

研究报告

A Letter

23份烟草品种遗传关系的SSR分析

肖炳光¹, 高玉龙¹, 吴为人^{2,3}

1. 云南省烟草农业科学研究院, 玉溪, 653100

2. 浙江大学农业与生物技术学院, 杭州, 310029

3. 福建农林大学生命科学学院, 福州, 350002

✉ 通讯作者: xiaobg@263.net; ✉ 作者

分子植物育种, 2011年, 第9卷, 第39篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0039

收稿日期: 2010年10月08日

接受日期: 2011年03月28日

发表日期: 2011年04月08日

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式:

肖炳光等, 2011, 23份烟草品种遗传关系的SSR分析, 分子植物育种 Vol.9 No.39 (doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0039)

摘要 本研究利用SSR标记分析了23份烟草品种的遗传关系。以8个烟草品种为材料从1998对SSR引物中筛选出700对有稳定多态的引物, 在23个烟草品种中检测出1600个等位基因, 平均每对引物检测的等位基因数为2.29个。23个烟草品种间遗传相似系数(GS)的变化范围为0.65~0.98、平均为0.79, 其中烤烟品种间遗传相似系数在0.77~0.98之间、平均为0.86。我国烤烟主栽品种遗传基础非常狭窄, 应充分利用净叶黄等地方品种作为亲本来拓宽育成品种的遗传基础。由于我国烤烟品种大多以美国引进品种为直接或间接亲本选育而成, 故在聚类分析时与从美国引进的烤烟品种并未聚为各自类别。津巴布韦烤烟主栽品种或后备品种与我国烤烟主栽品种之间的遗传关系相对较远, 我国可适当引进种植一定面积的津巴布韦烤烟品种, 以在一定程度上缓解生产上种植品种单一化的矛盾。

关键词 烟草; SSR标记; 遗传关系

Analysis of Genetic Relationships Among Twenty-three Tobacco Varieties Based on Simple Sequence Repeat (SSR) Marker

Xiao Bingguang¹, Gao Yulong¹, Wu Weiren^{2,3}

1. Yunnan Academy of Tobacco Agricultural Sciences, Yuxi, 653100, P.R. China

2. College of Agriculture & Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou, 310029, P.R. China

3. School of Life Sciences, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, 350002, P.R. China

✉ Corresponding author, xiaobg@263.net; ✉ Authors

Abstract Genetic relationships among 23 tobacco varieties were analyzed using simple sequence repeat (SSR) markers. 700 polymorphic primer pairs were selected from 1998 tobacco SSR primer pairs based on 8 varieties, and 1600 alleles were amplified in 23 cultivars using the 700 SSR primer pairs, with 2.29 alleles per marker on average. Genetic similarity coefficients (GS) between the 23 varieties ranged from 0.65 to 0.98, with an average of 0.79, and GS between the flue-cured tobacco varieties ranged from 0.77 to 0.98, with an average of 0.86. The genetic base of the flue-cured tobacco cultivars grown over China is extremely narrow, suggesting that the local varieties, such as Jingyehuang, should be used as parents to widen the genetic base. Because most of the flue-cured tobacco varieties in China were developed directly or indirectly using the varieties introduced from USA as parents, they were not clustered into a different class from the varieties introduced from USA in the clustering analysis. There are relatively distant genetic relationships between the flue-cured tobacco varieties from Zimbabwe and those from China, suggesting that the flue-cured tobacco cultivars introduced from Zimbabwe can be grown in China to reduce the possible risk caused by planting the varieties with similar genetic background.

Keywords Tobacco; SSR marker; Genetic Relationship

研究背景

我国是世界上最大的烟草生产国和消费国, 但在烟草育种上却面临着过度依赖主体亲本、育成品种遗传基础狭窄等问题(王元英等, 1995)。多样化的种质资源及合理的亲本选配是育种计划成功的关

键(Renganayaki et al., 2001), 从分子水平上研究种质资源的遗传多样性及其亲缘关系, 有助于客观了解种质资源的丰富程度及现有品种的遗传背景。

近年来, 国内外利用分子标记技术对烟草种质资源进行了大量研究(何川生等, 2000; 杨本超等,

2005; 肖炳光, 2006; 杨友才等, 2006; 祁建民等, 2006; 肖炳光等, 2007; 杜传印等, 2008; Ren and Timko, 2001; Arslan et al., 2006; Siva et al., 2008), 使用的分子标记主要是 RAPD、AFLP、ISSR 等随机性标记。SSR 标记是利用 SSR 两侧特定的 DNA 序列来设计引物, 扩增串联重复序列, 根据串联重复数的不同揭示 SSR 的长度多态性, 具有共显性、多态性高、重复性好、操作简便等特点(Moore et al., 1991; Akkaya et al., 1992; Morgante and Olivieri, 1993), 受到广泛重视。Bindler 等(2007)利用美国烟草基因组计划(TGI)的序列数据成功地开发了烟草 SSR 标记, 并绘制了第一张基于 SSR 标记的烟草遗传图谱; 随后, Moon 等(2009)利用 Bindler 公布的 SSR 标记对美国的 117 份烤烟及 720 份引进种质(TIs)进行了研究。

本研究旨在利用 Bindler 等(2007)发表的 SSR 标记和我们自己开发的 SSR 标记, 对 23 份烟草品种进行遗传多样性和遗传关系分析, 为充分发掘利用烟草种质资源、拓宽育成品种的遗传基础等提供依据。

1 结果与分析

1.1 SSR 标记分析

利用 8 份参试烟草品种(编号为 Nt1~Nt8)对 Bindler 等(2007)发表的 278 对 SSR 引物和我们自己开发的 1720 对 SSR 引物进行初步筛选, 共得到 700 对具有稳定、清晰多态性条带的 SSR 引物(表 1), 其中 119 对为 Bindler 等(2007)发表的引物(记为 PT 系列), 581 对为我们开发的引物, 包括 65 对基于公共数据库 TIGR(<http://www.tigr.org/tdb/>)中所有烟草表达序列(EST)所设计的 EST-SSR 引物(记为 Tep 系列)和 416 对根据 TGI 公布的最新烟草基因组序列开发的 Genome-SSR 引物(记为 Tp 系列)。

利用上述 700 对 SSR 引物在参试的 23 份烟草品种(表 2)中进行扩增(引物 Tep008 和 Tp186 的扩增结果见图 1), 共检测到 1600 个等位基因, 每对引物检测的等位基因数在 1~10 个之间, 平均为 2.29 个。表明我们开发的烟草 SSR 标记是成功的, 同时也说明利用烟草自身的 SSR 引物对其进行基因组多态性分析是完全可行的。

表 1 引物筛选结果

Table 1 Results of primer screening

引物系列	供试的引物对数	多态性引物数	多态率(%)
Serials of primers	Number of primer pairs	Number of polymorphic primers	Ratio of polymorphism (%)
Tep	600	65	10.83
Tp	1120	416	37.14
PT	278	119	42.81
总计	1998	700	35.04
Total			

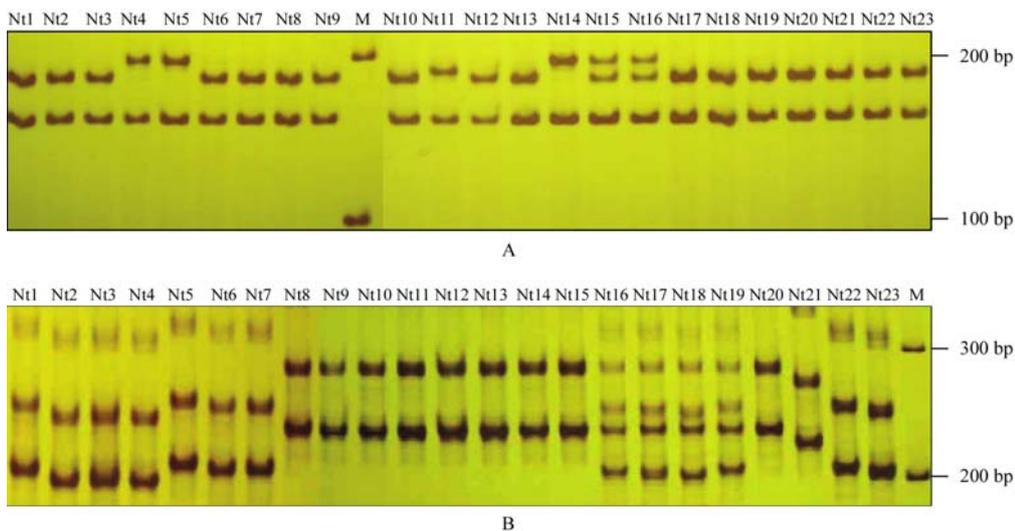


图 1 引物 Tep008(A)和 Tp186(B)的扩增结果

Figure 1 Result of amplification using primers Tep008 (A) and Tp186 (B)

1.2 烟草品种间遗传关系分析

由 SSR 数据估算出 23 份烟草品种间的遗传相似系数(表 2), 大小在 0.65~0.98 之间, 平均为 0.79, 其中烤烟品种间遗传相似系数在 0.77~0.98 之间, 平均为 0.86。地方烤烟品种净叶黄与其它烤烟品种之间的遗传相似系数在 0.77~0.79 之间, 遗传关系相对较远。烤烟品种云烟 85(Nt9)和云烟 87(Nt10)之间以及 K326(Nt8)和 K326J(Nt12)之间的遗传相似系数最高、达到 0.98, 由于云烟 85 和云烟 87 的亲本相同, K326J 为 K326 变异株系选而成, 因此其高遗传相似性是可以理解的。晒烟或香料烟与其他类型烟草品种间的遗传相似系数相对较低, 分别为 0.65~0.71 和 0.66~0.72, 其中晒烟品种 TI245(Nt21)与烤烟品种云烟 85(Nt9)、云烟 87(Nt10)、K326(Nt8)和 K326J(Nt12)间的遗传相似系数最低, 为 0.65。上述结果表明, 23 个烟草品种间的遗传相似性总体相对较高, 遗传基础比较狭窄; 但不同类型的烟草品种之间仍存在一定的遗传差异。

从烤烟主栽品种的遗传关系来看, 我国烤烟主栽品种如 K326、云烟 85、云烟 87、云烟 97、红花大金元等之间的遗传相似系数在 0.81~0.98 之间, 尤其是 K326、云烟 85、云烟 87、云烟 97 等之间的遗传相似系数在 0.92~0.98 之间, 遗传相似度极高。津巴布韦烤烟主栽品种或后备品种如 KRK26、KRK22、KRK23、T29、T66 等之间的遗传相似系数在 0.90~0.93 之间, 遗传相似度也非常高。而我国烤烟主栽品种与津巴布韦烤烟主栽品种或后备品种之间的遗传相似系数在 0.80~0.89 之间, 遗传关系相对较远。

1.3 聚类分析

为直观了解 23 个烟草品种间的遗传关系, 利用 700 对 SSR 标记产生的遗传相似系数矩阵按 UPGMA 方法构建了聚类图(图 2)。由图 2 可看出, 在遗传相似系数 GS=0.720 处(L1), 可将供试材料划分为四类: 同属晒烟的 Florida301(Nt1)和 TI245(Nt21)分别单独聚为 I 类和 IV 类; 属于香料烟的 Turkey Basma(Nt4)和 Samsun(Nt5)聚为 III 类; 白肋烟 Burley21(Nt2)和 TN86(Nt3)及所有烤烟均聚为 II 类。在遗传相似系数 GS=0.875 处(L2), 可将 II 类再分为 6 个亚类: II 1 由白肋烟 Burley21(Nt2)和 TN86(Nt3)组成; II 2 包括 Hicks Broad Leafs(Nt6)、K326(Nt8)、K326J(Nt12)、MsK326J(Nt13)、云烟 85(Nt9)、云烟 87(Nt10)、云烟 97(Nt11)和 Coker371-Gold(Nt20)8 份烤烟品种, 均为从美国引进品种或具有美引品种亲缘的品种; II 3 包括 MsRW(Nt14)、KRK26(Nt15)、KRK22(Nt16)、

KRK23(Nt17)、T29(Nt18)和 T66(Nt19)6 份烤烟品种, 是从津巴布韦引进的品种或亲本材料; 长脖黄(Nt23)、红花大金元(Nt7)和净叶黄(Nt22)则分别被单独聚为 II 4, II 5 和 II 6 亚类, 其中净叶黄(Nt22)是从地方品种长脖黄(Nt23)中选育成的抗赤星病优良品种, 红花大金元(Nt7)则是从美国引进的大金元品种变异株中选出的优良品种。

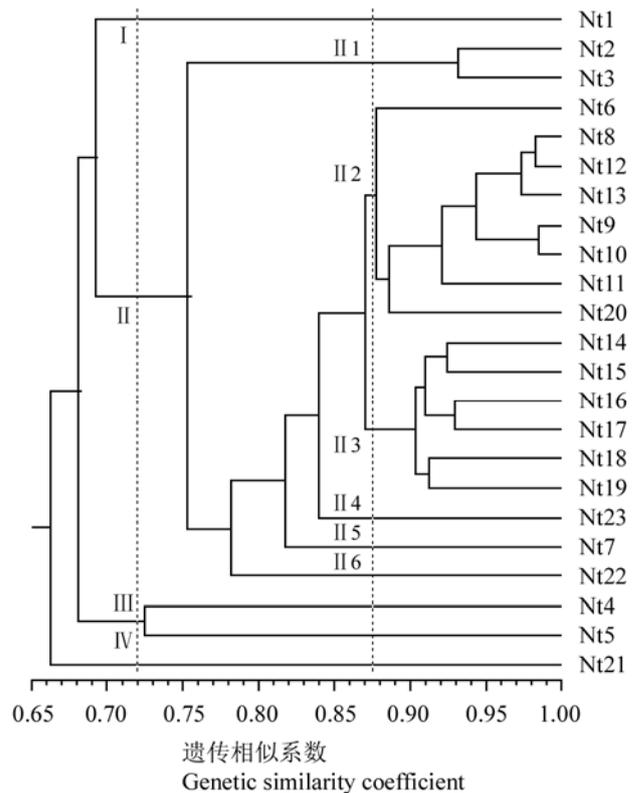


图 2 23 个烟草品种的 UPGMA 聚类图
Figure 2 Dendrogram of 23 tobacco cultivars constructed by UPGMA clustering analysis

2 讨论

2.1 烟草 SSR 标记的遗传多态性

本研究首先利用 8 份烟草品种对 1998 对 SSR 引物进行筛选, 获得 700 对多态性引物, 多态性 SSR 引物的比例达 35.04%。这一比例与 Bindler 等(2007)所得出的 10% 以内的多态率相差甚远, 这是因为: (1)我们用来检测 SSR 标记多态性的材料为 8 个; (2)用于多态性筛选的 1998 对 SSR 引物中, 有 278 对是 Bindler 等(2007)已在 Hicks Broad Leafs 和 Red Russia 中证实存在多态的引物, 且 Hicks Broad Leafs 也包含在我们用来初步筛选的 8 个材料中; (3)我们在利用 TGI 发布的烟草基因组序列进行 SSR 引物开发时, 策略上作了较大改进。在检测遗传多态性的能力方面, 700 个 SSR 标记共检测到 1600 个等

位基因, 平均每对引物可检测 2.29 个等位基因。而 Moon 等(2009)利用 70 个 SSR 引物在 117 份美国烤烟材料中共检测到了 1031 个等位基因, 平均每个标记可检测到的等位基因数是 14.7 个, 约是我们的 6.14 倍, 这可能是因为 Moon 等(2009)采用了具有高灵敏度的荧光毛细电泳检测技术, 而我们则是采用分辨率较低的 6%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测技术。

2.2 烟草品种间遗传多样性与亲缘关系

SSR 分子标记聚类结果(图 3)表明, 烟草栽培品种间亲缘关系的远近与人为划分的烟草类型有一定的相关性。如在遗传相似系数 $GS=0.720$ 处(L1), 香料烟品种 Turkey Basma(Nt4)和 Samsun(Nt5)聚为一类, 晒烟品种 Florida301(Nt1)和 TI245(Nt21)各自聚为一类、且与其它烟草类型分开; 在遗传相似系数 $GS=0.875$ 处(L1), 白肋烟品种 Burley21(Nt2)和 TN86(Nt3)聚为同一亚类。这一结论与此前利用 ISSR 分析的结果比较吻合(肖炳光等, 2007)。

我国选育的烤烟品种与从美国引进的烤烟品种之间的遗传差异并未因地理来源的不同而呈明显的区别, 它们聚为同一亚类、遗传关系较近, 主要是由于我国烤烟品种大多以美引品种为直接或间接亲本选育而成, 如云烟 85(Nt9)、云烟 87(Nt10)和云烟 97(Nt11)的亲源中都有 K326(Nt8)。Arslan 等(2006)利用 RAPD 标记对 22 个来自土耳其和美国的烤烟品种的遗传多样性分析结果也表明, 具有相同加工品质特性而地理来源不同的烤烟品种归为一类, 与本研究的结论类似。究其原因, 可能是当前的栽培品种为了迎合消费者的需求进行了严格的定向选择, 而使许多非育种目标的多样化性状丢失, 导致了遗传多样性降低。

我国烤烟主栽品种遗传基础极其狭窄, 应充分利用净叶黄(Nt22)等地方品种作为亲本来拓宽育成品种的遗传基础。参试的津巴布韦烤烟主栽品种或后备品种间遗传相似度也非常高, 其中 KRK26(Nt15)的亲本之一是津巴布韦国内自主创制的种质 MsRW(Nt14), 推测其它几个品种的亲本之一也可能含 MsRW(Nt14)或与 MsRW(Nt14)亲缘较近。因我国烤烟主栽品种与津巴布韦烤烟主栽品种或后备品种聚为不同的亚类, 遗传关系相对较远, 从田间表现看差异也较明显, 因此可适当引进种植一定面积的津巴布韦烤烟品种, 以在一定程度上缓解我国烤烟生产上种植品种单一化的矛盾。

3 材料与方法

3.1 供试材料

参试烟草品种共 23 份(表 3), 其中烤烟 17 份(含

津巴布韦引进品种 8 份)、晒烟 2 份、白肋烟 2 份和香料烟 2 份, 均由云南省烟草农业科学研究院、中国烟草育种研究(南方)中心提供。

Taq Polymerase、dNTPs、100 bp DNA ladder marker 购自宝生物(大连)有限公司; 丙烯酰胺和甲叉双丙烯酰胺购自 USB Corporation(美国); Tis-Base、Boric Acid、EDTA-2Na 和 CTAB 购自 Amersham Biosciences(美国); 其余试剂为国产。

3.2 SSR 引物

所用的 700 对 SSR 引物分两部分: 一部分是 Bindler 等(2007)发表的, 共有 119 对; 另一部分是基于 TGI 发布的烟草基因组序列和公共数据库 TIGR(<http://www.tigr.org/tdb/>)提供的烟草表达序列(EST), 由云南省烟草农业科学研究院[中国烟草育种研究(南方)中心]与浙江大学农业与生物技术学院联合开发的(尚未公布), 共有 581 对。所有引物由宝生物(大连)有限公司合成。

3.3 SSR 扩增

基因组 DNA 的提取及检测在 De Riek 等(2001)的方法上略作修改。

PCR 扩增体系为 20 μ L, 其中 15~30 ng/ μ L DNA 1.5 μ L、10 \times PCR reaction Buffer (Mg^{2+} plus) 2 μ L、25 mmol/L dNTPs 1.5 μ L、10 μ mol/L 正反引物各 1.5 μ L、*rTaq* 0.75 U。PCR 扩增在 Bio-RAD Master Cycler C1000 上进行, 先在 94 $^{\circ}$ C 下预变性 5min; 再进行 30 个循环的变性(94 $^{\circ}$ C, 30s)、退火(退火温度随引物的不同而改变, 30s)、延伸(72 $^{\circ}$ C, 30s)步骤; 然后在 72 $^{\circ}$ C 下继续延伸 5~7min; 最后在 4 $^{\circ}$ C 下保存。

扩增产物加 1/6 体积的 6 \times Loading Buffer, 取 2.5 μ L 利用 6%的非变性聚丙烯酰胺凝胶在 DYY-12 型电泳仪(北京六一厂)上电泳分离, 然后参照 Bassam 等(1991)的方法进行银染检测。

3.4 数据分析

扩增产物按同一迁移位置上条带在各个材料中的有(记为 1)、无(记为 0)和缺失(记为 2)进行统计。参试的每两份材料间的遗传相似系数(genetic similarity coefficient, GS)用 Nei-Li(1979)的公式计算。利用 NTSYSpc Version 2.11 软件(Rohlf 等, 1998)按照类平均法(UPGMA)进行聚类分析, 构建聚类图。

作者贡献

肖炳光、高玉龙是本研究的实验设计和实验研究的执行人; 肖炳光完成数据分析, 论文初稿的写作; 吴为人参与实验设计, 试验结果分析, 论文修改; 肖炳光是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。

表 3 供试烟草品种

Table 3 Tobacco cultivars used for the experiment

品种编号 Code	品种名称 Variety	烟草类型 Type	来源 Origin
Nt1	Florida301	晒烟 Sun-cured	美国 USA
Nt2	Burley21	白肋烟 Burley	美国 USA
Nt3	TN86	白肋烟 Burley	美国 USA
Nt4	Turkey Basma	香料烟 Oriental	土耳其 Turkey
Nt5	Samsun	香料烟 Oriental	土耳其 Turkey
Nt6	Hicks Broad Leafs	烤烟 Flue-cured	美国 USA
Nt7	红花大金元 Honghuadajinyuan	烤烟 Flue-cured	中国 China
Nt8	K326	烤烟 Flue-cured	美国 USA
Nt9	云烟 85 Yunyan No.85	烤烟 Flue-cured	中国 China
Nt10	云烟 87 Yunyan No.87	烤烟 Flue-cured	中国 China
Nt11	云烟 97 Yunyan No.97	烤烟 Flue-cured	中国 China
Nt12	K326J	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt13	MsK326J	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt14	MsRW	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt15	KRK26	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt16	KRK22	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt17	KRK23	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt18	T29	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt19	T66	烤烟 Flue-cured	津巴布韦 Zimbabwe
Nt20	Coker371-Gold	烤烟 Flue-cured	美国 USA
Nt21	TI245	晒烟 Sun-cured	美国 USA
Nt22	净叶黄 Jingyehuang	烤烟 Flue-cured	中国 China
Nt23	长脖黄 Changbohuang	烤烟 Flue-cured	中国 China

全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由国家烟草专卖局科技项目(110200701023)、中国烟草总公司云南省公司科技项目(05-03, 06A03, 08A05, 09YN001 和 2010YN02)资助。

参考文献

- Akkaya M.S., Bhagwat A.A., and Cregan P.B., 1992, Length polymorphisms of simple sequence repeat DNA in soybean, *Genetics*, 132: 1131-1139
- Arslan B. and Okumus A., 2006, Genetic and Geographic Polymorphism of Cultivated Tobaccos (*Nicotiana tabacum* L.) in Turkey, *Russian Journal of Genetics*, 42(6): 667-671
- Bassam B.J., Caetano-Anollés G., and Gresshoff P.M., 1991, Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels, *Analytical Biochemistry*, 196: 80-83
- Bindler G., van der Hoeven R., Gunduz I., Plieske J., Ganai M., Rossi L., Gadani F., and Donini P., 2007, A microsatellite marker based linkage map of tobacco, *Theor. Appl. Genet.*, 114: 341-349
- De Riek J.E., Calsyn I., Everaert E., Van Bockstaele and De Loose M., 2001, AFLP based alternatives for the assessment of distinctness, uniformity and stability of sugar beet varieties, *Theor. Appl. Genet.*, 103: 1254-1265
- Du C.Y., Wang Y.J., Li S.S., Li C.B., Liu H.X., and Tian J.C., 2008, AFLP Analysis of Genetic Relationship of 39 Flue-Cured Tobacco Cultivars, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 41(9): 2741-2747 (杜传印, 王玉军, 李斯深, 李常保, 刘洪祥, 田纪春, 2008, 39 个烤烟种质亲缘关系的 AFLP 分析, *中国农业科学*, 41(9): 2741-2747)
- He C.S., He X.J., Li T.F., Xu M.L., and Xu J.M., 2000, Cluster analysis of flue-cured tobacco germplasm, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 33(3): 14-18(何川生, 何兴金, 李天飞, 许美玲, 许介眉, 2000, 烤烟品种资源的聚类分析, *中国农业科学*, 33(3): 14-18)
- Moon H.S., Nifong J.M., Nicholson J.S., Heineman A., Lion K., van der Hoeven R., Hayes A.J. and Lewis R.S., 2009, Microsatellite-based Analysis of Tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) Genetic Resources, *Crop Science*, 49: 2149-2159
- Moore S.S., Sargeant L.L., King T.J., Mattick J.S., Georges M., and Hetzel D.J.S., 1991, The conservation of dinucleotide microsatellites among mammalian genomes allows the use of heterologous PCR primer pairs in closely related species, *Genomics*, 10: 654-660
- Morgante M, and Olivieri A.M., 1993, PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics, *The Plant Journal*, 3(1): 175-182
- Nei M., and Li W., 1979, Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 76: 5269-5273
- Qi J.M., Wang T., Chen S.H., Zhou D.X., Fang P.P., Tao A.F., Liang J.X., and Wu W.R., 2006, Genetic diversity and genetic relatives analysis of tobacco germplasm based on ISSR, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 32:373-378(祁建民, 王涛, 陈顺辉, 周东新, 方平平, 陶爱芬, 梁景霞, 吴为人, 2006, 部分烟草种质遗传多样性与亲缘关系的 ISSR 标记分析, *作物学报*, 32: 373-378)
- Ren N., and Timko M.P., 2001, AFLP analysis of genetic polymorphism and evolutionary relationships among cultivated and wild *Nicotiana* species. *Genome*, 44: 559-571
- Renganayaki K., Read J.C., and Fritz A.K., 2001, Genetic diversity among Texas bluegrass genotypes (*Poa arachnifera* Torr.) revealed by AFLP and RAPD markers, *Theor. Appl. Genet.*, 102: 1037-1045
- Rohlf F.J., 1998, NTSYSpc numerical taxonomy and multivariate analysis system, Version 2.0 Exeter Software, Setauket New York, USA
- Siva R.K., Sheshumadhav M. and Murthy T.G.K., 2008, Molecular diversity in the genus *Nicotiana* as revealed by randomly amplified polymorphic DNA, *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 14(4): 377-382
- Wang Y.Y., and Zhou J., 1995, Parentage analysis of major tobacco varieties and tobacco breeding in America and China, *Zhongguo Yanco Xuebao(Acta Tabaccaria Sinica)*, 2(3): 11-22(王元英, 周健, 1995, 中美主要烟草品种亲源分析与烟草育种, *中国烟草学报*, 2(3): 11-22)
- Xiao B.G., 2006, Assessment of genetic relationships between the flue-cured tobacco varieties by RAPD and ISSR markers, *Wuhan Zhiwuxue Yanjiu (Journal of Wuhan Botanical Research)*, 24: 392-396(肖炳光, 2006, 利用 RAPD 和 ISSR 标记分析烤烟品种间遗传关系, *武汉植物学研究*, 24: 392-396)
- Xiao B.G., and Yang B.C., 2007, Assessment of Genetic Diversity among Tobacco Germplasm by ISSR Markers, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*,

40(10): 2153-2161(肖炳光, 杨本超, 利用 ISSR 标记分析烟草种质的遗传多样性, 中国农业科学, 40(10): 2153-2161)

Yang B.C., Xiao B.G., Chen X.J., and Shi C.H., 2005, Genetic diversity of flue-cured tobacco varieties based on ISSR marker, Yichuan (Hereditas(Beijing)), 27:753-758 (杨本超, 肖炳光, 陈学军, 石春海, 2005, 基于 ISSR 标记的烤烟种质遗传多样性研究, 遗传, 27: 753-758)

Yang Y.C., Zhou Q.M., and Yin H.Q., 2006, Analysis of genetic diversity in tobacco germplasm by RAPDs and ALFPs, Nongye Shengwu Jishu Xuebao (Journal of Agricultural Biotechnology), 14: 585-593 (杨友才, 周清明, 尹晗琪, 2006, 利用 RAPD 和 AFLP 标记分析烟草种质资源的遗传多样性, 农业生物技术学报, 14: 585-593)



5thPublisher是一个致力于科学与文化传播的中文出版平台

在5thPublisher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://5th.sophiapublisher.com>

表 2 23 个烟草品种间的遗传相似系数

Table 2 Genetic similarity coefficients between 23 tobacco cultivars

	Nt1	Nt2	Nt3	Nt4	Nt5	Nt6	Nt7	Nt8	Nt9	Nt10	Nt11	Nt12	Nt13	Nt14	Nt15	Nt16	Nt17	Nt18	Nt19	Nt20	Nt21	Nt22	Nt23
Nt1	1.00																						
Nt2	0.66	1.00																					
Nt3	0.68	0.93	1.00																				
Nt4	0.66	0.66	0.66	1.00																			
Nt5	0.68	0.68	0.69	0.72	1.00																		
Nt6	0.69	0.77	0.78	0.67	0.70	1.00																	
Nt7	0.68	0.74	0.76	0.69	0.70	0.84	1.00																
Nt8	0.71	0.75	0.76	0.68	0.70	0.88	0.82	1.00															
Nt9	0.70	0.75	0.77	0.68	0.70	0.88	0.85	0.94	1.00														
Nt10	0.70	0.75	0.76	0.68	0.70	0.89	0.85	0.95	0.98	1.00													
Nt11	0.70	0.75	0.76	0.68	0.69	0.87	0.81	0.92	0.92	0.93	1.00												
Nt12	0.71	0.75	0.76	0.68	0.70	0.88	0.82	0.98	0.95	0.95	0.93	1.00											
Nt13	0.70	0.75	0.76	0.67	0.70	0.87	0.81	0.97	0.93	0.94	0.91	0.98	1.00										
Nt14	0.69	0.75	0.76	0.67	0.69	0.87	0.82	0.87	0.86	0.87	0.85	0.88	0.89	1.00									
Nt15	0.68	0.73	0.75	0.67	0.69	0.86	0.81	0.89	0.88	0.89	0.86	0.90	0.91	0.92	1.00								
Nt16	0.69	0.74	0.76	0.66	0.68	0.86	0.81	0.86	0.85	0.86	0.83	0.86	0.87	0.92	0.92	1.00							
Nt17	0.68	0.73	0.75	0.66	0.68	0.85	0.80	0.86	0.86	0.87	0.84	0.86	0.87	0.88	0.91	0.93	1.00						
Nt18	0.69	0.74	0.76	0.67	0.69	0.86	0.81	0.88	0.88	0.89	0.86	0.88	0.89	0.90	0.90	0.90	0.90	1.00					
Nt19	0.69	0.73	0.75	0.66	0.69	0.86	0.80	0.88	0.87	0.88	0.85	0.89	0.89	0.89	0.91	0.91	0.91	0.91	1.00				
Nt20	0.70	0.75	0.76	0.68	0.68	0.87	0.81	0.89	0.88	0.88	0.86	0.89	0.90	0.88	0.87	0.86	0.86	0.88	0.88	1.00			
Nt21	0.65	0.68	0.68	0.67	0.67	0.67	0.67	0.66	0.66	0.65	0.66	0.66	0.66	0.67	0.66	0.66	0.65	0.66	0.65	0.67	1.00		
Nt22	0.70	0.73	0.75	0.67	0.69	0.79	0.78	0.78	0.78	0.78	0.78	0.79	0.79	0.79	0.78	0.78	0.77	0.78	0.77	0.79	0.67	1.00	
Nt23	0.70	0.75	0.76	0.68	0.70	0.83	0.82	0.85	0.85	0.86	0.84	0.85	0.85	0.84	0.84	0.82	0.83	0.83	0.83	0.84	0.66	0.78	1.00