植物遗传资源学报 2010,11(3):271-277
Journal of Plant Genetic Resources

利用 AFLP 标记分析皮燕麦种质资源遗传多样性

相怀军[1],张宗文[1,2],吴 斌[1]
([1]中国农业科学院作物科学研究所,北京 100081;[2]国际生物多样性中心东亚办事处,北京 100081)

摘要:用 20 对 AFLP 引物对来自于国内外的 177 份皮燕麦(*Avena. sativa* L.)资源进行遗传多样性分析,共获得 976 条清晰条带,其中多态性条带为 185 条,不同引物的多态性百分率为 9.3% ~35.9%,平均为 19.0%。不同来源组群的 Shannon-Weaver 多样性指数变化范围为 0.19 ~0.3412,西欧材料最高,其次是北欧(0.3269)、日本(0.3072)、东欧(0.2949)、北美(0.2904)、黑龙江最低。主坐标和 UPGMA 聚类分析结果基本相同,并与地理来源有很高的一致性。全部材料总体上可分为两类,其中一类全部为国内资源,另一类包含所有国外、内蒙古和青海的材料。国内与国外材料分布相对集中,这表明国内与国外材料亲缘关系较远,交流不是很广泛。而国内不同来源的材料相互交错分布,表明国内皮燕麦资源交流充分,多样性不是很丰富,应加强国外皮燕麦的引种工作。

关键词:皮燕麦;AFLP;遗传多样性;种质资源;主坐标分析

Assessment of Genetic Diversity for Hulled Oat Germplasm Using AFLP Markers

XIANG Huai-jun[1],ZHANG Zong-wen[1,2],WU Bin[1]
([1]*Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081*; [2]*Biodiversity International Office for East Asia, Beijing 100081*)

Abstract: One hundred and seventy seven accessions of hulled oat(*Avena sativa* L.) with domestic and oversea origins were analyzed using 20 AFLP primer combinations. Selective amplification created 976 unambiguous bands, of which 185 bands were polymorphic. The percentage of polymorphic bands for each AFLP primer combination ranged from 9.3% to 35.9%, with the average of 19.0%. Shannon-Weaver indices of groups of accessions with diverse geographic origins varied from 0.19 to 0.3412. Western Europe group showed the highest index, followed by North Europe(0.3269), Japan(0.3072), Eastern Europe(0.2949) and North American group(0.2904), and Heilongjiang group showed the lowest. The results of PCA and UPGMA clustering analysis exhibited a good consistency, and were also consistent with geographic origins. All the accessions were classified into two categories based by PCAand UPGMA clustering analysis. One category covered mainly domestic accessions, the other category included accessions of Inner Mongolia and Qinghai as well as accessions from overseas. The exotic accessions were generally separated from domestic accessions while domestic accessions with different origins mixed up. This indicates that the relationship between domestic and oversea accessions was relatively far caused by lacking of effective exchange, and the domestic accessions of hulled oat were more homologous due to lack of diversity. It is important to promote the germplasm exchange with other countries and enrich the genetic diversity of hulled oat in China.

Key words: Hulled oat; AFLP; Genetic diversity; Germplasm resources; PCA

燕麦是禾本科燕麦属(*Avena* L.)的作物,按其子粒外稃形状可分为带稃型和裸粒型两大类[1],分

收稿日期:2009-12-05 **修回日期**:2010-01-19
基金项目:国家科技支撑计划(2006BAD02B05-11);国家燕麦现代产业技术体系(NYCYTX-14)
作者简介:相怀军,在读硕士,主要从事燕麦种质资源研究。E-mail:huaijunxiang@yahoo.com
通讯作者:张宗文,博士,研究员。E-mail:zongwenz@163.com

万方数据

别称为皮燕麦(*A. stativa*)和裸燕麦(*A. nuda*)。国外主要种植皮燕麦,用作饲料;中国主要种植裸燕麦,用作粮食,同时在青海等省的高寒牧区也种植皮燕麦,用作饲料。燕麦具有耐旱、耐瘠薄、生育期短和适应性强等特点,适合在我国的西北部地区种植。

燕麦具有很高的营养保健作用,是一种低糖、高营养、高能量食品,它能有效地降低血液中的胆固醇含量,从而利于控制心脏病的发生。此外,燕麦纤维还可以减缓动物对碳水化合物的吸收速度,稳定血液中的糖含量,这有助于糖尿病的防治,已经成为公认的保健食品。

国外学者已利用形态标记[2-4]、同工酶[5-6]、RFLP[7-9]、RAPD[9-10]、微卫星[11-12]、AFLP[10,13]等方法对燕麦种间关系及遗传多样性开展了大量研究。国内燕麦研究主要侧重于营养品质含量、保健功能[14]及种质资源的收集与评价、生产性能、混播试验、栽培技术[15-19]等方面,在燕麦种质遗传多样性研究方面相对较少。王茅雁等[20]利用RAPD标记对我国8个燕麦种共21份材料的遗传差异及类群划分进行了研究,发现各个种之间的遗传距离普遍大于种内的遗传距离;周青平等[21]对2个高产燕麦品种的RAPD分析表明,2个品种亲缘关系较远。齐冰洁等[22]对国内的71份燕麦种质资源生物学性状的遗传多样性进行了研究,发现各生物学性状的遗传多样性指数都较大,多样性最高的是单株粒重。AFLP标记是对基因组DNA进行分析的分子标记技术,与其他的分子标记技术相比,它可以在全基因组范围内对多个不同的遗传位点同时进行变异分析,而较少受到基因组特征性序列的影响,是进行遗传多样性分析及分子鉴别的首选技术之一[23]。

本研究的主要目的是对保存在国家种质库的栽培皮燕麦种质资源进行AFLP标记遗传多样性分析,旨在揭示我国现有皮燕麦种质资源遗传多样性与地理分布特点和群体间的遗传关系,为我国皮燕麦种质资源的收集、保护、研究和利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究选取了国家种质库保存的177份皮燕麦资源作为试验材料,包括国内材料71份,国外材料106份。所选取的177份材料是张恩来等[24]构建的核心种质中的所有皮燕麦资源。采用的核心种质的取样策略是先按省份分组,再按比例法确定组内取样量,通过聚类选择个体,所选材料不仅覆盖了国内所有的燕麦种植地区,也包含了世界上主要燕麦种植区的材料,能较好的代表我国收集保存的皮燕麦种质多样性。为了便于分析,根据材料的来源和份数的多少,将177份材料分为15个组群,其中国内材料7个组群,国外材料8个组群,每个组群的材料数不等,最少的4份,最多的30份(表1)。

表1 对试验材料按主要地理来源的分组情况

Table 1 Materials grouped by geographical origin

国内来源 Domestic origin	材料数 No. of accessions	国外来源 Exotic origin	材料数 No. of accessions
黑龙江	10	北美(加拿大6份,美国12份)	18
河北	8	南美(阿根廷2份,智利2份)	4
内蒙古	9	北欧(丹麦30份)	30
甘肃	11	西欧(法国5份,匈牙利3份,德国1份,比利时1份)	10
青海	16	东欧(保加利亚2份,土耳其1份,前苏联12份)	17
新疆	13	澳大利亚	9
其他(四川1份,陕西2份,宁夏1份)	4	日本	7
小计	71	其他(未知来源9份,蒙古1份,巴基斯坦1份)	11
		小计	106
		合计	177

1.2 DNA的提取

将所有的供试材料种于温室中,温室温度20~25℃,出苗后的第10天,每份材料选择生长良好的5株幼苗,取嫩叶混合,采用CTAB小量法提取DNA,用1%琼脂糖凝胶电泳检测DNA的浓度及纯度,将样品稀释到50ng/μl,放-20℃冰箱备用。

1.3 AFLP分析

参照Vos等[25]的方法,对AFLP反应体系进行优化。用限制性内切酶*EcoR* I和*Mse* I对基因组DNA双酶切。预扩增采用E+0/M+0引物组合,预扩增产物于-20℃保存或稀释后用于选择性扩增。选用E+3/M+3引物组合进行选择性扩增,引物序列详见表2。PCR产物在80W下用6%的聚丙烯酰胺凝胶电泳1.5h左右,直至二甲苯青指示线距板底部约2/3处。银染检测扩增产物。

万方数据

表 2　用于分析的 20 对选扩引物的序列

Table 2　Sequence of primers for selective amplification used in the analysis

Mse I 引物 *Mse* I primer	选择性碱基 Selective bases	*EcoR* I 引物 *EcoR* I primer	选择性碱基 Selective bases
M37	5′-GATGAGTCCTGAGTAA ACG-3′	E37	5′-GACTGCGTACCAATTC ACG-3′
M47	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CAA-3′	E38	5′-GACTGCGTACCAATTC ACT-3′
M48	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CAC-3′	E39	5′-GACTGCGTACCAATTC AGA-3′
M49	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CAG-3′	E40	5′-GACTGCGTACCAATTC AGC-3′
M50	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CAT-3′	E64	5′-GACTGCGTACCAATTC GAC-3′
M59	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CTA-3′	E76	5′-GACTGCGTACCAATTC GTC-3′
M60	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CTC-3′		
M61	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CTG-3′		
M62	5′-GATGAGTCCTGAGTAA CTT-3′		
M64	5′-GATGAGTCCTGAGTAA GAC-3′		

1.4　数据处理方法

选择较清晰的谱带进行统计,有带赋值为 1,无带赋值为 0。依据每对引物扩增出的总条带以及多态性条带数目,计算多态性百分率。利用 Popgene 1.32 软件计算每对引物和各组群材料的 Simpson 指数 *D* 和 Shannon-Weaver 多样性指数 *I*,以及遗传相似系数,并采用 UPGMA 法绘制组群间树状聚类图,采用 NTSYSpc2.2 软件绘制供试材料的三维空间分布图,邻接法绘制品种间的环形聚类图。

2　结果与分析

2.1　引物筛选及多态性检测

从供试材料中选取 12 份来源不同,并且表型差异较大的材料,对 80 个 AFLP 引物组合进行了筛选,结果显示大部分引物组合在 12 份供试材料中均能找到多态性的条带。从中选择多态性丰富、扩增谱带清晰的引物组合 20 个(表 2),用于分析 177 份皮燕麦材料的遗传多样性。20 对 AFLP 引物对 177 份皮燕麦材料的扩增结果列于表 3。

由表 3 可知,20 对引物组合共扩增出 976 条带,其中 185 条为多态性条带,平均每对引物组合扩增出 48.8 条,其中多态性条带 9.3 条。不同引物组合的扩增效率差异较大,扩增条带数在 35~76 条之间。多态性条带数最多的引物是 E37/M48、E38/M61、E39/M37,均为 14 条,最少的是 E38/M49,只有 5 条。引物组合 E38/M61 的多态性百分率最高,为 35.9%;E37/M61 最低,为 9.3%;平均多态性百分率为 19.0%。不同引物的多态性信息量(*PIC*)变化范围在 0.0186~0.0635 之间,平均为 0.0423。

表 3　AFLP 引物组合的多态性情况

Table 3　Polymorphism of AFLP primer combinations

引物组合 Primer combination	总带数 No. of total bands	多态性带 No. of polymorphic bands	多态性百分率(%) Percentage of polymorphic bands	多态性信息量 *PIC*
E37/M47	40	13	32.5	0.0476
E37/M48	59	14	23.7	0.0556
E37/M50	53	9	17.0	0.0390
E37/M59	76	10	13.2	0.0511
E37/M60	60	8	13.3	0.0450
E37/M61	54	5	9.3	0.0232
E37/M62	58	10	17.2	0.0502
E38/M47	50	6	12.0	0.0285
E38/M48	47	7	14.9	0.0340
E38/M49	35	5	14.3	0.0186
E38/M59	37	9	24.3	0.0428
E38/M60	36	6	16.7	0.0242
E38/M61	39	14	35.9	0.0547
E38/M62	40	8	20.0	0.0439
E39/M37	46	14	30.4	0.0635
E40/M47	66	9	13.6	0.0359
E40/M48	40	6	15.0	0.0329
E40/M49	50	8	16.0	0.0411
E64/M64	43	12	27.9	0.0482
E76/M64	47	12	25.5	0.0663
合计 Total	976	185		
平均 $\bar{x}$	48.8	9.3	19.0	0.0423

万方数据

2.2 皮燕麦种质的遗传多样性

不同地理来源的15个组群的Simpson指数*D*和Shannon-Weaver多样性指数*I*见表4。Simpson指数范围为1.2299~1.4295,最高为西欧材料,其次为北欧(1.3707)、国外其他(1.3510)、北美(1.3214)和东欧材料(1.3155),黑龙江材料最低。Shannon-Weaver多样性指数*I*变化范围在0.19~0.3412之间,不同组群的Shannon-Weaver指数差异较大,西欧材料最高,其次是北欧(0.3269)、日本(0.3072)、东欧(0.2949)和北美材料(0.2904),黑龙江材料最低。为了便于分析国内与国外材料的差异,将国内材料和国外材料分别计算,其Simpson指数*D*和Shannon-Weaver多样性指数*I*的结果显示,国内材料Simpson指数*D*(1.2999)低于国外材料(1.3501),国内材料的Shannon-Weaver多样性指数*I*(0.3015)明显低于国外材料(0.3435)。材料总的Simpson指数和Shannon-Weaver多样性指数分别为1.3652和0.3346。

表4 不同来源组群的材料数、Simpson指数*D*和Shannon-Weaver多样性指数*I*

Table 4 Simpsion Index and Shannon-Weaver index of 11 populations with diverse origins

国内来源 Domestic origin	材料数 No. of accessions	Simpson指数 *D*	多样性指数 *I*	国外来源 Exotic origin	材料数 No. of accessions	Simpson指数 *D*	多样性指数 *I*
黑龙江	10	1.2299	0.1900	北美	18	1.3214	0.2904
河北	8	1.2613	0.2006	南美	4	1.2832	0.2144
内蒙古	9	1.2645	0.2157	北欧	30	1.3707	0.3269
甘肃	11	1.2308	0.2030	西欧	10	1.4295	0.3412
青海	16	1.2635	0.2297	东欧	17	1.3155	0.2949
新疆	4	1.2800	0.2016	澳大利亚	9	1.2430	0.2233
其他	13	1.2440	0.2372	日本	7	1.2763	0.3072
国内材料	71	1.2999	0.3015	其他	11	1.3510	0.2894
				国外材料	106	1.3501	0.3435
				总体	177	1.3652	0.3346

2.3 不同来源皮燕麦种质之间的亲缘关系

2.3.1 聚类分析 用Popgene软件计算出各组群间遗传距离数值(表5),发现甘肃组群与澳大利亚组群的遗传距离最大,北美和国外其他组群的遗传距离最小。国内新疆组群与内蒙古组群间的遗传距离最大,而青海组群与内蒙古组群之间的最小。国外组群间遗传距离最大的为日本与澳大利亚之间,最小的为北美与国外其他之间。将各组群间的遗传距离数值导入NTSYSpc2.2,采用UPGMA法绘制群体间树状聚类图(图1)。在遗传距离0.35处,可将15个组群分为2组,第Ⅰ组包含所有的国外群体,以及国内群体中的内蒙古和青海组群;第2组包括的组群均来自国内。

进一步分析可以发现,第Ⅰ组又可分为4个亚组,第1亚组包括东欧、西欧、北欧组群;第2亚组包括北美和国外其他组群;第3亚组包括内蒙古和青海组群;第4亚组包含南美、日本和澳大利亚组群。第Ⅱ组也可分为3个亚组,第1亚组包括黑龙江和河北组群;第2亚组包括新疆和甘肃组群;第3亚组包含国内其他组群。

2.3.2 主坐标分析 用NTSYSpc2.2软件对所有参试材料进行主坐标分析,绘制三维空间聚类图(图2)。由图2可见,所有的材料较为明显的分为2组,第1组包含甘肃、河北、黑龙江、新疆、国内其他的大部分材料,以及北欧、东欧的部分材料。第2组包含了北美、南美、西欧、东欧、北欧、澳大利亚、日本、国外其他、内蒙古以及青海的大部分材料。

从分类上看,第1组主要是国内材料,而北欧、东欧材料也有分布,同时本组中黑龙江、新疆组群的分布比较集中,而其他组群分布较为分散,不同组群相互交错,没有明显的界限。第2组主要是国外材料,其中也包含了大部分的内蒙古和青海材料,本组中各组群分布相对较集中,但是各组群间相互交错。此结果与聚类的结果基本一致。

万方数据

表 5　组群间的 Nei 遗传距离

Table 5　Nei's genetic distance among groups

Pop	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
2	0.0291													
3	0.0717	0.0455												
4	0.0461	0.0604	0.0875											
5	0.0445	0.0337	0.0202	0.0566										
6	0.0702	0.0794	0.0889	0.0505	0.0771									
7	0.0324	0.0319	0.0566	0.0369	0.0375	0.0463								
8	0.0661	0.0533	0.0204	0.0879	0.0357	0.0865	0.0548							
9	0.0680	0.0612	0.0422	0.0886	0.0464	0.0978	0.0543	0.0240						
10	0.0570	0.0388	0.0170	0.0684	0.019	0.0686	0.0430	0.0127	0.0333					
11	0.0702	0.0508	0.0276	0.0904	0.0261	0.0825	0.0554	0.0212	0.0442	0.0120				
12	0.0609	0.0489	0.0119	0.0888	0.0240	0.0827	0.0531	0.0144	0.0335	0.0090	0.0093			
13	0.0785	0.0643	0.0334	0.1096	0.0521	0.1074	0.0686	0.0181	0.0297	0.0375	0.0464	0.0356		
14	0.0728	0.0610	0.0424	0.0903	0.0373	0.0934	0.0633	0.0321	0.029	0.0303	0.0221	0.0339	0.0475	
15	0.0713	0.0598	0.0232	0.0895	0.0419	0.0824	0.0663	0.0077	0.0238	0.0205	0.0255	0.0167	0.0196	0.0298

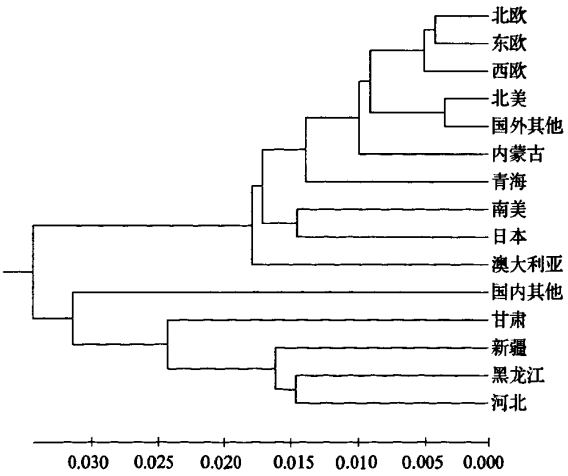

图 1　基于 Nei 氏遗传距离的燕麦种质组群的聚类图

Fig. 1　Dendrogram among groups of oat germplasm based on Nei's genetic distance

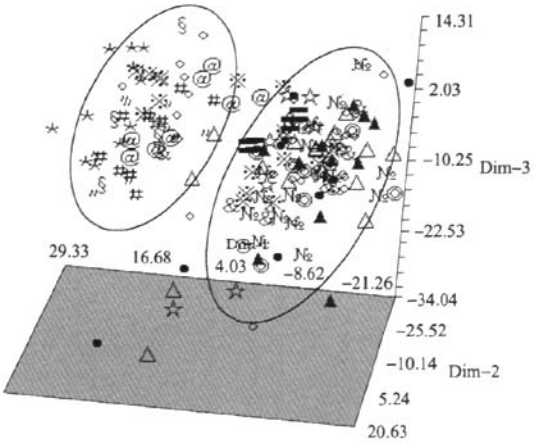

图 2　皮燕麦资源主坐标分析的三维空间聚类图

Fig. 2　Three-dimension of accessions of oat with principle correspondence analysis

#黑龙江;@河北;&内蒙古;★甘肃;※青海;§国内其他;〃新疆;№北美;=南美;○北欧;●西欧;△东欧;◎澳大利亚;☆日本;▲国外其他

2.4　皮燕麦种质材料聚类结果

采用邻接法(Neighbor-jioning)分析 177 份皮燕麦资源的遗传结构,聚类图显示全部材料可划分为 10 个类群(图 3)。不同类群的材料数不同,但均涵盖多个地理来源(表 6)。在第Ⅱ、Ⅲ、Ⅳ类群中,国内材料数占国内材料总数的 76%,而且这 3 类中,国外材料仅占 3 份。黑龙江、河北、新疆地区的资源仅集中在 1~2 个类群中,遗传结构比较单一,其他地区的资源较为分散,其中国内的青海地区,国外的北欧、东欧最为分散,分别覆盖了 9、7、7 个类群。虽然不同类群涵盖了多个地理来源的材料,但不同类群的主要材料来源多为 1~2 个地区,有自己明显的特征,如第Ⅵ类群中北美与国外其他地区材料占 75%。

万方数据

表6 177份皮燕麦在10个类群中的分布情况

Table 6 Distribution of 177 *A. sativa* accessions in ten major clusters

组群 Group	Ⅰ	Ⅱ	Ⅲ	Ⅳ	Ⅴ	Ⅵ	Ⅶ	Ⅷ	Ⅸ	Ⅹ	总数 Total
黑龙江			10								10
河北		7		1							8
内蒙古		2		3		1		3			9
甘肃		8	1	2							11
青海	1	2	1	1	2		3	4	1	1	16
新疆			3	10							13
国内其他(四川1份,陕西2份,宁夏1份)	1			3							4
北美(加拿大6份,美国12份)			1		3	8	2		1	3	18
南美(阿根廷2份,智利2份)					1	1		1	1		4
北欧(丹麦30份)	8				3	1	3	2	6	7	30
西欧(法国5份,匈牙利3份,德国1份,比利时1份)	6				1			2	1		10
东欧(保加利亚2份,土耳其1份,前苏联12份)	3			1	1		1	3	2	6	17
澳大利亚	1				5	1	2				9
日本	1				3	1			2		7
国外其他(未知来源9份,蒙古1份,巴基斯坦1份)	2		1			7				1	11
合计 Total	23	19	17	21	19	20	11	15	14	18	177

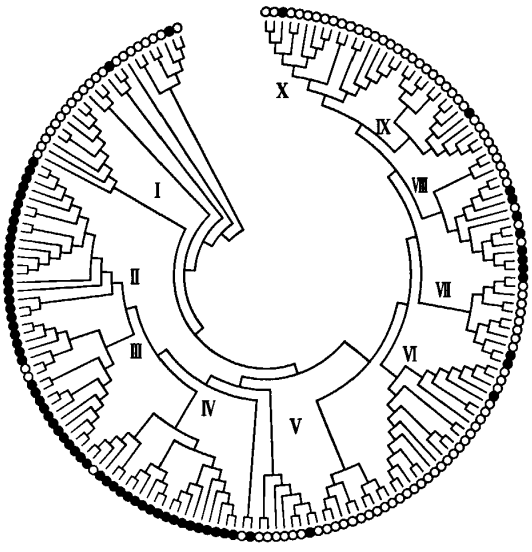

图3 邻接法对177份皮燕麦的聚类结果

Fig. 3 Clustering of 177 *A. sativa* accessions by neighbor-joining analysis

●国内材料 Domestic cultivars;○国外材料 Exotic accessions

3 讨论

3.1 皮燕麦种质的遗传多样性

在皮燕麦遗传多样性分析中,无论是Simpson指数,还是Shannon-Weaver多样性指数,都表明西欧和北欧材料具有较高的遗传多样性,为燕麦育种提供了丰富的材料,使该地区成为世界上燕麦生产水平最高的区域。通过比较发现,国内材料的Simpson指数和Shannon-Weaver多样性指数(1.2999, 0.3015)均低于国外材料(1.3501, 0.3435)。这说明国内皮燕麦种质的遗传多样性较低;国内组群材料间遗传距离的变化范围为0.0077~0.1096,变化幅度相对较小,也说明总体的遗传多样性并不是很丰富。事实上国内主要种植裸燕麦,而皮燕麦的种植面积相对较小,品种也比较单一,这也是导致国内材料遗传多样性不够丰富的原因之一。当然,国内材料占参试材料的比例相对较少,也可能对该试验结果产生一定影响。尽管如此,本研究从一定程度上说明我国的皮燕麦遗传多样性不够丰富,资源收集不足,因此进一步从欧洲特别是西欧和北欧国家收集和引进皮燕麦资源对丰富我国皮燕麦资源的多样性有重要意义。

3.2 皮燕麦种质各组群间的关系

聚类分析和主坐标分析表明,不同地理来源的材料之间遗传多样性差异较大。组群聚类分析发现,国内和国外组群明显分为2大类。国内类群又可分为3个亚类:其中新疆和甘肃材料分在同一个亚类,地理位置上同属西北地区,此地区也是国内燕麦资源较为丰富的区域;河北与黑龙江材料分在同一个亚类,河北是中国燕麦的主要种植区,而黑龙江基本没有燕麦种植,由此推测黑龙江的材料可能来源于河北;国内其他来源材料分在一个亚类。国外类群明显分为4个亚类:第1亚类为东欧、西欧、北欧材料,它们在地理位置上相互交错,品种的交流也比较频繁,多样性最为丰富,支持该地区是皮燕麦起源中心学说;第2亚类为北美和国外其他群体材料,由此可以推测国外其他群体材料可能就是来源于北

万方数据

美地区或是引自北美的材料,此地区皮燕麦资源也比较丰富,种植范围较广;第 3 亚类为南美、日本、澳大利亚群体,这些国家和地区的燕麦材料较少,绝大多数为引进品种,由此推测这些国家的材料很可能引自同一个地区;第 4 亚类是内蒙古和青海材料,虽是国内群体,却与国外种群遗产距离较近,说明这两个地区的参试材料可能有国外遗传背景。主坐标分析把大部分材料也明显分为 2 类:第 1 类均是国内群体;第 2 类不仅包含所有国外群体,还包括内蒙古和青海群体,这与聚类分析结果一致。类内组成分析发现,各组群材料相互交错,很难清晰地将其明确区分,而且青海材料和北欧材料在两类内均有分布。

3.3　皮燕麦种质各品种间的关系

邻接法聚类的结果说明,国内材料和国外材料差异较大,基本可以明显分为 2 大类,第 1 类为国内来源材料,第 2 类为国外来源材料。2 大类内各群体间差异较小,各群体间相互交错,国内材料中部分青海、内蒙古群体的材料散布到第 2 类中。可以注意到种间分组中,材料数较少的国内其他群体的 4 份材料,其中 3 份在第Ⅳ类中,1 份在第Ⅰ类中,而第Ⅳ类中主要还包括新疆、甘肃和内蒙古群体的材料,这与按地理来源分组中国内其他群体与新疆、甘肃群体关系较近的说法相符。南美群体的 4 份材料分到了 4 个不同的大类中,相对较分散,而日本与澳大利亚群体的材料中的大部分材料也分到这 4 大类中,这与南美群体与澳大利亚、日本群体同属一亚组的结果相一致。日本、澳大利亚群体主要集中在第Ⅴ类群中,说明日本与澳大利亚群体材料差异不大。图 3 中显示的各类群间的分类情况与用主成分分析和聚类分析得到的不同地区来源的种群间关系基本一致,一定程度上说明按不同地理来源分类分析各种群间的关系是可靠的。总体而言,国内组群与国外组群差异较为显著,组群内的差异相对较小,特别是国内组群材料的遗传距离较近,说明我国皮燕麦种质交流比较充分,为丰富我国皮燕麦资源多样性,应该加大国外引种力度,积极推进与国外皮燕麦种质的交流与交换。

参考文献

[1] 杨海鹏,孙泽民. 中国燕麦[M]. 北京:农业出版社,1989

[2] Souza E, Sorrells M E. Relationships among 70 North American oat germplasms: I. Cluster analysis using quantitative characters [J]. Crop Sci, 1991, 31: 599-605

[3] Souza E, Sorrells M E. Relationships among 70 North American oat germplasms: II. Cluster analysis using qualitative characters [J]. Crop Sci, 1991, 31: 605-612

[4] Diederichsen A. Assessments of genetic diversity within a world collection of cultivated hexaploid oat (*Avena sativa* L.) based on qualitative morphological characters [J]. Genet Resour Crop Evol, 2008, 55(3): 419-440

[5] Murphy J P, Phillips T D. Isozyme variation in cultivated oat and its progenitor species *Avena sterilis* L. [J]. Crop Sci, 1993, 33: 1366-1372

[6] Phillips T D, Murphy J P. Distribution and analysis of isozyme polymorphism in North American cultivated oat germplasm [J]. Crop Sci, 1993, 33: 460-469

[7] O'Donoughue L S, Souza E, Tanksley S D, et al. Relationships among North American oat cultivars based on restriction fragment length polymorphisms [J]. Crop Sci, 1994, 34: 1251-1258

[8] Alicchio R, Aranci L, Conte L. Restriction fragment length polymorphism based phylogenetic analysis of *Avena* L [J]. Genome, 1995, 38: 1279-1284

[9] Nocelli E, Giovannini T, Bioni M, et al. RFLP- and RAPD-based genetic relationships of several diploid species of *Avena* with the A genome [J]. Genome, 1999, 42: 950-959

[10] Edyta P G. Pedigree, RAPD and simplified AFLP-based assessment of genetic relationships among *Avena sativa* L. cultivars [J]. Euphytica, 2004, 138: 13-22

[11] Li C D, Rossnagel B G, Scoles G J. Tracing the phylogeny of the hexaploid oat *Avena sativa* with satellite DNAs [J]. Crop Sci, 2000, 40: 1755-1763

[12] Fu Y B, Chong J, Fetch T, et al. Microsatellite variation in germplasm accessions of the wild oat *Avena sterilis* L [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114: 1029-1038

[13] Fu Y B, Peterson G W, Williams D, et al. Patterns of AFLP variation in a core subset of cultivated hexaploid oat germplasm [J]. Theor Appl Genet, 2005, 111: 530-539

[14] 胡新中. 燕麦食品加工及功能特性研究进展[J]. 麦类作物学报, 2005, 25(5): 122-124

[15] 马得泉, 田长叶. 中国燕麦优异种质资源[J]. 作物品种资源, 1998(2): 4-6

[16] 刘刚, 戴良先, 李达旭, 等. 不同饲用燕麦品种生产性能的综合评价[J]. 草业与畜牧, 2007(7): 1-5

[17] 乔有明, 尹大海, 裴海昆. 点播条件下早熟燕麦单株粒重与几个主要性状的相关性研究[J]. 青海畜牧兽医杂志, 1997(4): 17-21

[18] 施建军. 青南地区良种燕麦品种比较试验[J]. 青海畜牧兽医杂志, 1999(4): 13-15

[19] 陈功, 李锦华, 时永杰. 高寒地区燕麦播种量与生产性能的关系[J]. 草原与草坪, 2000(4): 29-31

[20] 王茅雁, 傅晓峰, 张凤英. 利用 RAPD 标记研究燕麦属不同种的遗传差异[J]. 华北农学报, 2004, 19(4): 24-28

[21] 周青平, 颜红波, 韩志林, 等. 2 种高产燕麦品种 DNA 分子的 RAPD 标记分析[J]. 草业科学, 2005, 122(18): 21-23

[22] 齐冰洁, 刘景辉, 张智勇, 等. 燕麦种质资源生物学性状的遗传多样性[J]. 麦类作物学报, 2008, 28(4): 594-599

[23] 郝晨阳, 王兰芬, 董玉琛, 等. 我国西北春麦区小麦育成品种遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(4): 285-291

[24] 张恩来, 张宗文, 王天宇, 等. 构建我国燕麦核心种质的取样策略研究[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(2): 151-156

[25] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting [J]. Nucleic Acids Research, 1995, 23(21): 4407-4414

万方数据

利用AFLP标记分析皮燕麦种质资源遗传多样性

万方数据 WANFANG DATA 文献链接

作者： 相怀军， 张宗文， 吴斌， XIANG Huai-jun， ZHANG Zong-wen， WU Bin

作者单位： 相怀军,吴斌,XIANG Huai-jun,WU Bin(中国农业科学院作物科学研究所,北京,100081)， 张宗文,ZHANG Zong-wen(中国农业科学院作物科学研究所,北京,100081;国际生物多样性中心东亚办事处,北京,100081)

刊名： 植物遗传资源学报 ISTIC PKU

英文刊名： JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES

年，卷(期)： 2010,11(3)

参考文献(25条)

1. Nocelli E;Giovannini T;Bioni M RFLP-and RAPD-based genetic relationships of several diploid species of Avena with the A genome 1999

2. Alicchio R;Aranci L;Conte L Restriction fragment length polymorphism based phylogenetic analysis of Avena L 1995

3. O'Donoughue L S;Souza E;Tanksley S D Relationships among North American oat cultivars based on restriction fragmentlength polymorphisms[外文期刊] 1994

4. Phillips T D;Murphy J P Distribution and analysis of isozyme polymorphism in North American cultivated oat germplasm 1993

5. Murphy J P;Phillips T D Isozyme variation in cultivated oat and its progenitor species Avena sterilis L[外文期刊] 1993

6. Diederichsen A Assessments of genetic diversity within a world collection of cultivated hexaploid oat(Arena sativa L.)based on qualitative morphological characters 2008(03)

7. Souza E;Sorrells M E Relationships among 70 North American oat germplasms:Ⅱ.Cluster analysis using qualitative characters[外文期刊] 1991

8. Souza E;Sorrells M E Relationships among 70 North American oat germplasms:I.Cluster analysis using quantitative characters[外文期刊] 1991

9. Vos P;Hogers R;Bleeker M AFLP:A new technique for DNA fingerprinting[外文期刊] 1995(21)

10. 张恩来;张宗文;王天宇 构建我国燕麦核心种质的取样策略研究[期刊论文]-植物遗传资源学报 2008(02)

11. 郝晨阳;王兰芬;董玉琛 我国西北春麦区小麦育成品种遗传多样性的AFLP分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2003(04)

12. 齐冰洁;刘景辉;张智勇 燕麦种质资源生物学性状的遗传多样性[期刊论文]-麦类作物学报 2008(04)

13. 周青平;颜红波;韩志林 2种高产燕麦品种DNA分子的RAPD标记分析[期刊论文]-草业科学 2005(18)

14. 王茅雁;傅晓峰;张凤英 利用RAPD标记研究燕麦属不同种的遗传差异[期刊论文]-华北农学报 2004(04)

15. 陈功;李锦华;时永杰 高寒地区燕麦播种量与生产性能的关系 2000(04)

16. 施建军 青南地区良种燕麦品种比较试验 1999(04)

17. 乔有明;尹大海;裴海昆 点播条件下早熟燕麦单株粒重与几个主要性状的相关性研究 1997(04)

18. 刘刚;戴良先;李达旭 不同饲用燕麦品种生产性能的综合评价[期刊论文]-草业与畜牧 2007(07)

19. 马得泉;田长叶 中国燕麦优异种质资源 1998(02)

20. 胡新中 燕麦食品加工及功能特性研究进展[期刊论文]-麦类作物学报 2005(05)

21. Fu Y B;Peterson G W;Williams D Patterns of AFLP vafiation in a core subset of cultivated

hexaploid oat germplasm[外文期刊] 2005(3)

22.Fu Y B;Chong J;Fetch T Microsatellite variation in germplasm accessions of the wild oat Arena sterilis 2007

23.Li C D;Rossnagel B G;Scoles G J Tracing the phylogeny of the hexaploid oat Avena sativa with satellite DNAs[外文期刊] 2000

24.Edyta P G Pedigree,RAPD and simplified AFLP-based sasessment of genetic relationships among Avena sativa L.cultivars[外文期刊] 2004(1)

25.杨海鹏;孙泽民 中国燕麦 1989

本文链接：http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201003005.aspx