. 花生主要品质性状的主成分分析与综合评价[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(4):507-512,518
- [16] He X Q, Liu Q C, Wang Y P, et al. Analysis of genetic diversity among sweet potato landraces in China[J]. Agric Sci China, 2004,12:9-16
- [13] Zbezu M, Vos P. Selective restriction fragment amplification: a general method for DNA fingerprinting [M] Paris: European Patent Application, European Patent Office, 1993
- [14] 李学俊,舒志明. 薏苡主要农艺性状的相关及通径分析[J]. 中国农学通报,2010,26(16):349-352
- [15] 李英材,覃祖贤. 广西薏苡资源性状分析与分类[J]. 西南农业学报,1995,8(4):109-113
- [16] 王硕,张世鲍,何金宝,等. 薏苡资源性状的主成分和聚类分析[J]. 云南农业大学学报,2013,28(2):157-162
- [17] 裴鑫德. 多元统计分析及其应用[M]. 北京:北京农业大学出版社,1990:213-235
- [18] 莫惠栋. 江浙沪大麦品种农艺性状的聚类分析[J]. 中国农业科学,1983,20(1):28-35
- [19] 张逸鸣,李英慧,郑桂萍,等. 吉林省大豆育成品种的遗传多样性特点分析[J]. 植物遗传资源学报,2007,8(4):456-463
- [20] 殷冬梅,张幸果,王允. 花生主要品质性状的主成分分析与综合评价[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(4):507-512,518
- [21] 朱世杨,张小玲,刘庆. 等. 花椰菜自交系主要形态性状的主成分分析和聚类分析[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(1):77-82
- [22] 陈书霞,周静,申晓青,等. 大蒜种质产量和品质性状主成分聚类分析与综合评价[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(3):429-434
- [23] 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
- [24] 张素君,邱杨,宋江萍,等. 萝卜种质资源耐抽薹性鉴定评价[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(2):262-269
- [25] 盖钧镒. 作物育种学各论[M]. 北京:中国农业出版社,1995
- [26] 段利云,毛通强,阳标仁,等. 甘蓝型油菜主要农艺性状的主成分和聚类分析[J]. 山地农业生物学报,2007,26(5):381-385
- [27] 杨志清,何金宝,农丕忠. 云南薏苡种质资源形态和经济性状评价[J]. 云南农业大学学报,2011,26(2):185-189
- [28] 汤章成. 现代植物生理学实验指南[M]. 北京:科学出版社,1999:127-128,303,305-306
- [29] 于同泉,刘宗萍,路萍,等. 水分胁迫小麦 SOD、MDA 动态变化与抗寒性的关系[J]. 北京农学院学报,1995,10(1):22-25

(上接 281 页)