

桃(*Prunus persica* (L.) Batsch.) 品种核心种质的构建与评价

李银霞¹ 安丽君¹ 姜全² 赵剑波² 李天红¹

(1. 中国农业大学 农学与生物技术学院, 北京 100094; 2. 北京市农林科学院 林业果树研究所, 北京 100093)

摘要 为构建桃品种核心种质,通过对 56 份桃(*Prunus persica* (L.) Batsch.) 初级核心种质的形态农艺性状数据(MOR)和 SSR 等位基因数据的分析,研究了不同聚类取样方法和完全随机取样方法下 9 种取样比例的遗传多样性指数、保留比例及各频率段等位基因的丢失比例。结果表明:聚类取样的方法优于完全随机取样,并在 80% 的取样比例下 MOR 结合 SSR 数据聚类取样的效果最好,利用此方案构建的桃品种核心种质共包括 45 份材料,该核心种质的基因遗传多样性指数最高,保留了初级核心种质 100% 的形态农艺性状和 96.6% 的 SSR 等位基因,在出现频率低于 0.05 的等位基因中共丢失了 2 个等位变异,保留了出现频率在 0.05~0.10 的所有等位基因;利用 6 个数量性状对所构建的核心种质的代表性检测表明所构建的核心种质很好地代表 558 份桃原始种质的遗传变异。

关键词 桃(*Prunus persica* (L.) Batsch.); 遗传多样性; 保留比例; 核心种质; 构建; 评价

中图分类号 S 602.4; S 662.1

文章编号 1007-4333(2007)05-0022-07

文献标识码 A

Establishment and evaluation of the core collection of peach (*Prunus persica* (L.) Batsch.) cultivars

Li Yinxia¹, An Lijun¹, Jiang Quan², Zhao Jianbo², Li Tianhong¹

(1. College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, Beijing 100094, China;

2. Institute of Pomology and Forestry, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing 100093, China)

Abstract This study was aimed at establishing a core collection based on the analysis of MOR and SSR alleles of the primary core collection data of peach cultivars. The index of genetic diversity, and frequency ratio of retention and loss of alleles were studied in cluster and random samples at 9 sampling ratios. The cluster sampling method preceded random sampling, and cluster sampling of MOR combined with SSR at the sampling ratio of 80% was the best sampling strategy across sampling methods. Based on this sampling strategy, 45 accessions were selected as the core collection of peach with the highest index of genetic diversity which retained 100% phenotypic characters and 96.6% alleles of primary core collection. Two alleles were lost at frequencies below 0.05 and all alleles were retained at frequencies between 0.05 and 1. The core collection developed was evaluated by using 6 quantitative traits and the data showed that it can satisfactorily represent the genetic diversity of the original collection of 558 peach accessions. The core collection of peach with a fair representation was established in this study based on pre-determined best sampling strategy.

Key words peach (*Prunus persica* (L.) Batsch.); genetic diversity; retaining ratio; core collection; establishment; evaluation

种质资源的收集具有广泛性和长期性,丰富的种质资源是培育高质量新品种的物质基础。中国是世界公认的桃遗传多样性中心和起源中心,经长期自然选择和人类驯化,已形成了众多的品种和类型^[1],但日益庞大的资源数量也给种质的保存、研

究及利用带来了很大的负担。20 世纪 80 年代,出现了核心种质学说^[2-3],即采用一定的方法选择整个种质资源的一部分,以最小的资源份数和遗传重复最大限度地代表该物种的遗传多样性。目前核心种质已经成为国际遗传资源研究的热点,并已在水

收稿日期: 2007-01-25

基金项目: 新世纪人才支持计划(NCET-06-0108);北京地区高等学校学科群建设项目(XK100190553)

作者简介: 李银霞,硕士研究生;李天红,教授,博士生导师,通讯作者,主要从事果树种质资源利用研究,E-mail: lth123430@sohu.com

稻等许多一年生作物上得到广泛应用^[4-8]。利用无性繁殖的木本植物的核心种质构建研究仅在苹果^[9]、果梅^[10]和柚类^[11]上有少量报道。由于桃为多年生木本植物, 树体大, 作为资源保存, 占地面积大、管理费用高, 所以有必要构建其核心种质, 以期有效地解决目前在桃的种质保护和利用中无效收集较多的问题, 并使一些优质基因能够得到很好的开发利用。

核心种质构建所用的数据包括多种类型, 其中形态农艺性状数据作为研究核心样品的指标, 有简便和研究费用低的优点, 但易受环境和基因显隐性的影响。DNA 分子标记数据能够直接反映出 DNA 序列水平上的变化, 具有多态性高、不受环境影响和基因表达与否的限制等特点, 成为检测植物种质遗传多样性、构建高质量核心种质的有效特征数据。已有的大量研究表明利用单一数据进行遗传多样性研究都有其局限性, 而在综合利用多种数据时由于数据之间的互补性使研究结果更具有可靠性, 能最大限度的代表物种的遗传多样性^[12-13]。SSR (simple sequence repeat) 即简单序列重复, 是广泛分布在真核生物基因组中由 1~6 个碱基对组成的重复序列, 具有多态性高、重复性好, 能够较好地反映物种的遗传结构和遗传多样性等优点, 而成为评价像桃这样遗传多样性相对较低物种的一种有效工具^[14]。笔者曾利用 18 个形态农艺性状对保存于国家种质资源圃(北京) 中的 558 份原始种质进行了初级核心种质构建的取样策略研究, 获得了 56 份初级核心样本^[15]。本研究旨在利用形态农艺性状数据 (morpho-agronomic traits, MOR) 和 SSR 等位基因数据对已构建的桃初级核心种质进行聚类压缩, 确定构建核心种质的最佳取样方案, 依此方案构建出桃核心种质并对其代表性进行评价。

1 材料与方法

以 56 份桃 (*Prunus persica* (L.) Batsch.) 品种初级核心种质^[15]作为试验材料, 其形态农艺性状数据来自《果树种质资源目录》^[16-17], 包括果形、果面绒毛、果肉与核粘离关系、果肉色泽、果肉质度、果实大小、果实底色、果实彩色、果实汁液、果实风味、花粉、成熟期、可溶性固形物、可溶性糖、可溶性酸、维生素 C、单果重、发育天数共 18 个质量性状和数量性状; 数量性状质量化时以 0.5 个标准差为间距分级。

SSR 数据为 22 对桃 SSR 引物分析 56 份材料的结果, 桃 SSR 反应体系参考文献 [18] 的方法, 引物参考 Testolin 等^[19]报道的序列。PCR 反应采用 PTC-100 PCR 仪 (MJ Research, Inc. USA)。反应程序: 95 5 min, 94 45 s, 48.2 45 s, 72 45 s, 72 8 min; 35 个循环。扩增产物用 8 g/100 mL 聚丙烯酰胺变性胶分离, 银染检测。PCR 相关试剂均购自北京天为时代公司。对所获得的谱带的模式进行数字化统计, 同一位置有带者记为 1, 无带者记为 0。

取样方法 4 种: 利用 56 份材料的形态农艺性状数据 (MOR) 聚类取样、利用 22 对 SSR 引物对 56 份材料的分析数据 (SSR) 聚类取样、利用 SSR 数据与形态数据的合并数据 (MOR + SSR) 聚类取样以及完全随机取样 (Random)。

总体取样比例设置为: 10%、20%、30%、40%、50%、60%、70%、80% 和 90%。

根据核心种质的概念, 综合前人研究^[20], 选择了遗传多样性指数 (index of genetic diversity, I) 包括表型遗传多样性指数和基因遗传多样性指数, 表型保留比例 (ratio of phenotype retained, RPR), 等位基因保留比例, 等位基因丢失频率及比例作为评价各取样方案的指标; 其中, 等位基因保留比例的计算同表型保留比例。等位基因丢失频率以 0.01、0.05 和 0.10 为标准划分成 3 类; 不同频率段的丢失比例 = 某群体中丢失的等位基因数 / 初级核心种质中等位基因数。

核心种质的有效性检验是通过比较原始种质和核心种质 6 个数量性状即可溶性固形物、可溶性糖、可溶性酸、维生素 C、单果重、发育天数的变异系数 (coefficient of variation, CV)、表型方差 (variance of phenotypic, VPV)、各性状的极差以及保留比例, 检验核心种质的代表性。其中, 数量性状保留比例计算公式为: 保留比例 = (核心种质某性状极差 / 原始种质某性状极差) × 100%, 极差 = 某性状最大值 - 某性状最小值。

备选核心种质库及各参数的计算在 Foxpro 系统下编程获得, 对各参数的分析在 SPSS 系统下进行。各参数的计算公式如下

$$I = \frac{-\sum_{i=1}^N p_{ij} \log p_{ij}}{N}, \quad RPR = \frac{M_i}{M_{i0}}$$

$$CV = \frac{\sum_i \frac{\sum_j (X_{ij} - \bar{X}_i)^2}{M_i - 1}}{N \bar{X}_i},$$

$$VPV = \frac{STD_i \left[\sum_j \frac{(X_{ij} - \bar{X}_i)^2}{M_i - 1} \right]}{N}$$

式中, P_{ij} 为第 i 个性状第 j 个表现型的频率; X_{ij} 为第 i 个性状第 j 个材料的表型值; \bar{X}_i 为第 i 个性状各表现型的平均值; M_{i0} 为原始库中第 i 个性状的表现型个数; M_i 为所得核心样品第 i 个性状的表现型个数; STD_i 为对第 i 个性状做标准化处理; N 为计算过程中所涉及的性状总数。

2 结果与分析

2.1 不同取样方案构建的备选核心种质遗传多样性分析

随机取样方法在各取样比例下表型多样性指数

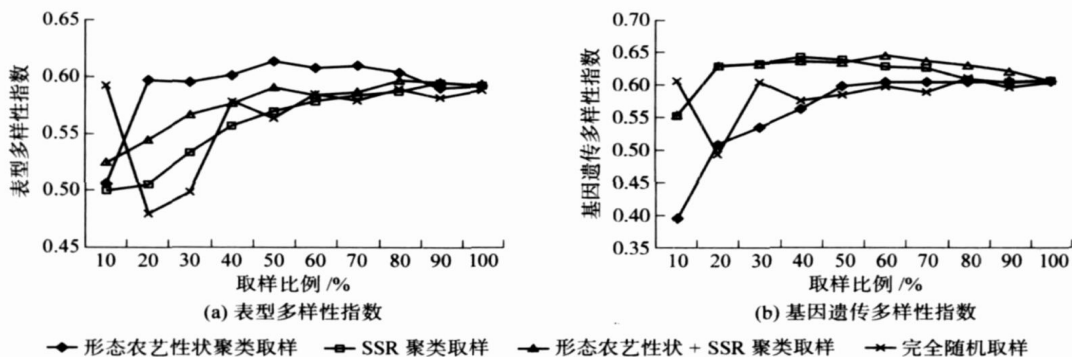


图1 不同取样方案对核心种质遗传多样性的影响

Fig. 1 Influence of different sampling strategies on genetic diversity of core collections

2.2 不同取样方案构建的备选核心种质保留比例分析

利用 18 个形态农艺性状中包括 65 个相对性状,分析 4 种取样方法下的各备选核心种质在不同取样比例下的表型保留比例表明,随着取样比例的增加,3 种聚类取样方法的表型保留比例均逐渐增大(图 2(a)),并以 MOR + SSR 聚类取样的表型保留比例最大,取样比例 50% 时已达到 100%;随机取样的表型保留比例虽呈上升趋势,但总体取样效果较差;SSR 聚类和 MOR 聚类取样效果居两者之间。

利用 22 对桃 SSR 引物对 56 份初级核心种质进行分析,共得到 116 个等位基因。当取样比例从

变化规律不明显(图 1(a)),其他 3 种聚类方法在较低取样比例下随着取样比例的增加表型多样性指数随之增加, > 50% 则表型多样性指数变化不明显。在相同取样比例下,3 种聚类方法中以 MOR 聚类取样的表型多样性指数最高,并在 50% 的取样比例下达到最大值;其次是 MOR + SSR 聚类,取样比例在 80% 时达到最大值;SSR 聚类取样的表型遗传多样性指数较小。

SSR 聚类和 MOR + SSR 聚类取样方法在低于 50% 的取样比例时其基因遗传多样性指数几乎相同(图 1(b)),高于 60% 则 SSR 聚类取样的基因遗传多样性指数下降;在 4 种取样方法中以 MOR + SSR 聚类取样的基因遗传多样性指数最高,并在 60% 取样比例下达到最高值, MOR 聚类取样的基因遗传多样性指数均低于其他 2 种聚类方法。随机取样方法构建的核心种质基因遗传多样性指数较低(除 10% 以外)。

10% 提高到 50% 时,各取样方法的等位基因保留比例明显增加,以 MOR + SSR 聚类取样的保留效果最好(图 2(b)),其次是 SSR 聚类取样, MOR 聚类取样效果最差。取样比例从 50% 提高到 90%,各取样方法的等位基因保留比例变化不明显,且保留效果相近;80% 取样比例下, MOR + SSR 聚类取样的等位基因保留比例达 96.6%。

2.3 不同取样方案构建的备选核心种质等位基因的丢失情况

在相同的取样比例下,各取样方法均以等位基因频率低于 0.01 的等位基因丢失比例最大, 0.01 ~ 0.05 的丢失比例较少, 0.05 ~ 0.10 丢失比例最小

(图 3)。在 10% ~ 60% 取样比例下, 随着取样比例的增加各取样方法中频率低于 0.01 的等位基因丢失比例明显下降; 在相同取样比例下以 MOR + SSR 取样等位基因丢失比例高(图 3(a))。

失比例明显下降; 在相同取样比例下以 MOR + SSR 取样等位基因丢失比例高(图 3(a))。

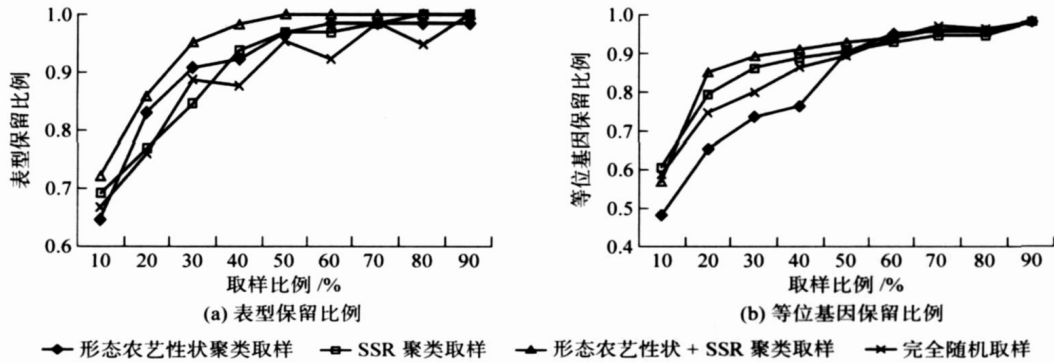
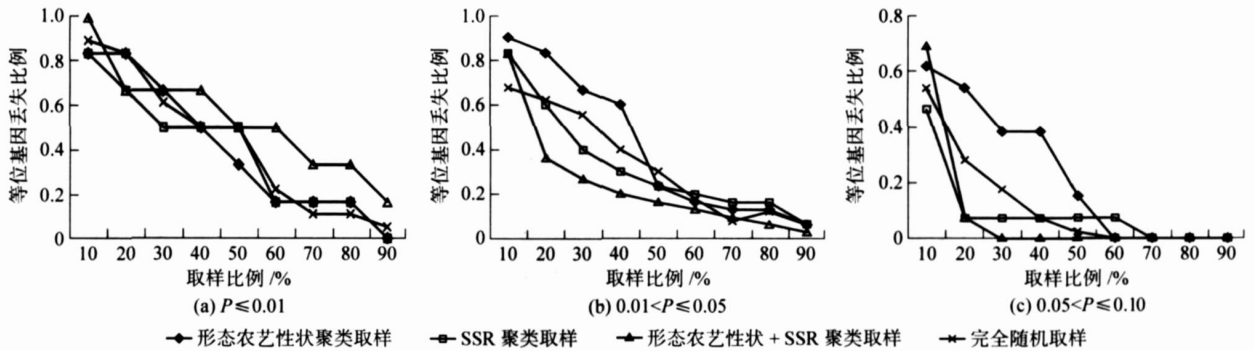


图 2 不同取样方案对核心种质保留比例的影响

Fig. 2 Influence of different sampling strategies on retained ratio of core collections



P: 丢失的等位基因在初级核心种质中出现的频率

图 3 不同取样方案下等位基因丢失情况分析

Fig. 3 Analysis of ratio of alleles lost in different sampling strategies

频率在 0.01 ~ 0.05 之间的等位基因随着取样比例的增加, 各取样方法丢失比例的下跌幅度更大, 说明增加取样比例对保留该部分等位基因效果更好(图 3(b))。在多数取样比例下, MOR + SSR 聚类取样丢失比例小于其他 3 种方法, 80% 时, MOR + SSR 取样的丢失比例已小于 0.1。

性状和等位基因保留的总体效果最好; 在 50% ~ 80% 取样比例下构建的核心种质, 其形态农艺性状和等位基因保留效果好, 不同频率段的等位基因的丢失比例低。考虑到本研究所利用的初级核心种质的数量, 最终确定核心种质的取样比例为 80%, 即从 56 份初级核心种质中提取 45 份材料作为桃的核心种质(表 1)。获得的核心种质中来源地为中国的种质 31 份, 占原始种质(558 份)的 5.6%, 其中原产中国的地方品种 20 份, 以硬肉桃、蜜桃和蟠桃为主, 主要分布于我国的新疆、甘肃、华北和云南昆明等地, 其中不少是著名的传统品种, 如深州水蜜、深州红蜜、五月鲜、肥城 17 号、青州白皮蜜桃和陈圃蟠桃等, 而天津水蜜是珍贵的红肉基因资源, 满城雪桃可以作为极晚熟品种资源加以利用; 另外还包括珍贵种质资源油蟠桃(又名李光蟠桃), 可作为选育油桃和蟠桃的亲本材料。引进品种 14 份, 占原始种质

频率在 0.05 ~ 0.10 之间的等位基因在取样比例为 10% 时, 各取样方法的丢失比例均小于 0.7(图 3(c))。随取样比例增加, SSR 和 MOR + SSR 取样的丢失比例下跌幅度最大, 在 20% 时等位基因丢失比例仅为 0.08。MOR + SSR 在 30% 的取样比例时保留了该频率段所有的等位基因。70% 取样比例时 4 种方法均保留了该频率段的所有等位基因。

2.4 桃品种核心种质的确立

通过对以上各种取样方案所构建的备选核心种质的综合分析, 以 MOR + SSR 聚类取样对形态农艺

2.5%,其中从日本引进的品种5份,包括生产中广泛栽培的砂子早生、初香美和志贺白桃等水蜜桃品种,它们多是培育鲜食优良品种的亲本材料,如砂子早生是优良的早熟桃种质,与早熟品种杂交有超亲现象,可以培育出成熟期更早的品种,如“春蕾”桃等;此外,兴津油桃在栽培和油桃育种应用较广,筑波6号是优良的抗线虫和耐涝砧木。从美国引进品种有7份,包括水蜜桃(NJ系列)和油桃(NJN系列)

各2份,黄桃(哈布丽特和金童6号)以及1份砧木品种(蓓蕾)。加拿大引进砧木品种2份,属于抗寒桃种质,可以增强嫁接品种树体抗寒力。该核心种质保留了初级核心种质全部农艺性状(图2(a))和96.6%的SSR等位基因(图2(b));在频率低于0.05的等位基因中共丢失了4个等位变异,保留了频率在0.05~0.10的所有等位基因(图3)。

表1 桃品种核心种质目录

Table 1 List of cultivars in core collection of peach

种质名称	来源地	品种类群及砧木	种质名称	来源地	品种类群及砧木
肥城17号	中国	蜜桃	五月鲜扁干	中国	蟠桃
满城蜜桃	中国	蜜桃	陈圃蟠桃	中国	蟠桃
石窝水蜜	中国	蜜桃	黄金蟠桃	中国	蟠桃
天津水蜜	中国	蜜桃	油蟠桃	中国	蟠桃
园春白	中国	蜜桃	晚熟大蟠桃	中国	蟠桃
深州红蜜	中国	蜜桃	扬州124蟠桃	中国	蟠桃
秋香蜜	中国	蜜桃	早霞露	中国	水蜜桃
深州水蜜	中国	蜜桃	团城早生	中国	水蜜桃
青州白皮蜜桃	中国	蜜桃	庆丰	中国	水蜜桃
白离核	中国	硬肉桃	源东白桃	中国	水蜜桃
张白5号	中国	硬肉桃	晚白蜜	中国	水蜜桃
二早桃	中国	硬肉桃	64-3-6	中国	水蜜桃
鸡嘴白	中国	硬肉桃	志贺白桃	引种	水蜜桃
割谷桃	中国	硬肉桃	初香美	引种	水蜜桃
五月鲜	中国	硬肉桃	砂子早生	引种	水蜜桃
扬州早甜桃	中国	硬肉桃	1-27	中国	黄肉桃
瑞光27	中国	油桃	哈布丽特	引种	黄肉桃
红李光	中国	油桃	金童6号	引种	黄肉桃
兴津油桃	引种	油桃	蓓蕾	引种	砧木
NJN 69	引种	油桃	哈露红	引种	砧木
NJN 72	引种	油桃	西伯利亚C	引种	砧木
NJ 250	引种	油桃	筑波6	引种	砧木
NJ 257	引种	油桃			

2.5 核心种质的评价

利用6个数量性状分析所构建的核心种质与原始种质^[15]的变异系数、表型方差和保留比例,以检验核心种质的遗传多样性和代表性(表2)。结果表明,核心种质除维生素C的变异系数略低于原始种质外,其他几个性状的变异系数和表型方差均高于

或等于原始种质,表明核心种质具有很好的异质性,在一定程度上剔除了遗传重复。不同数量性状的保留比例不同,单果重的保留比例最高为83.1%,其次为可溶性固形物、发育天数和可溶性酸,分别为83.0%、82.2%和76.5%,可溶性糖和维生素C的较低,但仍高于60%,说明所构建的核心种质尽管

有一些极值材料的丢失,但还是能够比较全面地覆盖原始种质的变异类型。综合这些研究,说明通过

以上方法所构建的核心种质能够很好地代表原始种质。

表 2 桃核心种质的评价

Table 2 Evaluation of core collection in peach

性 状	原始种质					核心种质					保留比 例/ %
	最大值	最小值	极差	变异系数	表型方差	最大值	最小值	极差	变异系数	表型方差	
发育天数/ d	192.0	57.0	135.0	23.2	649.4	173.0	62.0	111.0	26.6	883.5	82.2
单果重/ g	353.6	12.5	341.1	35.5	2 748.1	315.4	32.0	283.4	38.8	3 152.5	83.1
可溶固形物/ %	20.0	6.5	13.5	17.9	4.5	20.0	8.8	11.2	21.2	7.2	83.0
可溶性糖/ (μg/ 100 g)	18.4	4.2	14.2	20.0	2.9	14.0	5.4	8.6	24.7	5.2	60.6
可溶性酸 [*] / (mmol/ 100 g)	1.8	0.1	1.7	51.2	0.1	1.4	0.1	1.3	53.5	0.1	76.5
维生素 C/ (mg/ 100 g)	28.5	2.7	25.8	39.4	13.6	20.6	5.1	15.5	38.3	16.5	60.1

注: *以氢离子摩尔数计算。

3 讨 论

3.1 数据类型和取样方法对核心种质遗传多样性及保留比例的影响

种质资源材料的系统记录与评价是构建理想核心种质的基础^[2]。在用于核心种质研究的各种类型数据中,形态农艺性状数据作为研究核心样品的指标,在实际工作中便于观察和获取,是传统研究方法中主要利用的数据。但由于形态农艺性状易受自然环境和人为因素影响,而且能考察的形态特征性状的数量有限,从而在一定程度上影响所构建核心种质的质量^[12]。DNA 分子标记数据因能直接反映出 DNA 序列水平上的变化,受环境影响较小,多态性高,检验迅速,用来评价种质遗传多样性则更为直接、可靠^[9-11]。大量的研究表明综合运用形态、农艺、生化、分子标记等特征数据和材料起源、分类等基本数据所建立的核心种质才能真正地最大限度地代表该物种的遗传多样性^[13],因为不同的数据间可以提供互补的信息。

本研究利用 SSR 标记数据结合形态农艺学数据对桃初级核心种质进行聚类压缩,进而构建桃核心种质。综合分析不同聚类方法下所得核心种质的遗传多样性和保留比例的结果可以看出,单一地以形态农艺学数据或 SSR 数据聚类压缩对另一种数据的多样性及保留比例都有较大的影响(图 1-2),而 2 种数据的结合使用综合考虑了形态农艺性状和 SSR 等位基因信息,使得所构建的核心种质更具代表性,变异均度和丰度更高,遗传冗余度小(表 2),其中以 MOR + SSR 聚类取样下的遗传多样性指数

介于 SSR 单独聚类和 MOR 单独聚类之间,或接近于最优的单独聚类方法(图 1-2)。由于 SSR 聚类是从基因组水平上反映不同群体的变异丰度及均度,而 MOR 聚类直观地表现了种质表型上的差异程度及多样性,单独使用 SSR 聚类或 MOR 聚类均只能在某一特定条件下达到局部最优,都不能很好地全面分析桃资源的遗传多样性,而二者结合能够使该群体不同类型的遗传多样性信息得到互补,成为分组结果较为客观和理想的方法,所以在构建核心种质时利用尽可能多的各种特征数据是必要的。

3.2 构建桃核心种质的适宜取样比例

在低取样比例下,随着取样比例的增加各取样方法的保留比例明显提高且方法间差异较大;而在高取样比例下,随着取样比例的增加各取样方法的保留比例增加缓慢,且方法间在同一取样比例下的保留比例差异不大。可见,在低取样比例时,可以通过增加取样量而提高保留比例,而在较高取样比例下通过增加取样比例并不能有效地提高保留变异的数量。由于不同的群体其稀有等位基因的分布不同,对于一些生产上很有用的稀有等位基因或农艺性状,在增加取样比例仍难以保留的情况下,可以考虑采取人工定向取样加以保留。

本研究所构建的核心种质约为原始种质规模的 8%,极大地方便了对种质资源的收集、保护、评价和创新利用,更容易找到所需特性或特性组合的资源材料。考虑核心种质应当是满足当前和未来遗传研究与引种目标需要的重要资源,随着育种和引种工作的不断进步,应当在核心种质与保留种质之间保持材料上的动态交流与调整^[12],保持其动态性。

4 结 论

本试验研究基于对 56 份桃初级核心种质的形态农艺性状和 SSR 等位基因数据分析,通过比较不同取样方法和取样比例,选取最优取样方案用于构建桃品种核心种质,并对其代表性进行检测。结果表明,聚类取样的方法优于完全随机取样,并以在 80% 的取样比例下采用 MOR + SSR 聚类取样的效果最好;利用此方案最终构建的桃核心种质共包括 45 份材料,保留了初级核心种质 100% 的形态农艺性状和 96.6% 的 SSR 等位基因;有效性检测表明所构建的核心种质具有很好的异质性,能够最大限度的代表 558 份桃原始种质的遗传变异。

中国农业大学农学与生物技术学院李自超教授和张洪亮副教授在试验数据的整理和分析中给予了大力帮助,谨致谢意。

参 考 文 献

- [1] 汪祖华,庄恩及. 中国果树志·桃卷[M]. 北京:中国林业出版社,2001:9-51
- [2] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation[M] Arber W, Ilmensee K, Peacock W J, eds. Symposium on Genetic Manipulation: Impact on Man and Society. Cambridge: Cambridge University Press, 1984: 161-170
- [3] Brown A H D. Core collection: a practical approach to genetic resources management [J]. Genome, 1989, 31: 818-824
- [4] Juneja S, Aparna D, Joshi S V, et al. *Oryza nivara* (Sharma et Shastri) the progenitor of *O. sativa* (L.) subspecies indica harbours rich genetic diversity as measured by SSR markers[J]. Current Science, 2006, 91: 1079-1085
- [5] Ronfort J, Bataillon T, Santoni S, et al. Microsatellite diversity and broad scale geographic structure in a model legume: building a set of nested core collection for studying naturally occurring variation in *Medicago truncatula* [J]. BMC Plant Biology, 2006(6):28
- [6] Chandra S, Huaman Z, Hari Krishna S, et al. Optimal sampling strategy and core collection size of Andean tetraploid potato based on isozyme data-A simulation study [J]. Theoretical and Applied Genetics Theor Appl Genet, 2002, 104:1325-1334
- [7] Upadhyaya H D, Dwivedi S L, Gowda C L L, et al. Identification of diverse germplasm lines for agronomic traits in a chickpea (*Cicer arietinum* L.) core collection for use in crop improvement [J]. Field Crops Research, 2007, 100: 320-32
- [8] Amalraj V A, Balakrishnan R, Jebadhas A W, et al. Constituting a core collection of *Saccharum spontaneum* L. and comparison of three stratified random sampling procedures[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2006, 53: 1563-1572
- [9] Hokanson S C, Szewc-Mc Fadden A K, Lamboy W F, et al. Microsatellites (SSR) makers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a malus × domestic borkh. core subset collection [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1998, 97: 671-683
- [10] 高志红,章镇,韩振海,等. 中国果梅核心种质的构建与检测[J]. 中国农业科学, 2005, 38: 363-368
- [11] 刘勇,孙中海,刘德春,等. 利用分子标记技术选择柚类核心种质资源[J]. 果树学报, 2006, 23:339-345
- [12] 李自超,张洪亮,孙传清,等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望 [J]. 中国农业大学报, 1999, 4(5):51-62
- [13] Mackay M, Bothmer R von, Skovmand B. Conservation and utilization of plant genetic resources-future directions[J]. Czech Journal of Genetics and Plant Breeding, 2005, 41: 335-344
- [14] Arus P, Aranzana M J, Carbo J. SSR and AFLP markers for germplasm evaluation and cultivar identification in peach [J]. Acta Horticulture, 2003, 606: 35-40
- [15] 李银霞,高其洁,李天红. 基于果实相关性状的桃品种初级核心种质取样策略研究[J]. 果树学报, 2006, 23: 359-364
- [16] 中国农业科学院果树研究所. 果树种质资源目录(第1集)[M]. 北京:农业出版社,1993:56-89
- [17] 中国农业科学院果树研究所. 果树种质资源目录(第2集)[M]. 北京:农业出版社,1998:24-31
- [18] 李银霞,李天红. 桃 SSR 反应体系的优化[J]. 中国农业大学学报, 2005, 10(6): 57-61
- [19] Testolin R, Marrazzo T, Cipriani G, et al. Microsatellite DNA in peach (*Prunus persica* L. Batsch.) and its use in fingerprinting and testing the genetic origin of cultivars[J]. Genome, 2000, 43: 512-520
- [20] 张洪亮,李自超,曹永生,等. 表型水平上检验水稻核心种质的参数比较[J]. 作物学报, 2003, 29: 252-257