

## 研究论文

## Research Article

# 青海蚕豆种质资源 AFLP 多样性分析和核心资源构建

刘玉皎<sup>✉</sup>, 侯万伟<sup>✉</sup>

青海省农林科学院, 西宁, 810016

✉ 通讯作者: lyujiao2000@yahoo.com.cn; ✉ 作者

豆科基因组学与遗传学, 2010 年, 第 1 卷, 第 1 篇 DOI: 10.5376/lgg.cn.2010.01.0001

收稿日期: 2010 年 5 月 14 日

接受日期: 2010 年 6 月 12 日

发表日期: 2010 年 9 月 27 日

本文首次以英文发表在 *Legume Genomics and Genetics* 上。现依据版权所有人授权的许可协议, 采用 Creative Commons Attribution License 对其进行授权, 用中文再次发表与传播。只要对原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。如果读者对中文含义理解有歧义, 请以英文原文为准。

建议的引用格式如下:

Liu et al., 2010, Diversity Analysis of Faba Bean Germplasm in Qinghai Based on AFLP and Construction of Their Core Gerplasm, *Legume Genomics and Genetics* (online), Vol.1 No.1 pp.1-6 (DOI: 10.5376/lgg.2010.01.0001)

**摘要** 采用 AFLP 分子标记技术分析了青海蚕豆种质资源遗传多样性, 结果表明: 地方品种资源、国外种质和选育品种的有效等位变异分别为  $1.0\ 655 \pm 0.1\ 263$ 、 $1.0\ 634 \pm 0.1\ 430$  和  $1.0\ 659 \pm 0.1\ 651$ ; Shannon's 信息指数分别为  $0.0\ 954 \pm 0.1\ 449$ 、 $0.0\ 843 \pm 0.1\ 518$  和  $0.0\ 742 \pm 0.1\ 679$ ; 地方品种资源有效等位变异比例最小(为 73.73%), 而多态性比例最高(为 44.51%); 选育品种的有效等位变异比例最大(为 90.39%), 多态性比例最低(为 17.92%); 地方品种间的遗传距离较大; 国外种质间的遗传距离较小。遗传结构分析表明青海蚕豆种质资源可分为 7 个组群。本研究初步构建了 40 份核心种质资源, 基本包含了全部种质 80% 以上的遗传信息, 群体总基因多样性和 Nei's 基因多样性指数明显提高, 可作为杂交育种的优异亲本材料。

**关键词** 青海蚕豆; 种质资源; 核心资源; AFLP

## Diversity Analysis of Faba Bean Germplasm in Qinghai Based on AFLP and Construction of Their Core Gerplasm

Yujiao Liu<sup>✉</sup>, Wanwei Hou<sup>✉</sup>

Qinghai Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Xining, 810016

✉ Corresponding author, lyujiao2000@yahoo.com.cn; ✉ Author

This paper was first published in *Legume Genomics and Genetics*, which redistributed under the terms of the [Creative Commons Attribution License](http://creativecommons.org/licenses/by/3.0/).

**Abstract** The diversity of Qinghai's Faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm was analyzed by AFLP, the results showed that the effective number alleles of landraces, foreign germplasm and bred varieties are  $1.0\ 655 \pm 0.1\ 263$ ,  $1.0\ 634 \pm 0.1\ 430$ , and  $1.0\ 659 \pm 0.1\ 651$ , respectively. The Shannon's information index are  $0.0\ 954 \pm 0.1\ 449$ ,  $0.0\ 843 \pm 0.1\ 518$ ,  $0.0742 \pm 0.1679$ , respectively. The ratio of effective allele of landrace is the lowest (73.73%), while its ploy-radio is the highest (44.51%); The ratio of effective allele of bred varieties is the highest (90.39%), while its ploy-radio is the lowest (17.92%). The genetic distance is relatively large between landraces and small between foreign germplasm. Genetic structure analysis revealed that the 149 Faba Bean Germplasm Resources in Qinghai should be divided into 7 groups. In this study we have constructed 40 core resources, containing more than 80% gene information of the 149 resources, with higher total gene diversity and Nei's gene diversity, which can be used as parent materials for hybrid breeding in Qinghai faba bean breeding program.

**Keywords** Faba bean (*Vicia faba* L.); Germplasm; Core germplasm; AFLP

## 研究背景

AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) 是 1992 年由荷兰科学家 Zabeau 和 Vos 发展起来的一种检测 DNA 多态性的新方法: 对基因组总 DNA 酶切后经 PCR 进行选择扩增, 随后将特定的接头连接在这些 DNA 片段的末端。接头序列和邻近的限制性

酶切位点序列作为引物结合位点, 然后用特定引物进行 PCR 扩增, 最后通过聚丙烯酰胺凝胶电泳分离扩增的特异限制片段(周自清, 2005)。它是在 RFLP 和 RAPD 的基础上发展起来的, 是 RFLP 和 RAPD 的结合, 既有 RFLP 的可靠性, 也具有 RAPD 的方便性。

青海属典型的高原大陆性气候, 而且海拔高具有明显垂直分布特点。蚕豆是青海的传统农作物, 种植历史悠久, 分布区域比较广, 种植面积 28 230 hm<sup>2</sup> (青海省统计年鉴, 2009), 在海拔 1 500~3 000 米的地区均有蚕豆种植, 在独特的生态环境中栽培和驯化后形成了当地丰富的蚕豆种质资源。遗传多样性是资源利用和作物品种改良的基础, 评估具有普遍适应性和特异性的青海蚕豆主要种质资源的遗传多样性, 可以预测纯系品种分离后代的变异度。国内外同行已采用多种标记方法研究了蚕豆种质资源的多样性, 如采用形态标记分析蚕豆种质资源多样性(刘玉皎和宗绪晓, 2003; 王晓娟等, 2009; 张小田和刘玉皎, 2009); 利用 AFLP 技术对 79 个蚕豆近交系的遗传多样性进行了分析, 结果共产生了 477 个多态性片段(Zeid M et al, 2001)。应用 RAPD 技术以 28 个杂交品系为研究材料, 研究欧洲小粒种和大粒种与地中海资源的遗传多样性(Link et al, 1995)。运用 7 个同工酶对来自 5 个不同地理来源和 5 个不同类型的 26 份蚕豆资源进行主成分分析, 结果表明, 埃索比亚地区(Ethiopia)和亚洲地区的蚕豆资源可以单独的分为一个组群(M. Serradilla et al, 1993); 采用草酰乙酸转氨酶(GOD)、过氧化物歧化酶(SOD)和苹果酸酶(ME)对 33 份蚕豆资源进行研究, 判别分析表明, 33 份蚕豆资源可以清楚的划分为 5 个组群(G.B. Polignano etc., 1998)。基于形态标记构建了青海蚕豆种质资源的初步核心资源(杨菁等, 2009)。

本文采用 AFLP 标记技术分析青海蚕豆种质资源的遗传多样性, 并以此构建青海蚕豆种质资源的核心资源, 为更好地掌握青海蚕豆种质资源的遗传基础, 提高种质的有效利用提供理论依据。

## 1 结果分析

### 1.1 AFLP 引物的多样性

10 对 AFLP 引物扩增的多态性带在 3~10 之间, 其中 E1/M6、E2/M2、E4/M4 和 E7/M7 等 4 对引物组合扩增出的多态性条带最多, 为 10 条, 多态性比例分别为 52.63%、52.63%、50.00%和 52.63%, 有效等位变异占等位变异的的比例分别为 67.80%、68.46%、73.35%和 68.59%; E6/M6 扩增出的多态性条带只有 3 条, 其它引物组合扩增出的多态性条带数在 7~8 条之间, 见表 1。

### 1.2 青海蚕豆种质资源的 AFLP 多样性

10 对 AFLP 引物在 149 份蚕豆资源中检测到平均有效等位变异为 1.064 7, 有效等位变异所占比例为 72.52%, 共扩增出多态性条带 81 条, 多态性比例为 46.82%, Shannon's 信息指数为 0.094 6, 其中从选育品种、引进国外资源、地方品种中检测到平均有效等位变异所占比例依次为 90.39%、81.76%和 72.52%, 地方品种的多态性较高, 多态性比例和多样性指数分别为 44.51%和 0.051 2, 选育品种的多态性较低, 多态性比例和多样性指数分别为 17.92%和 0.045 5, 见表 2。

表 1 10 对 AFLP 引物组合扩增的等位变异数、有效变异数与 Shannon's 信息指数

Table 1 The AFLP primer combination amplified products and their polymorphism in Qinghai faba bean

引物组合 Primer	等位变异数 Number of alleles (na)	有效等位变异数 Number of Effective alleles (ne)	有效等位变异所占比例 ne/na	多态性带 Poly-Band	多态性比例 Poly-Ratio	Shannon's 信息指数 Information index	Nei's 基因多样性指数 Gene diversity
E1/M1	1.388 9±0.501 6	1.092 7±0.176 6	78.67	7	38.90	0.112 0±0.190 8	0.066 6±0.120 3
E1/M6	1.526 3±0.513 0	1.034 9±0.052 4	67.80	10	52.63	0.069 4±0.087 9	0.031 5±0.044 9
E2/M2	1.526 3±0.513 0	1.044 9±0.063 5	68.46	10	52.63	0.082 7±0.106 3	0.039 8±0.055 0
E4/M4	1.500 0±0.513 0	1.100 2±0.184 1	73.35	10	50.00	0.130 7±0.177 0	0.073 3±0.113 8
E5/M2	1.500 0±0.518 9	1.040 1±0.072 9	69.34	7	50.00	0.071 6±0.108 4	0.034 7±0.059 4
5/M5	1.388 9±0.501 6	1.085 1±0.158 3	78.13	7	38.89	0.108 9±0.180 1	0.063 0±0.111 7
E6/M4	1.470 6±0.514 5	1.056 7±0.113 1	71.86	8	47.06	0.086 5±0.138 3	0.045 5±0.082 3
E6/M6	1.250 0±0.452 3	1.021 0±0.038 4	81.68	3	25.00	0.042 1±0.076 7	0.019 3±0.035 3
7/M7	1.526 3±0.513 0	1.046 9±0.093 0	68.59	10	52.63	0.078 5±0.119 0	0.039 0±0.069 5
8/M8	1.529 4±0.514 5	1.106 1±0.169 5	72.32	9	52.94	0.142 2±0.181 1	0.080 1±0.112 8

### 1.3 Structure 遗传结构分组分析

利用 Structure 2.2 软件对蚕豆种质资源进行遗传结构分析, 根据分析结果绘制 K 值拐点图(图 1), K 值为 7 时出现了第一个明显的拐点, 因此, 青海蚕豆种质资源最佳分组应为 7 个组群(图 2)。

149 份种质资源的群体遗传分为 7 个组群, 且不同来源的种质资源出现在不同的组群中, 说明资源的遗传差异相对较大, 且有一定的遗传相似性。第一组群中包含了 26 个群体, 其中 50%的选育品种、16.67%的引进资源和 12.87%的地方品种, 有效等位变异数所在比例最高为 92.96%, 信息指数为 0.027 8, 各群体间的平均遗传距离较小; 第二组群包含 24 个群体, 其中 18.81%的地方品种和 13.89%的引进资源, 有效等位变异所占比例为 89.58%, 信息指数为 0.065 9; 第三组群包含 20 个群体, 其中 16.83%的地方品种、5.56%的引进资源和 8.33%的选育品种, 有效等位变异所占比例为 84.47%, 信息指数为 0.1 240, 各群体间的平均遗传距离最大, 第四组群包含 22 个群体, 其中 14.85%的地方品种、16.67%

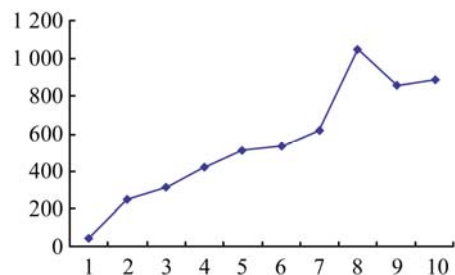


图 1 K 值与 Var[lnP(D)]的关系图  
Figure 1 The map of relation between K and Var[lnP(D)]

的引进资源和 8.33%的选育品种, 有效等位变异所占比例为 92.50%, 信息指数为 0.033 2, 第五组群包含 17 个群体, 其中 8.91%的地方品种、16.67%的引进资源和 16.67%的选育品种, 有效等位变异所占比例为 89.08%, 信息指数为 0.064 5; 第六组群包含 18 个群体, 其中 8.91%的地方品种、19.44%的引进资源和 16.67%的选育品种, 有效等位变异所占比例为 91.39%, 信息指数为 0.077 2; 第七组群包含 23 个群体, 其中 17.82%的地方品种和 11.11%的引进资源, 有效等位变异所占比例为 92.74%, 信息指数为 0.059 8, 见表 3。

### 1.4 青海蚕豆种质资源的遗传相似性分析

149 份青海蚕豆种质资源中, 地方品种、国外种质以及选育品种中各群体之间的遗传相似系数分别为 0.948 2 (0.867 1~1.000 0)、0.951 3 (0.884 4~1.000 0)和 0.950 3 (0.907 5~0.994 2); 遗传距离分别为 0.053 5 (0~0.142 7)、0.050 3 (0~0.122 9)和 0.051 1 (0.005 8~0.097 0)(图 3)。地方品种间遗传距离较大, 国外资源的遗传距离较小, 这与种群数量有关。

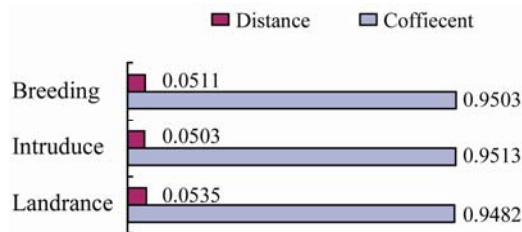


图 3 不同来源青海蚕豆种质资源的遗传相似系数和遗传距离  
Figure 3 The gene coefficient and distance of faba bean germplasm in Qinghai

表 2 10 对 AFLP 引物组合扩增的不同资源群等位变异数、有效变异数与 Shannon's 信息指数  
Table 2 The distribution of AFLP amplified products and their polymorphism in groups of Qinghai faba bean

资源类型 Type	群体大小 Population	等位变异数 Number of alleles (Na)	有效等位变异数 Effective alleles (Ne)	有效等位变异所占比例 Ne/Na	多态性带 Poly-band	多态性比例 Poly-ratio	Shannon's 信息指数 Information index	Nei's 基因多样性指数 Gene diversity
全部资源 Total	149	1.468 2±0.500 4	1.064 7±0.126 4	72.52	81	46.82	0.094 6±0.143 6	0.050 6±0.087 4
地方品种 Landrace	101	1.445 1±0.498 4	1.065 5±0.126 3	73.73	77	44.51	0.095 4±0.144 9	0.051 2±0.088 0
国外种质 Abroad	36	1.300 6±0.459 8	1.063 4±0.143 0	81.76	52	30.06	0.084 3±0.151 8	0.047 4±0.093 6
选育品种 Breeding	12	1.179 2±0.384 6	1.065 9±0.165 1	90.39	31	17.92	0.074 2±0.167 9	0.045 5±0.106 9



图 2 青海蚕豆种质资源群体遗传结构图

Figure 2 Estimated population structure for faba bean gene resources in Qinghai

表 3 不同组群的遗传信息特征

Table 3 The Gene information of Groups

组群 Group	群体大小 Population	遗传距离 Distance	有效等位变异所占比例 Ne/Na	多态性带 Poly-band	多态性比例 Poly-ratio	Shannon's 信息指数 Information index
Group 1	26	0.013 9	92.96	17	9.83	0.027 8±0.095 7
Group 2	24	0.061 8	89.58	32	18.5	0.065 9±0.160 5
Group 3	20	0.105 8	84.47	47	27.17	0.124 0±0.206 9
Group 4	22	0.025 9	92.50	19	10.98	0.033 2±0.107 7
Group 5	17	0.054 3	89.08	32	18.5	0.064 5±0.151 6
Group 6	18	0.073 9	91.39	31	17.92	0.077 2±0.181 4
Group 7	23	0.055 1	92.74	34	19.65	0.059 8±0.137 4

### 1.5 基于 AFLP 的核心资源构建

以来源为单元, Popgen V1.32 结合 MEGA 3.0 分析蚕豆种质资源的亲缘关系进化树, 以进化树为基础进行亲缘关系较近资源的按比例取舍, 结果见表 4 和图 4。从 149 份种质资源中, 初步构建出 40 份核心资源, 其等位变异数、有效等位变异数、多态性

条带数、遗传相似系数、遗传距离以及基因多样性指数等遗传信息的符合率均在 80% 以上, 经显著性测验后, 差异不显著, 表明初步构建的青海蚕豆种质资源的核心种质能代表全部种质的遗传信息, 群体的总基因多样性和 Nei's 基因多样性指数分别为 0.0 583、0.1 032, 分别提高了 89.3% 和 104.0%, 核

表 4 青海蚕豆核心种质的符合率及 t 测验

Table 4 The T-testing and comparison of core and total collections

遗传信息 Gene information	全部种质(149) Total (149)	核心种质(40) Core (40)	符合率(%) Coincidence (%)	t 值 t-testing
等位变异数 Number of alleles (na)	1.468 2±0.500 4	1.381 5±0.487 2	94.09	0.087 2
有效等位变异数 Effective alleles(ne)	1.0 647±0.1 264	1.078 2±0.153 1	98.73	0.025 6
有效等位变异所占比例 ne/na	72.52	78.05	92.37	/
多态性带 Poly-Band	81	66	81.48	/
多态性比例 Poly-Radio	46.82	38.15	81.48	/
遗传相似系数 Confiecent	0.9 491±0.0 244	0.940 3±0.023 6	99.07	0.040 2
遗传距离 Distance	0.0 526±0.0 259	0.061 9±0.025 2	82.32	0.041 1
群体的总基因多样性 Ht	0.0 308±0.0 128	0.058 3±0.010 5	/	0.180 2
Nei's 基因多样性指数 Gene diversity	0.0 506±0.0 874	0.103 2±0.164 1	/	0.104 9

注:  $t_{0.05}=1.96$ ;  $t_{0.01}=2.58$

Note:  $t_{0.05}=1.96$ ;  $t_{0.01}=2.58$

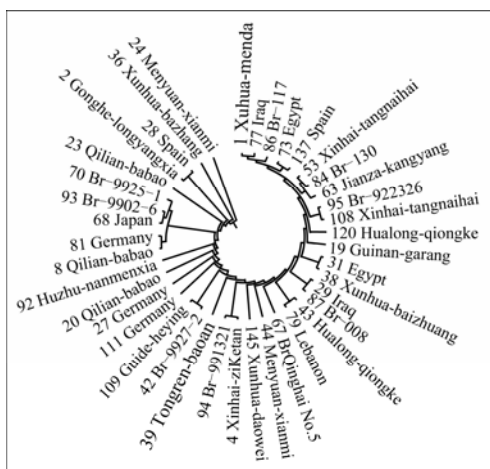


Figure 4 The cluster mapping of core resources based AFLP

图 4 基于 AFLP 的核心资源聚类图

Figure 4 The cluster mapping of core resources based AFLP

心种质资源包含青海地方品种 20 份, 国外种质 11 份, 选育品种 9 份。

## 2 讨论

### 2.1 多样性分析与种质分类

青海蚕豆种质资源的分子多样性较丰富, 其中地方

品种的遗传多样性最丰富, 与刘玉皎等选用相同种质资源采用形态标记分析遗传多样性的结果一致(刘玉皎和宗绪晓, 2008)。但种质资源分类的结果却不同, 应用 Structure2.2 软件, 分析青海蚕豆种质资源的遗传结构后, 确定 149 份资源可分为 7 个组群, 结果比较可靠, 而后者只是根据聚类图将其则分为 3 个组群。种质资源分类结果除与标记方法有关外, 与分类方法或分类依据紧密相关。种质资源分类结果表明, 种质资源分类并不是按来源进行聚类的, 同一类型的种质资源也具有遗传差异, 不同类型的种质资源也同样具有一定的遗传相似性。在青海蚕豆种质资源中, 国外种质资源间的遗传距离对较小, 要加强国外优异种质的引进, 以丰富青海蚕豆育种的遗传基础。

### 2.2 核心种质的构建

基于 AFLP 初步构建了 40 份青海蚕豆种质资源的核心种质, 包含了 149 份种质资源的 80% 以上的遗传信息, 而杨菁等基于形态标记从 153 份青海蚕豆种质资源初步构建了 21 份核心种质, 各主要性状核心种质与全部种质资源的符合率在 90% 以上(杨

菁, 迟德钊, 刘玉皎等, 2009), 而且两者构建的初步核心种质不尽一致。文中试验材料是杨菁等选用的 153 份蚕豆种质资源中的 149 份, 两者选用的材料相同, 采用的方法不同, 结果不同。形态标记中充分考虑了具有特异性状的资源, AFLP 标记中考虑了来源, 按地方品种、引进种质和育成品种分别构建核心资源。因此, 为了不使种质资源的基因漂移, 使核心种质资源遗在品种改良中得到有效利用, 多种方法结合构建核心种质是必要的。

### 2.3 AFLP 引物

本文采用了 10 对 *EcoRI*/*MseI* 引物对 149 份青海蚕豆种质资源进行扩增, 共扩增出 81 条多态性条带,

表 5 AFLP 扩增引物序列表

Table 5 The primer sequence of AFLP

引物名称 Primer	引物序列 Sequence	引物名称 Primer	引物序列 Sequence
<i>EcoR</i> I	5-CTCGTAGACTGCGTACC-3 3-CTGACGCATGGTTAA-5	<i>Mse</i> I	5-GACGATGAGTCCTGAG-3 3-TACTCAGGACTCAT-5
E0	5-GACTGCGTACCAATTC-3	M0	5-GATGAGTCCTGAGTAA-3
E1	5-GACTGCGTACCAATTCAGG-3	M1	5-GATGAGTCCTGAGTAACAT-3
E2	5-GACTGCGTACCAATTCACG-3	M2	5-GATGAGTCCTGAGTAACTT-3
E3	5-GACTGCGTACCAATTC AAC-3	M3	5-GATGAGTCCTGAGTAACAC-3
E4	5-GACTGCGTACCAATTCACA-3	M4	5-GATGAGTCCTGAGTAACTA-3
E5	5-GACTGCGTACCAATTCACC-3	M5	5-GATGAGTCCTGAGTAAACAG-3
E6	5-GACTGCGTACCAATTCAGC-3	M6	5-GATGAGTCCTGAGTAACTC-3
E7	5-GACTGCGTACCAATTC ACT-3	M7	5-GATGAGTCCTGAGTAACAA-3
E8	5-GACTGCGTACCAATTC AAG-3	M8	5-GATGAGTCCTGAGTAACTG-3

### 3.2 DNA 提取及 AFLP 反应体系方法

蚕豆 DNA 提取采用 CTAB 改良法(刘玉皎等, 2007), 采用刘秀菊等的 AFLP 反应体系(刘秀菊等, 2007)。

### 3.3 数据统计与分析

采用“0~1”数据统计条带, 有带为“1”, 无带为“0”。利用 Structure 2.2, 采用混合模型和等位变异发生频率相关模型, 对蚕豆种质进行群体遗传结构分析。所设置的 Structure 参数 Burnin, Period 和 after Burnin 为 10 000 次, K 值为 1~10, 每个 K 值运行 10 次。计算每个 K 值所对应的 Var[LnP(D)]的均值, [LnP(D)]值的均值, 然后作出折线图, 选择最佳 K 值, 即得群体遗传结构的群体数(刘金等, 2009)。用 Popgen1.32 分析有效等位变异及多态性比例和

多态性比例为 46.82%, Shannon's 信息指数为 0.0946。基于 AFLP 的遗传相似系数在 0.9 以上, 相似性较高, 多态性比较低, 为了更好地反映种质资源的遗传多样性, 要增加引物数量进一步分析。

## 3 材料与方法

### 3.1 材料

研究材料选用从青海省海东地区、海北州、海南州和黄南州等生态条件差异较大的生态区收集的地方品种(101 份), 为了比较说明, 引入国外种质资源(36 份)和青海当地选育品种(12 份)。引物序列由上海生物工程公司合成, 见表 5。

Shannon-weaver 多样性指数、遗传距离等参数(宗绪晓等, 2008); 聚类法构建核心种质资源(王述民等, 2002; 杨菁等, 2009)。

### 作者贡献

刘玉皎是本研究的实验设计和实验研究的执行人, 完成数据分析, 论文初稿的写作与修改; 侯万伟参与部分实验工作。全体作者都阅读并同意最终的文本。

### 致谢

本研究受国家科技支撑计划(2007BAD59B05)和现代农业产业技术建设专项(nycytx-18-G2)、青海省重点科技攻关计划(2006-G-126)资助。

### 参考文献

Link W., Dixkens C., and Singh M., 1996, Genetic diversity in

- European and Mediterranean faba germplasm revealed by RAPD markers, *Theor. Appl. Genet.*, (92): 637-643
- Liu J., Guan J.P., Xu D.X., Zhang X.Y., Gu J., and Zong X.X., 2008, Phenotypic diversity of Lentil (*Lens culinaris* Medik.) germplasm resources, *Zhiwu Yichuan Ziyuan Xuebao (Journal of Plant Genetic Resources)*, 9(2): 173-179 (刘金, 关建平, 徐东旭, 张晓艳, 顾竟, 宗绪晓, 2008, 小扁豆种质资源形态标记遗传多样性分析, *植物遗传资源学报*, 9(2): 173-179)
- Liu X.J., Ren J.Y., Zong X.X., Guan J.P., and Zhang X.Y., 2007, Establishment and optimization of AFLP for faba Bean, *Zhiwu Yichuan Ziyuan Xuebao (Journal of Plant Genetic Resources)*, 8(2): 153-158 (刘秀菊, 任俊云, 宗绪晓, 关建平, 张晓艳, 2007, 蚕豆 AFLP 技术体系的建立与优化, *植物遗传资源学报*, 8(2): 153-158)
- Liu Y.J., and Zong X.X., 2008, Morphological Diversity Analysis of faba bean (*Vicia.Faba* L.) germplasm resources from Qinghai, *Zhiwu Yichuan Ziyuan Xuebao (Journal of Plant Genetic Resources)*, 9(2): 79-83 (刘玉皎, 宗绪晓, 2008, 青海蚕豆种质资源形态多样性分析, *植物遗传资源学报*, 9(2): 79-83)
- Liu Y.J., Yang J., and Cui Z.S., 2007, Modified DNA extraction for AFLP analysis in faba bean, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 5(5): 747-750 (刘玉皎, 杨菁, 崔志松, 2007, 适于 AFLP 分析的蚕豆 DNA 提取方法的改良, *分子植物育种*, 5(5): 747-750)
- Polignano G.B., Quintano G., and Bisignano V., 1998, Enzyme polymorphism in faba bean (*Vicia faba* L. *minor*) accessions, genetic interpretation and value for classification, *Euphytica* 102(2): 169-176 doi:10.1023/A:1018340228500
- Polignano G.B., Ugenti P., and Scippa G., 1993, The pattern of genetic diversity in faba bean collections from Ethiopia and Afghanistan, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 40(2) : 71-75 doi:10.1007/BF00052637
- Serradilla M., De Mora M.T., and Moreno T., 1993, Geographic dispersion and varietal diversity in *Vicia faba* L., *Genetic Resources and Crop Evolution*, 40(3): 143-151 doi: 10.1007/BF00051119
- Wang S.M., Cao Y.S., and Hu J.P., 2002, Preliminary establishment of Chinese adzuki Bean germplasm resource core collection with agroecology and characterization data, *Huabei Nongxuebao (Acta Agriculturae Boreali-Sinica)*, 17(1): 35-40 (王述民, 曹永生, 胡家蓬, 2002, 中国小豆种质资源核心样品的初步建立, *华北农学报*, 17(1): 35-40)
- Wang X.J., Qi X.S., and Wang X.R., 2009, Genetic diversity analysis of main agronomic characters in faba bean germplasm, *Nongye Xiandaihai Yanjiu (Research of Agricultural Modernization)*, 30(4): 633-636 (王晓娟, 祁旭升, 王兴荣, 2009, 蚕豆种质资源主要性状的遗传多样性分析, *农业现代化研究*, 30(4):633-636)
- Yang J., Chi D.Z., and Liu Y.J., 2009, Preliminary construction of core collection of broad bean in Qinghai based on morphological traits, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 7(3): 599-606 (杨菁, 迟德钊, 刘玉皎, 2009, 基于形态性状的青海蚕豆核心种质的初步构建, *分子植物育种*, 7(3): 599-606)
- Zeid M., Schön C.C., and Link W., 2001, Genetic diversity in a group of recent elite faba bean lines, *Czech J Gene Plant Breed*, (37): 34-40
- Zhang X.T., and Liu Y.J., 2009, Morphological diversity analysis of faba bean [*Vicia. faba* L.] germplasm resources, *Qinghai Keji (Qinghai Science Technology)*, 5: 17-19 (张小田, 刘玉皎, 2009, 蚕豆种质资源形态标记遗传多样性分析, *青海科技*, 5: 17-19)
- Zhou Y.Q., ed., 2005, The application of DNA marker for researched plant, Chemical Industry Press, Beijing, China, pp.162-165 (周延清, 2005, DNA 分子标记技术在植物研究中的应用, 化学工业出版社, 中国, 北京, pp.162-165)
- Zong X.X., Guan J.P., Wang S.M., and Liu Q.C., 2008, Genetic diversity Chinese pea (*Pisum Sativum* L.) landrace Reveal by SSR markers, *Zhuwu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 34(8): 1330-1338 (宗绪晓, 关建平, 王述民, 2008, 中国豌豆地方品种种质资源 SSR 多样性分析, *作物学报*, 34(8): 1330-1338)



BioPublisher是一个致力于发表生物科学研究论文、开放取阅的出版平台

在BioPublisher上发表论文, 任何人都可以免费在线取阅您的论文

- ※同行评审, 论文接受严格的高质量的评审
- ※在线发表, 论文一经接受, 即刻在线发表
- ※开放取阅, 任何人都可免费取阅无限使用
- ※快捷搜索, 涵盖谷歌学术搜索与知名数据库
- ※论文版权, 作者拥有版权读者自动授权使用

在线投稿: <http://chinese.sophiapublisher.com>