

宁夏春小麦矮秆基因分子标记检测分析

刘凤楼, 贾影影, 陈丽萍, 郭立静, 刘宝, 王掌军, 刘生祥 (宁夏大学农学院, 宁夏银川 750021)

摘要 [目的]分析宁夏春小麦育种材料常用矮秆基因的分布,为本地小麦改良株高性状提供理论依据。[方法]以宁夏大学小麦遗传育种实验室212个(其中54个材料由中国农业科学院引进)春小麦育种亲本为材料,调查其株高、穗长、穗下茎节等农艺性状,利用分子标记检测分析材料中常用矮秆基因 *Rht-B1b*(*Rht1*)、*Rht-D1b*(*Rht2*)和 *Rht8* 的分布。[结果]中国农业科学院引进材料的株高、穗长、穗下茎节的平均值(分别为69.2、7.8、28.5 cm)明显低于现有亲本材料(分别为83.6、11.1、32.0 cm)。矮秆基因检测发现166份材料携带 *Rht-B1b* 基因,占总检测材料的75.1%;88份材料含有 *Rht-D1b* 基因,占39.8%;191份材料含 *Rht8* 基因,占总检测材料的86.4%。携带 *Rht-D1b* 基因的9个材料同时含有 *Rht-B1b* 和 *Rht8* 基因。其中,引进材料中 *Rht8*、*Rht-B1b*、*Rht-D1b* 分别占85.1%、72.0%、33.3%,与整体材料中各矮秆基因分布相似。[结论]目前宁夏春小麦育种材料中普遍含有矮秆基因 *Rht8*,其次是 *Rht-B1b*,但主栽品种和主推品种以及核心育种亲本材料均含有 *Rht-D1b*,即现有亲本材料中含 *Rht8+Rht-B1b* 的材料所占比例较 *Rht8+Rht-D1b* 多,但新培育的品种以含有 *Rht8+Rht-D1b* 为主。这可能是主栽品种宁春4号(*Rht8+Rht-D1b*)在当地长期种植,并作为育种骨干亲本被长期利用的结果。

关键词 春小麦;矮秆基因;*Rht-B1b*;*Rht-D1b*;*Rht8*;分子标记

中图分类号 S512.1⁺2;S338 **文献标识码** A **文章编号** 0517-6611(2017)36-0127-04

Molecular Marker Analysis for Dwarfing Genes of Spring Wheat in Ningxia

LIU Feng-lou, JIA Ying-ying, CHEN Li-ping et al (School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021)

Abstract [Objective]To study the distribution of common dwarfing genes in spring wheat breeding materials in Ningxia for providing theoretical basis to improve the plant height traits of local wheat. [Method]For improving the plant height, specific molecular markers were used to detect the distribution of dwarfing genes *Rht-B1b*, *Rht-D1b* and *Rht8* in Ningxia spring wheat. Agronomic traits such as plant height, spike length, peduncle length, length of the second and third internode from top were investigated in 212 spring wheat genotypes (among them, 54 spring wheat genotypes were introduced from Chinese Academy of Agricultural Sciences). [Result]The average value of plant height, spike length and peduncle length of local materials (83.6, 11.1, 32.0 cm) were significantly higher than the introduced genotypes (69.2, 7.8, 28.5 cm). Dwarfing genes analysis revealed that 166 (75.1%) genotypes with *Rht-B1b*, 88 (39.8%) genotypes with *Rht-D1b*, 191 (86.4%) genotypes with *Rht8*. Besides, there are 9 introduced genotypes containing all three genes, and the distribution of the three genes in the introduced materials were similar with the local materials that each gene *Rht8*, *Rht-B1b*, *Rht-D1b* accounted for 85.1%, 72.0%, 33.3% of the total amount respectively. [Conclusion]The *Rht8* gene extensively distributed in Ningxia spring wheat then *Rht-B1b*. Although, the local varieties and breeding cultivars were all bringing with *Rht-D1b* but *Rht8+Rht-B1b* genotypes were much more than *Rht8+Rht-D1b*. The reason for new released varieties mainly containing *Rht8+Rht-D1b* is possibly because of the local cultivar Ningchun 4 (*Rht8+Rht-D1b*) cultivated for long time and as a primary breeding material adopted in local area.

Key words Spring wheat; Dwarfing gene; *Rht-B1b*; *Rht-D1b*; *Rht8*; Molecular marker

20世纪60年代以来,作物矮化育种已成为近代作物高产育种的重大突破。人们将矮秆基因在作物改良中的应用称为“绿色革命”。自此,人们对矮秆基因的研究和利用从未间断。利用矮秆基因调节株高是世界各国小麦育种的核心目标之一,同时也是培育高产和超高产小麦品种的主要策略之一^[1]。适度地降低植株株高常与提高小麦抗倒伏性、提高收获指数和产量潜力相关。矮秆基因 *Rht-B1b*(*Rht1*)、*Rht-D1b*(*Rht2*)和 *Rht8* 的利用极大地促进了世界范围内小麦产量的增加。常规育种与分子标记辅助选择技术的紧密结合已经成为今后小麦育种的发展方向。各国普遍重视简便、实用和可靠的分子标记的开发,验证与利用,分子标记技术的发展为准确快速检测鉴定矮秆基因提供了可能^[2]。小麦 *Rht* (*Reduced height*) 基因是目前生产上利用较多的控制株高的主效基因。*Rht-B1b*(*Rht1*)、*Rht-D1b*(*Rht2*)和 *Rht8* 是我国常用的矮秆基因^[3]。了解现有小麦品种和骨干亲本的矮秆基因分布有助于对株高和产量潜力的改良。该研究以

宁夏现有春小麦品种(系)及亲本材料为对象,分析材料的相关农艺性状和常用矮秆基因的分布情况,拓宽对现有春小麦品种(系)及亲本材料遗传背景的了解,为宁夏春小麦品种选育中株高性状的选择与利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料 212份春小麦品种(系)及亲本材料,其中,54份从中国农业科学院引进的矮秆材料编号为P01~P54;165份本地材料编号为P001~P165,包含宁春4号、宁春40号、宁春44号、宁春45号、宁春50号、宁春53号、宁2038、J058等现有品种或品系以及由西北农林科技大学农学院和宁夏农林科学院生物技术中心馈赠的矮秆材料MagnifM1;54份引进材料中部分晚熟被淘汰,最终保留了47份材料。

1.2 农艺性状测量 小麦成熟期,每个材料随机选取3个样点收获5~10株,并从中选取3个完整植株,分别测量株高、穗长、穗下茎节长、倒二茎节长、倒三茎节长,统计平均值。

1.3 DNA提取 在小麦拔节前取各材料幼叶样品1~2g,采用SDS法提取样品DNA,用琼脂糖凝胶电泳法测定DNA浓度。

1.4 矮秆基因 *Rht-B1b*(*Rht1*)、*Rht-D1b*(*Rht2*)和 *Rht8* 分子标记检测

1.4.1 PCR扩增引物。矮秆基因 *Rht8*、*Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 标记序列信息见表1。其中 *Rht-D1a* 和 *Rht-B1a* 分别

基金项目 国家自然科学基金项目(31301305);宁夏回族自治区农业育种专项(2013NYYZ-02);宁夏大学国家级大学生创新项目。

作者简介 刘凤楼(1981—),女,陕西西洲人,讲师,博士,从事植物分子育种研究。

收稿日期 2017-09-20

为 *Rht-D1b* (*Rht2*) 基因和 *Rht-B1b* (*Rht1*) 基因位点的野生型,被检测材料的 *Rht1* 和 *Rht2* 基因位点分别应用其对应

的突变型和野生型 2 对特异引物进行相互验证检测。缺失数据采用 PCR 试剂盒重复试验,并进一步检测扩增结果。

表 1 矮秆基因 *Rht8*、*Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 标记序列信息

Table 1 Marker sequence information of dwarfing gene *Rht8*, *Rht-B1b* and *Rht-D1b*

矮秆基因 Dwarfing gene	分子标记名称 Marker name	序列(5'-3') Sequence (5'-3')	目标片段 Target band bp	退火温度(T_m) Annealing temperature ℃	参考文献 Reference
<i>Rht8</i>	Xgwm261-F	CTCGCGCTACTAGCCATTG	192	60	[4]
	Xgwm261-R	CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTA			
<i>Rht-D1b</i>	DF	CGCGCAATTATTGGCCAGAGATAG	254	63	[4]
	MR ₂	CCCCATGGCCATCTCGAGCTGCTA			
<i>Rht-D1a</i>	DF ₂	GGCAAGCAAAGCTTCGCG	264	63	[4]
	WR ₂	GGCCATCTCGAGCTGCAC			
<i>Rht-B1b</i>	BF	GGTAGCGAGCGAGAGGCGAG	256	68	[9]
	MR ₁	CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTA			
<i>Rht-B1a</i>	BF	GGTAGCGAGCGAGAGGCGAG	237	68	[9]
	WR ₁	CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTG			

1.4.2 PCR 扩增体系。PCR 反应体系为 10 μ L: 10 \times *Taq* DNA 聚合酶 Buffer 1.0 μ L, 1 mmol/L dNTP 1.0 μ L, 25 ng/ μ L DNA 模板 2.0 μ L, 1 μ mol/L Forward Primer 1.5 μ L, 1 μ mol/L Reverse Primer 1.5 μ L, 25 mmol/L Mg²⁺ 0.6 μ L, 5 U/ μ L *Taq* 聚合酶 0.1 μ L, ddH₂O 补至 10 μ L。

1.4.3 PCR 扩增程序。95 $^{\circ}$ C 5 min; 95 $^{\circ}$ C 30 s, 60 $^{\circ}$ C/63 $^{\circ}$ C/68 $^{\circ}$ C 45 s, 72 $^{\circ}$ C 30 s, 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 5 min, 4 $^{\circ}$ C 保存。

1.4.4 PCR 结果检测。*Rht1* 及 *Rht2* 基因野生型和突变型的 PCR 产物在 1.2% 琼脂糖凝胶中以溴酚蓝作为指示剂,用溴化乙锭染色,0.5 \times TBE 缓冲液 120 V 恒压电泳(DYY-6B 型稳压稳流电泳仪)40 min。电泳结果由宁夏大学农学院遗传育种实验室全自动凝胶成像系统观察并保存。*Rht8* 基因的扩增产物采用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳经银染检测后记录目的条带。

2 结果与分析

2.1 农艺性状调查结果

2.1.1 212 份材料株高分布。由图 1 可知,212 份材料株高集中在 56.48 ~ 102.85 cm,其中 67.39 cm 处有一个峰值,主要是由于北京引进材料株高整体偏低所引起(平均株高为 69.24 cm)。另外一个峰值由剩余 167 个材料株高数据产生,这些材料的株高平均值为 83.57 cm。由调查数据得出北京引进材料整体株高低于本地材料,材料中也有极端高和极端矮的类型。

2.1.2 212 个材料穗长分布。由图 2 可知,212 份材料穗长其中一个峰值出现在 7.35 cm,这个峰值处的穗长明显低于随后出现的 3 个峰值(分别出现在 10.31、11.05 及 11.79 cm),说明由中国农业科学院引进的矮秆材料不但株高整体低于本地材料,而且其穗长普遍较短。

2.1.3 212 份材料穗下茎节长分布。由图 3 可知,所有材料穗下茎节长集中在 24.94 ~ 42.02 cm,仅出现了单峰。与株高数据分布不同,穗下茎节长数据分布集中且均匀。

2.1.4 212 份材料倒二茎节长与倒三茎节长分布。由图 4、5 可知,倒二及倒三茎节长分布都很集中但倒二茎节平均长度

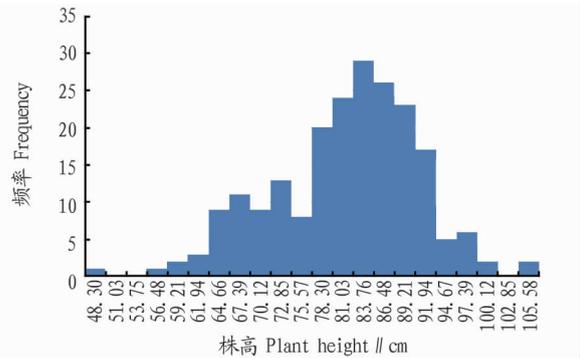


图 1 212 份材料株高频数分布

Fig. 1 Plant height frequency of 212 wheat materials

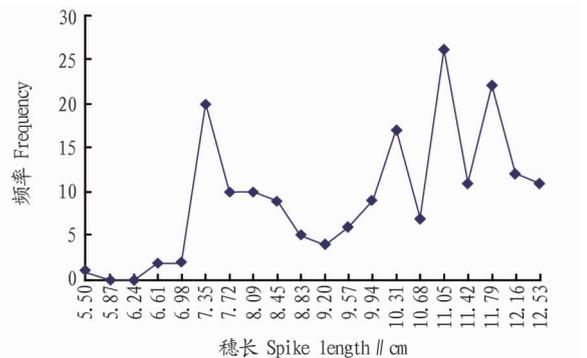


图 2 212 份材料穗长频数分布

Fig. 2 Spike length frequency of 212 wheat materials

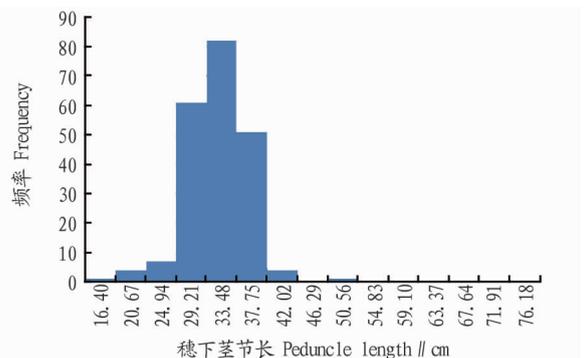


图 3 212 份材料穗下茎节长频数分布

Fig. 3 Peduncle length frequency of 212 wheat materials

(19.64 cm)明显大于倒三茎节平均长度(11.70 cm)。

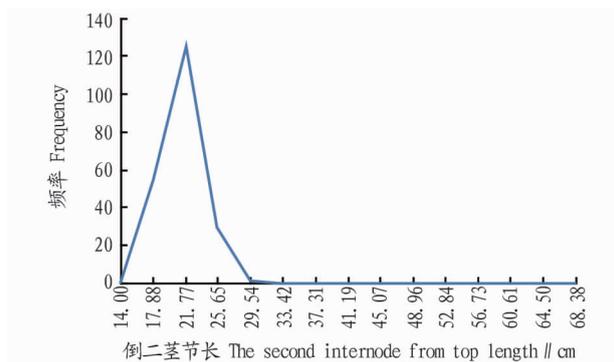


图4 212份材料倒二茎节长频数分布

Fig.4 The second internode from top length frequency of 212 wheat materials

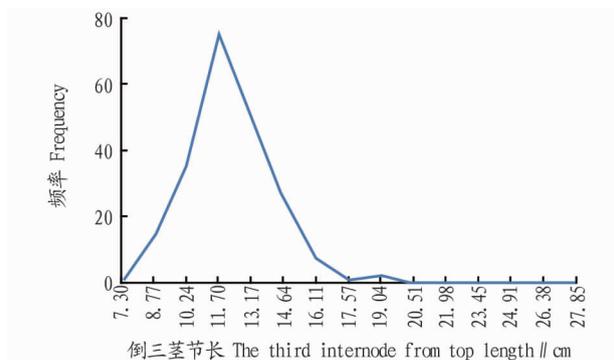


图5 212份材料倒三茎节长频数分布

Fig.5 The third internode from top length frequency of 212 wheat materials

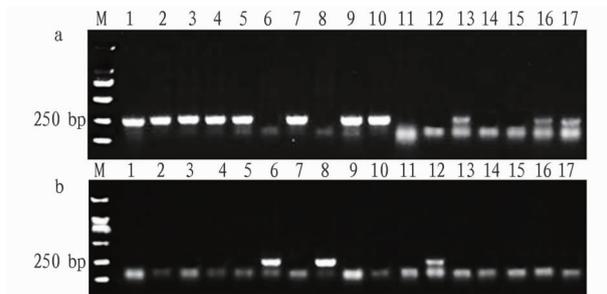
2.2 矮秆基因分子标记检测分析

2.2.1 矮秆基因 *Rht1* 检测分析。由图6部分材料矮秆基因 *Rht1* 检测分析结果可以看出,宁春4号、宁春44号、宁春40号、宁春45号、宁春50号和宁2038无 *Rht1* 基因,同时,矮秆材料 MagnifM1 和 P19、P001、P007 均不含 *Rht1* 基因。检测结果中仅宁春53号,高代材料 J058 和 P12 含有 *Rht1* 基因突变位点。

2.2.2 矮秆基因 *Rht2* 检测分析。由图7部分材料矮秆基因 *Rht2* 突变型和野生型位点检测结果可知,17份材料中仅宁春53号、J058、MagnifM1 和 P12 在 *Rht2* 突变型位点检测分析中无结果,但在250 bp附近的野生型位点出现了清晰的条带,表明这些材料不含 *Rht2* 基因,其他材料如宁春4号、宁春44号、宁春40号、宁春45号、宁春50号和宁2038均携带 *Rht2* 基因。

2.2.3 矮秆基因 *Rht8* 检测分析。矮秆基因 *Rht8* 检测利用特异引物 Xgwm261,被检测的大部分材料中在250 bp以下出现了4类不同长度的扩增片段,表明这些材料在 Xgwm261 位点上有4个等位变异,片段大小分别是165、174、192和210 bp。凡是能够扩增出192 bp片段的材料被认为含有 *Rht8* (图8)。

2.3 矮秆基因 *Rht - B1b* (*Rht1*)、*Rht - D1b* (*Rht2*) 和 *Rht8* 分布频率分析 212份材料矮秆基因检测结果表明,166份材料携带 *Rht - B1b* (*Rht1*) 基因,占总检测材料的75.1%;88

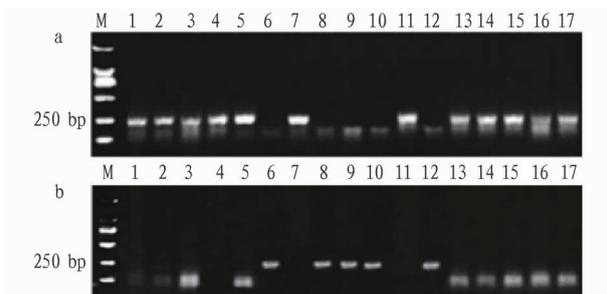


注:a为 *Rht1* 基因位点野生型 *Rht - B1a* 特异性引物检测结果;b为 *Rht1* 基因位点突变型 *Rht - B1b* 特异性引物检测结果。M. 2 000 bp DNA Ladder;1. 宁春4号;2. 宁春44号;3. 宁春40号;4. 宁春45号;5. 宁春50号;6. 宁春53号;7. 宁春2038号;8. J058;9. MagnifM1 (西农);10. MagnifM1 (农科院);11. P06;12. P12;13. P19;14. P28;15. P49;16. P001;17. P007

Note:a. *Rht1* gene allele wild type *Rht - B1a* screening results;b. *Rht1* gene allele mutant type *Rht - B1b* screening results. M. 2 000 bp DNA Ladder;1. Ningchun 4;2. Ningchun 44;3. Ningchun 40;4. Ningchun 45;5. Ningchun 50;6. Ningchun 53;7. Ningchun 2038;8. J058;9. MagnifM1 (Xinong);10. MagnifM1 (Nongkeyuan);11. P06;12. P12;13. P19;14. P28;15. P49;16. P001;17. P007

图6 部分材料 *Rht1* 基因位点检测结果

Fig.6 Partial materials *Rht1* gene screening results



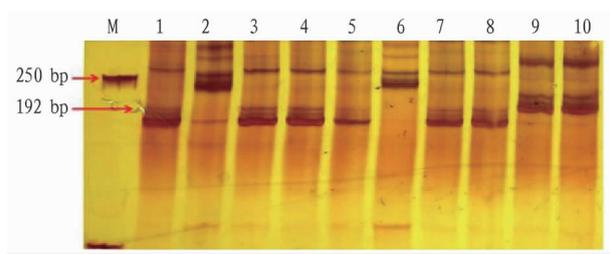
注:a为 *Rht2* 基因位点突变型 *Rht - D1b* 特异引物检测结果;b为 *Rht2* 基因位点野生型 *Rht - D1a* 特异引物检测结果。M. 2 000 bp DNA Ladder;1. 宁春4号;2. 宁春44号;3. 宁春40号;4. 宁春45号;5. 宁春50号;6. 宁春53号;7. 宁春2038号;8. J058;9. MagnifM1 (西农);10. MagnifM1 (农科院);11. P06;12. P12;13. P19;14. P28;15. P49;16. P001;17. P007

Note:a. *Rht2* gene allele mutant type *Rht - D1b* screening results;b. *Rht2* gene allele wild type *Rht - D1a* screening results. M. 2 000 bp DNA Ladder;1. Ningchun 4;2. Ningchun 44;3. Ningchun 40;4. Ningchun 45;5. Ningchun 50;6. Ningchun 53;7. Ningchun 2038号;8. J058;9. MagnifM1 (Xinong);10. MagnifM1 (Nongkeyuan);11. P06;12. P12;13. P19;14. P28;15. P49;16. P001;17. P007

图7 部分材料 *Rht2* 基因位点检测结果

Fig.7 Partial materials *Rht2* gene screening results

份材料含有 *Rht - D1b* (*Rht2*),占39.8%;含有 *Rht8* 基因的材料有191份,占总检测材料的86.4%。携带 *Rht2* 的9个材料同时含有 *Rht1* 和 *Rht8* 基因,且均为引进材料。其中,中国农业科学院引进的54份材料中, *Rht8*、*Rht1*、*Rht2* 分别占85.1%、72.0%、33.3%,与整体材料中各矮秆基因分布相似。



注: M. 2000 bp DNA Ladder; 1. 宁春4号; 2. 宁春45号; 3. 宁春44号; 4. 宁春40号; 5. 宁春53号; 6. 宁春2038; 7. 宁春50号; 8. J058; 9. MagnifM1(西农); 10. MagnifM1(农科院)

Note: M. D2000 DNA Ladder; 1. Ningchun 4; 2. Ningchun 45; 3. Ningchun 44; 4. Ningchun 40; 5. Ningchun 53; 6. Ningchun 2038; 7. Ningchun 50; 8. J058; 9. MagnifM1 (Xinong); 10. MagnifM1 (Nongkeyuan)

图8 部分材料矮秆基因 *Rht8* 检测结果

Fig. 8 Partial materials *Rht8* gene screening results

3 结论与讨论

利用杨松杰等^[4]、张晓科等^[6]检测的 *Rht - B1b* 和 *Rht - D1b* 基因及 *Rht8* 基因的标记引物, 该试验分析了 212 份宁夏现有春小麦亲本材料及骨干品种(系)主要矮秆基因的分布情况。*Rht - B1b* 和 *Rht - D1b* 基因在全国各个生态区育成品种中的分布频率不同^[5], *Rht - B1b* 高频分布地域出现在黄淮冬春麦区, 而 *Rht - D1b* 基因高频分布地域就出现在北部春麦区。由于不同品种的遗传背景不同, 所含矮秆基因的类型和数目不同, 很难对 *Rht - B1b* 和 *Rht - D1b* 基因的效应进行单独分析^[7]。*Rht8* 基因在我国广泛分布^[8], 这与该试验中各材料检测的结果一致。农艺性状测定分析结果表明, 由中国农业科学院引进的 47 份材料株高、穗长、穗下茎节长平均值(分别为 69.2、7.8、28.5 cm)明显低于现有亲本材料(分

别为 83.6、11.1、32.0 cm), 在配制杂交组合时可以考虑利用引进材料进行矮秆育种。

212 份材料矮秆基因检测结果表明, 目前宁夏春小麦育种材料中普遍含有矮秆基因 *Rht8*, 其次是 *Rht - B1b* (*Rht1*), 但主栽品种和主推品种以及核心育种亲本材料均含有 *Rht - D1b* (*Rht2*), 即现有的育种亲本材料中携带 *Rht8 + Rht - B1b* 的材料所占比例较 *Rht8 + Rht - D1b* 多。新培育的品种以含有 *Rht8 + Rht - D1b* 为主, 这可能是主栽品种宁春 4 号 (*Rht8 + Rht - D1b*) 在当地长期种植, 并作为育种骨干亲本被长期利用的结果。

此外, 该研究还检测到了 9 份同时含有 *Rht8*、*Rht - B1b*、*Rht - D1b* 这 3 个矮秆基因的材料。这与唐娜等^[9]对现有品种的分析结果不同。这些包含 3 个矮秆基因的材料均为外引材料, 且都表现出极端矮小、晚熟的特性, 一般不会在生产实际中被利用, 仅在遗传学分析中才会有少量的应用。

参考文献

- [1] 郭保宏, 宋春华, 贾继增. 我国小麦品种的 *Rht1*、*Rht2* 矮秆基因鉴定及分布研究[J]. 中国农业科学, 1997, 30(5): 56-60.
- [2] 周阳, 何中虎, 张改生, 等. 用微卫星标记鉴定中国小麦品种中 *Rht8* 矮秆基因的分布[J]. 作物学报, 2003, 29(6): 810-814.
- [3] 贾继增, 丁寿康, 李月华, 等. 中国小麦的主要矮秆基因及矮源的研究[J]. 中国农业科学, 1992, 25(1): 1-5.
- [4] 杨松杰, 张晓科, 何中虎, 等. 用 STS 标记检测矮秆基因 *Rht - B1b*、*Rht - D1b* 在中国小麦中的分布[J]. 中国农业科学, 2006, 39(8): 1680-1688.
- [5] 穆美财, 刘勇, 郭小丽, 等. 山东小麦品种中矮秆基因 *Rht - B1b*、*Rht - D1b* 分布的分子鉴定[J]. 分子植物育种, 2005, 3(4): 473-478.
- [6] 张晓科, 王辉. 小麦矮源的研究和利用现状[J]. 国外农学: 麦类作物, 1996(4): 10-12.
- [7] 程治军, 吕知敏. 小麦的矮秆基因及其研究方法[J]. 作物杂志, 1995(4): 36-37.
- [8] 贾继增. 小麦的矮秆基因及矮源[J]. 作物品种资源, 1987(3): 22-24.
- [9] 唐娜, 李博, 闵红, 等. 分子标记检测矮秆基因 *Rht - B1b*、*Rht - D1b* 和 *Rht8* 在我国小麦中的分布[J]. 中国农业大学学报, 2012, 17(4): 21-26.
- [44] POLAND J A, ENDELMAN J B, DAWSON J C, et al. Genomic selection in wheat breeding using genotyping-by-sequencing[J]. Plant genome, 2013, 5(3): 103-113.
- [45] POLAND J A, BROWN P J, SORRELLS M E, et al. Development of high-density genetic maps for barley and wheat using a novel two-enzyme genotyping-by-sequencing approach[J]. Plos one, 2012, 7(2): 1-10.
- [46] SPINDEL J, WRIGHT M, CHEN C, et al. Bridging the genotyping gap: Using genotyping by sequencing (GBS) to add high-density SNP markers and new value to traditional bi-parental mapping and breeding populations[J]. Theoretical & applied genetics, 2013, 126(11): 2699-2716.
- [47] LU F, ROMAY M C, GLAUBITZ J C, et al. High-resolution genetic mapping of maize pan-genome sequence anchors[J]. Nature communications, 2015, 6: 6914.
- [48] ZHOU Z Q, ZHANG C S, ZHOU Y, et al. Genetic dissection of maize plant architecture with an ultra-high density bin map based on recombinant inbred lines[J]. BMC genomics, 2016, 17(1): 178.
- [49] LIN M, CAI S B, WANG S, et al. Genotyping-by-sequencing (GBS) identified SNP tightly linked to QTL for pre-harvest sprouting resistance. [J]. Theoretical & applied genetics, 2015, 128(7): 1385-1395.
- [50] MORRIS G P, RAMU P, DESHPANDE S P, et al. Population genomic and genome-wide association studies of agroclimatic traits in sorghum[J]. Proceedings of the national academy of sciences of the United States of America, 2013, 110(2): 453-458.
- [51] WU B, ZHONG G Y, YUE J Q, et al. Identification of pummelo cultivars by using a panel of 25 selected SNPs and 12 DNA segments. [J]. Plos one, 2014, 9(4): 1-9.
- [52] LI X, LI X R, FRIDMAN E, et al. Dissecting repulsion linkage in the dwarfing gene *Dw3* region for sorghum plant height provides insights into heterosis[J]. Proceedings of the national academy of sciences of the United States of America, 2015, 112(38): 11823-11828.

(上接第 126 页)

- [31] 王凤格, 杨扬, 易红梅, 等. 中国玉米审定品种标准 SSR 指纹库的构建[J]. 中国农业科学, 2017, 50(1): 1-14.
- [32] 黄丹娟. 我国优良茶树品种遗传多样性分析及指纹图谱构建[D]. 北京: 中国农业科学院, 2016.
- [33] 匡猛, 杨伟华, 许红霞, 等. 中国棉花主栽品种 DNA 指纹图谱构建及 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2011, 44(1): 20-27.
- [34] 段艳凤, 刘杰, 卜春松, 等. 中国 88 个马铃薯审定品种 SSR 指纹图谱构建与遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2009, 35(8): 1451-1457.
- [35] 石星星, 纪小红, 张磊, 等. 利用 SSR 标记鉴定结球甘蓝杂交种真实性及纯度[J]. 分子植物育种, 2015, 13(2): 331-337.
- [36] 马建强. 茶树高密度遗传图谱构建及重要性状 QTL 定位[D]. 北京: 中国农业科学院, 2013.
- [37] MORETZSOHN M C, LEOI L, PROITE K, et al. A microsatellite-based, gene-rich linkage map for the AA genome of *Arachis* (Fabaceae) [J]. Theor Appl Genet, 2005, 111(6): 1060-1071.
- [38] 洪彦彬, 梁炫强, 陈小平, 等. 花生栽培种 SSR 遗传图谱的构建[J]. 作物学报, 2009, 35(3): 395-402.
- [39] 冯常辉, 张友昌, 李国荣, 等. 棉花育种中黄萎病抗性连锁 SSR 标记辅助选择的效果[J]. 湖北农业科学, 2016, 55(23): 6045-6049, 6107.
- [40] 刘红占. 杂交小麦强优势组合抗白粉病基因的定向改良及分子辅助育种技术体系的研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2010.
- [41] ELSHIREL R J, GLAUBITZ J C, SUN Q, et al. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species [J]. Plos one, 2011, 6(5): 1-10.
- [42] GLAUBITZ J C, CASSTEVEN S T M, LU F, et al. TASSEL-GBS: A high capacity genotyping by sequencing analysis pipeline [J]. Plos one, 2014, 9(2): 1-11.
- [43] POLAND J A, RIFE T W. Genotyping-by-sequencing for plant breeding and genetics [J]. Plant genome, 2012, 5(3): 92-102.