

谷子 DUS 测试标准品种指纹图谱的构建与应用

史慎奎^{1, 2, 3}, 祁东梅^{1, 2, 3}, 王春芳^{1, 2, 3}, 王玉芳^{1, 2, 3}, 蔡爽¹

(1. 河北民族师范学院 生物与食品科学学院, 河北 承德 067000; 2. 河北民族师范学院 国家民委植物学重点实验室, 河北 承德 067000; 3. 承德市清洁能源(双碳)产业研究院, 河北 承德 067000)

摘要: 谷子遗传资源多样性的研究对谷子基础研究与育种实践具有重要意义。选择高质量的 SSR 标记对 DUS (Distinctness-特异性、Uniformity-一致性和 Stability-稳定性) 测试标准品种进行遗传多样性分析, 不仅能够解析标准品种的遗传信息, 也有助于对新育成品种进行分子水平的遗传多样性分析。研究利用高质量的 20 个 SSR 标记对 30 份不同地理来源的谷子 DUS 测试标准品种进行遗传多样性分析, 并构建其指纹图谱; 同时, 利用该指纹图谱的 SSR 标记对 22 份春谷区和 30 份夏谷区区试品种进行遗传多样性分析, 旨在为谷子品种资源利用与遗传改良奠定理论基础。结果表明, 20 对 SSR 标记在 DUS 测试品种平均每对引物检出的等位变异数为 9.15 个, 20 个位点的平均多态性信息含量(PIC)为 0.77。利用上述 SSR 标记对来自春谷区与夏谷区的共计 52 份谷子区试品种进行分子鉴定, 春谷区的聚类分析结果显示, 22 份春谷区区试品种分为 3 个主要的类群; 而夏谷区的聚类分析结果显示, 30 份谷子夏谷区区试品种分为 4 个类群, 但难以区分春谷、夏谷区区试品种。研究结果厘清了谷子 DUS 测试标准品种和区试品种间的遗传相似性。

关键词: 谷子; 指纹图谱; 遗传多样性; DUS 测试; 区试品种

中图分类号: S515 **文献标识码:** A **文章编号:** 1002-2481(2024)01-0010-09

Construction and Application of Fingerprint Map for DUS Test Standard Varieties of Foxtail Millet

SHI Shenkui^{1, 2, 3}, QI Dongmei^{1, 2, 3}, WANG Chunfang^{1, 2, 3}, WANG Yufang^{1, 2, 3}, CAI Shuang¹

(1. College of Biology and Food Science, Hebei Normal University for Nationalities, Chengde 067000, China; 2. Key Laboratory of Botany, National Ethnic Affairs Commission, Hebei Normal University for Nationalities, Chengde 067000, China; 3. Industry Institute of Clean Energy (Carbon Emission Peak and Carbon Neutrality), Chengde 067000, China)

Abstract: The research on genetic resources diversity is of great significance for fundamental research and breeding practice in foxtail millet, and the screening of high quality SSR markers for the genetic diversity analysis of DUS (Distinctness, Uniformity, and Stability) test standard varieties could not only resolve the genetic information of standard varieties, but also help to analyze the genetic diversity of new lines at the molecular level. In this study, 20 SSR markers with high quality were applied to analyze the genetic diversity of 30 foxtail millet varieties from different geographic origins, the varieties had been already DUS test standard varieties and used to construct the fingerprint map. Simultaneously, using the SSR markers in the fingerprint map, the genetic diversity of 22 regional test varieties in the spring foxtail millet accessions and 30 regional test varieties in the summer foxtail millet accessions were analyzed, which would lay the theoretical basis for the germplasm utility and genetic improvement of foxtail millet. The results showed that 20 SSR markers showed average 9.15 alleles per primers in the DUS test standard varieties and the average polymorphism information content (PIC) of the 20 loci was 0.77. Using the above SSR markers, molecular identification was conducted on the total of 52 millet regional test varieties in the spring foxtail millet accessions and the summer foxtail millet accessions, the cluster analysis of the varieties in the spring foxtail millet accessions indicated that 22 varieties were divided into three groups and the cluster analysis of the varieties in the summer foxtail millet accessions indicated that 30 varieties were divided into four groups, but it was difficult to distinguish the varieties in the spring and summer accessions. The genetic similarity of the DUS test standard varieties and the regional test lines of foxtail millet was elucidated by the results in this study.

Key words: foxtail millet; fingerprint; genetic diversity; DUS test; regional test lines

收稿日期: 2023-09-04

基金项目: 承德高新区第三批汇智领创空间科技创新项目(HZLC2024009); 河北民族师范学院青年基金项目(QN201601); 承德清洁能源(双碳)产业研究院项目(202205B090)

作者简介: 史慎奎(1984-), 男, 河北衡水人, 副教授, 博士, 主要从事杂粮种质资源研究工作。

通信作者: 王春芳(1983-), 女, 河北承德人, 副教授, 博士, 主要从事杂粮分子生物学研究工作。

谷子是我国北方旱作农业区重要的特色作物之一,距今已有8 700 a的栽培历史。其具有优良的抗旱、节水特性,是旱地农业的稳产作物,也是应对未来干旱形势的战略储备作物^[1-2]。我国是谷子的起源中心,谷子种质资源的遗传多样性丰富^[3]。因此,利用分子标记技术构建指纹图谱,并研究谷子的遗传多样性,有助于谷子遗传基础的解析与种质资源的有效利用,对谷子的种质资源创新与遗传改良具有重要意义^[4-7]。

SSR(Simple sequence repeat)标记由于其在基因组间分布广泛,表现出共显性与重复性好、多态性高、扩增结果稳定、检测手段简便等优势,从而被广泛应用于作物品种资源的指纹图谱构建、遗传关系分析等研究^[8-9]。JIA等^[10]利用自主开发的15个EST-SSR标记对12份谷子进行遗传多样性分析,其中,4个标记表现出多态性,共检测到10个等位变异,由于EST-SSR标记的多态性丰富性较差,不适于作遗传多样性分析。贾小平等^[11]利用37个SSR标记在来自中国、印度和俄罗斯的共计40份谷子品种中共检测出228个等位变异,平均等位变异位点为6.16个,多态性信息含量(PIC)为0.697,

显示了SSR标记在分析谷子遗传变异方面的有效性。对于目前谷子DUS测试标准品种来说还未从分子标记水平上进行遗传多样性分析,也未筛选出一套用于标准品种和区试品种的较为高效应用性SSR标记。

本研究使用筛选到的20个高质量的SSR标记对30份谷子DUS测试标准品种进行指纹图谱的构建,同时对来自春谷区和夏谷区的52份区试品种进行遗传多样性分析,以期能够为区试材料的遗传相似性分析和后续参加DUS测试奠定基础,亦能够为谷子品种资源管理与利用、育种实践、品种审定及新品种保护等方面提供一定的科学依据与技术基础。

1 材料和方法

1.1 试验材料

本研究利用30份谷子DUS测试品种(表1)构建DNA指纹图谱,并利用该指纹图谱对22份春谷区试品种和30份夏谷区试品种进行遗传多样性检测(表2)。

表1 用于构建SSR指纹图谱的谷子DUS测试品种
Tab.1 Foxtail millet DUS test varieties for construction of SSR fingerprint map

编号 Number	名称 Name	地理来源 Geographic origin	编号 Number	名称 Name	地理来源 Geographic origin	编号 Number	名称 Name	地理来源 Geographic origin
1	梁谷	河北	11	桃花米	吉林	21	W59	-
2	张矮10	河北	12	红粉谷	-	22	猫蹄谷	-
3	豫谷八号	河南	13	延安大粒	陕西	23	兔蹄谷	-
4	红苗青	-	14	阴天旱	吉林	24	稷里莠	-
5	野谷5号	-	15	75原406	-	25	黑黏谷	河南
6	日本赤须	-	16	W56	-	26	冀谷5号	河北
7	金苗谷	河北	17	肯尼亚	肯尼亚	27	豫谷1号	河南
8	乌克兰	乌克兰	18	蜡烛台	山东	28	安矮17	河南
9	W67	-	19	矮88	河北	29	罗马尼亚5	罗马尼亚
10	红十里香	-	20	佛手水	-	30	蒙早1号	内蒙古

注:-指缺少相关信息。表2同。
Note: - meant no information. The same as Tab.2.

表2 不同来源区试材料
Tab.2 Regional test varieites from different accessions

编号 Number	区试 Regional test	品种 Name	选育组合名称 Combination name	选育省份 Province
1	春谷	200732-1	-	-
2	Spring millet	长1001	-	山西
3		龙11-7004	龙谷25×山西红谷子	黑龙江
4		山西K-34	-	山西
5		九200314-2	-	河北
6		承谷9号	-	河北

续表 2 不同来源区试材料
Tab.2(Continued) Regional test varieites from different accessions

编号 Number	区试 Regional test	品种 Name	选育组合名称 Combination name	选育省份 Province
7		黄旗谷	-	河北
8		甘肃 0410-4-2-1	-	甘肃
9		甘肃 029-3-2-1	-	甘肃
10		朝谷 58 号	-	辽宁
11		绿香谷	-	-
12		峰红谷	-	-
13		晋汾 97	晋谷 20 号×化 F3-17	山西
14		大同 34 号	73-50×早 1	山西
15		吉 2050	-	吉林
16		朝杂谷 1 号	-	辽宁
17		长农 35 号	晋汾 7 号×宁黄 1 号	山西
18		长农 40 号	黑枝谷×晋谷 21 号	山西
19		长农 43 号	-	山西
20		长农 44 号	-	山西
21		太选 14 号	晋谷 29 号×赤谷 8 号	山西
22		太选 16 号	-	山西
1	夏谷 Summer millet	冀谷 19	矮 88×青丰谷	河北
2		济 0601-6	冀谷 22×乌谷	山东
3		京谷 7505	-	北京
4		安 10-4172	冀谷 19×SK325	河南
5		安 09-8525	冀谷 19×(豫谷 9 号×安 2688)	河南
6		H332	冀谷 24×M32	河北
7		C258	冀谷 19×锦谷 14	河北
8		衡 200475	-	河北
9		保 769	201094×528	河北
10		M1508	(冀谷 14×冀谷 19)×m40	河北
11		航谷 8 号	-	北京
12		衡 0902	安 04-4783×K492	河北
13		沧 318	济 8787×水 2	河北
14		k1174	冀谷 24×冀谷 31	河北
15		2010222	目标性状基因库	河北
16		济 0506	济 8787×冀谷 25	山东
17		郑 07-1	60D1×郑 407	河南
18		安 07-4117	豫谷 1 号×冀谷 19	河南
19		沧 372	安 4004×谷丰 1 号	河北
20		保 200302	安 2367×9050	河北
21		保 213	冀谷 19×济 9050	河北
22		安 0F-4585	-	河南
23		冀谷 31	-	河北
24		46-②	-	-
25		48-②	-	-
26		航天乳谷	-	北京
27		沧 369	衡 8916×麦荏谷	河北
28		晋谷 28 号	-	山西
29		冀谷 25	-	河北
30		晋谷 46 号	-	山西

1.2 基因型检测

采用CTAB法提取谷子基因组DNA,使用紫外分光光度法测定DNA浓度,稀释至20 μg/L。PCR扩增反应在eppendorf公司PCR仪上进行,反应总体积为20 μL,包括DNA模板(20 ng/μL)2 μL,2×Es TaqMasterMix 10 μL,正反向引物各1 μL,

去离子水6 μL。扩增产物在6%变性聚丙烯酰胺凝胶以50 W恒功率电泳分离,用硝酸银法对凝胶进行染色、显影并拍照。

本研究选用20个SSR标记进行指纹图谱构建与遗传多样性检测,所有SSR标记分布在谷子的1~9号染色体上(表3)^[11]。

表3 本研究所用SSR标记引物信息
Tab.3 Information of SSR primers used in this study

SSR	染色体 Chromosome	引物序列(5'—3') Primer sequence(5'-3')	Tm/ ℃	片段大小/bp Fragment size
b165	1	F:GCTTTGGTTTGGTTTGGTTGG R:CCATTAGTCTCTGCCCTTGTT	57	273
p58	1	F:CCTGAGCTCATCCACACAAC R:CAGCCTGGAGGAAAGGAATAG	55	177
b169	2	F:CCAGCCCAAACCTGACCAAATC R:AGCAATCACACACACCAGG	57	108
p80	2	F:GCCGTTGGATTTGATTATGG R:TGTGGTTAGTTTATGTGGCTTG	55	202
MPGD44	3	F:TCGCACTTCCGAAAATGTT R:GCAAACCTGAATCGTGAGG	55	160
p61	3	F:CATCCGCGTCATCTGAATC R:ACCTGCTGCTATCCATCACC	56	200
b109	4	F:TGTAGAGTGGCTAGGACCAT R:GTTTCTTCCATCATGCCTTCTT	56	175
b247	4	F:GATTGCTCTCTCACACACACG R:GCCCAGTGGCTGCTAGT	55	116
b189	5	F:GCTGCACGGCTATGCTCT R:GTGGTCAATGATCGGAAACC	57	222
SI017	5	F:CCCAGTCACGACGTTGCCGTCGTGCTAGGATACGTT R:AAGGTTGGTAGTTGCCCTTG	60	298
b159	6	F:GCCAGTCCGAGATGGTTAAG R:AGCTCTAGCAGTTGGGGACA	57	185
b263	6	F:GCCGCAACCATTCTCAAA R:CGCGTTGTGCGATCCTCT	55	251
p32	6	F:TTCAGGGATACACGAGCATTAC R:CATCCATCCATGATCACCAG	55	192
b142	7	F:TGGTAAAACCTCCCATTATTGAGC R:GCCCCATCCTTGATAACAGA	57	232
b180	7	F:AGTCTCTCTTCCCTTCCGCC R:CCCTCTCACTGTTCTCTCGTC	59	286
b185	8	F:GCACGTGTGACTTTCACAT R:GTGAATGGCACACGAAACTG	55	167
b258	8	F:GGGCCAATAATGGTTGCATA R:TTGCACATCCAAATCTTTCC	55	267
b269	9	F:GTGCGTGCCCTCCCTTTA R:CCAGATGCTTCCACGGT	55	189
p20	9	F:GTGCCCGCTTAGCTTTAATC R:ATGCACGTGGGACCCATAC	57	216
SI119	9	F:GCTGAGAAAGTTTGTGGGC R:GAATTCTGAACCGAGCACATT	60	293

1.3 数据统计与分析

用Excel的形式,将清晰的条带转换成数字形式,形成“01”矩阵(要求:无扩增条带记为“0”,有扩

增条带记为“1”)^[12-13]。通过POPGENE V1.32^[14]和Powermarker^[15]软件来分析基因型数据,从而获得SSR标记位点的有效等位变异数(Ne)、香农-韦弗

(Shannon-Weaver) 指数(I)、观测核苷酸杂合度(Ho)、期望核苷酸杂合度(He)、Nei's 多样性指数以及等位变异数Na^[15]。通过NTSYS(Version 2.10e)软件来分析基因型数据,从而获得 30 份谷子 DUS 测试品种的指纹图谱以及区试品种间遗传关系的聚类图^[16]。

2 结果与分析

2.1 DUS 测试品种指纹图谱构建与遗传多样性分析

本研究使用的 20 个 SSR 标记覆盖谷子全基

因组的 9 条染色体,每条染色体的标记数量为 2~3 个。SSR 引物在谷子 DUS 测试品种中的扩增结果显示,全部引物在多数材料中均能实现稳定、清晰的扩增,例如,p80 和 b165 在 30 份谷子材料中仅有 1 份材料未能实现有效扩增,其余材料均能有效扩增(图 1),分别检测出等位位点 4 个和 6 个,所有 SSR 标记多态性信息含量(PIC)分别为 0.65 和 0.73,b185 的 PIC 值最低,为 0.47,共测出等位位点数 5 个,而 b247 共检测出等位位点数 15 个,PIC 值最高,为 0.91(表 4)。

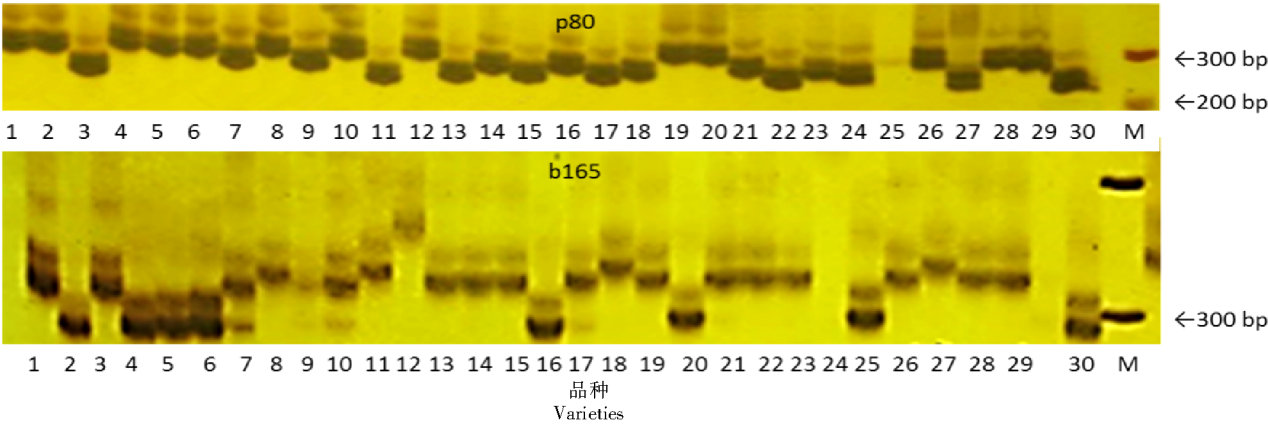


图 1 引物 p80、b165 在 DUS 测试品种的 PAGE 图
Fig.1 PAGE of the primers of p80, b165 on DUS test

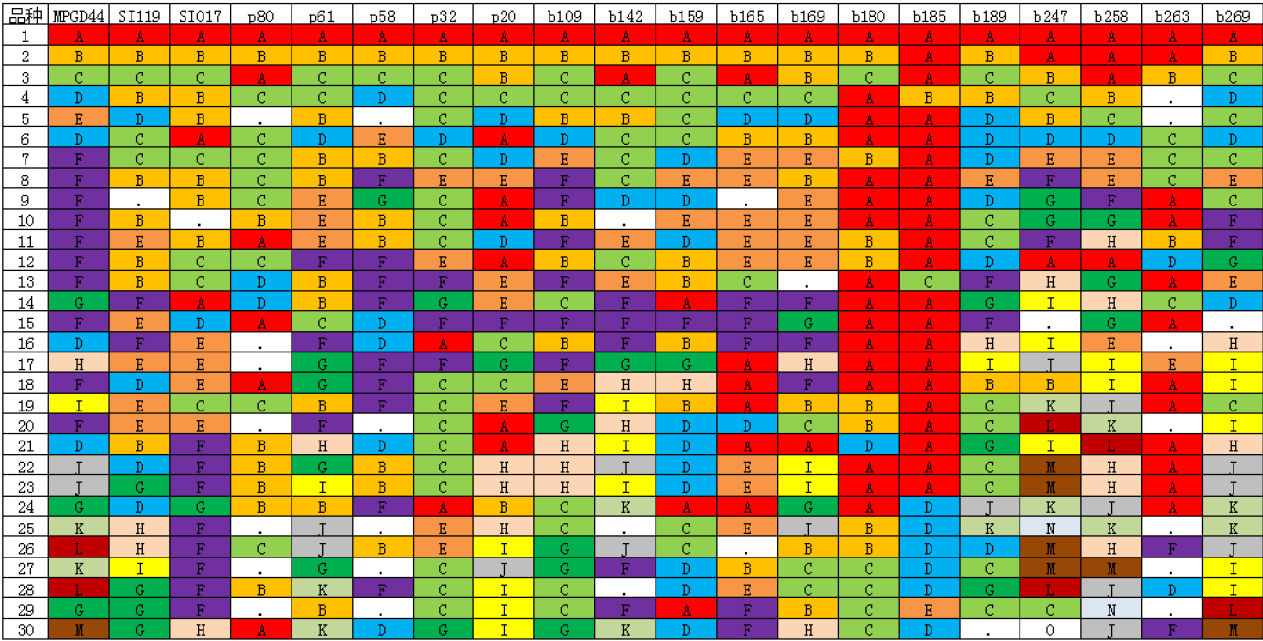
表 4 DUS 测试品种基因多样性分析结果
Tab.4 Genetic diversity analysis of DUS test varieties

SSR	Na	Ne	I	PIC	SSR	Na	Ne	I	PIC
MPGD44	14	6.8	2.28	0.84	b165	6	4.2	1.60	0.73
SI119	9	6.4	2.00	0.83	b169	10	7.2	2.12	0.85
SI017	8	6.0	1.90	0.81	b180	5	2.9	1.22	0.60
p80	4	3.4	1.28	0.65	b185	5	2.1	1.00	0.47
p61	11	6.8	2.14	0.84	b189	12	6.3	2.12	0.82
p58	7	3.8	1.53	0.69	b258	14	10.1	2.45	0.89
p32	7	3.3	1.51	0.67	b263	6	3.2	1.43	0.65
p20	10	7.9	2.17	0.86	b269	13	8.7	2.35	0.87
b109	8	5.8	1.87	0.80	b247	15	12.2	2.59	0.91
b142	11	8.3	2.25	0.87	Total	183	120.3	37.59	15.43
b159	8	5.0	1.77	0.77	St.Dev	9.15	6.0	1.88	0.77

注:Na 为平均等位基因数,Ne 为有效等位基因数,I 为 Shannon's 信息指数,PIC 为多态信息含量,St.Dev 为标准差。
Note: Na was the average number of alleles, Ne was the effective number of alleles, I was Shannon's information index, PIC was the polymorphic information content, and St.Dev was standard deviation.

每个标记检测出的等位变异数为 5~15 个,平均每个位点检测出的等位变异数为 9.15 个,每个位点获得有效等位变异数(Ne)为 2.1~12.2 个,香农-韦弗(Shannon-Weaver)指数(I)分布范围为 1.00~2.59,所有 SSR 标记多态性信息含量(PIC)为

0.47~0.91,平均值为 0.77(表 4)。
使用其中 20 对 SSR 标记即可对 30 份谷子 DUS 测试品种进行指纹图谱构建,结果表明,仅用前 16 个 SSR 标记即可将 30 份谷子品种进行区别鉴定(图 2)。



图片左侧为30份DUS测试品种序号,顶端为SSR标记名称;图中同列大写字母(不同颜色)表示该标记位点不同的等位基因
The numbers of 30 DUS test varieites were on the left in the figure. The names of SSR markers were at the top. The capital letters with different colors in the same colomn meant different alleles of the marker locus

图2 谷子DUS测试品种的DNA指纹图谱
Fig.2 DNA fingerprint map of DUS test varieties of foxtail millet

进一步对DUS测试品种进行遗传聚类分析,结果显示(图3),可以将30份品种分为两大类群,类群I包括梁谷等19份品种,类群II包括佛手水等11份品种;30份谷子DUS标准品种间遗传相似系

数(genetic similarity,GS)值变动于0.82~0.97,其中I组内遗传相似度最高的2个品种为W67与红十里香,II组内遗传相似程度最高的为2个农家品种猫蹄谷与兔蹄谷。

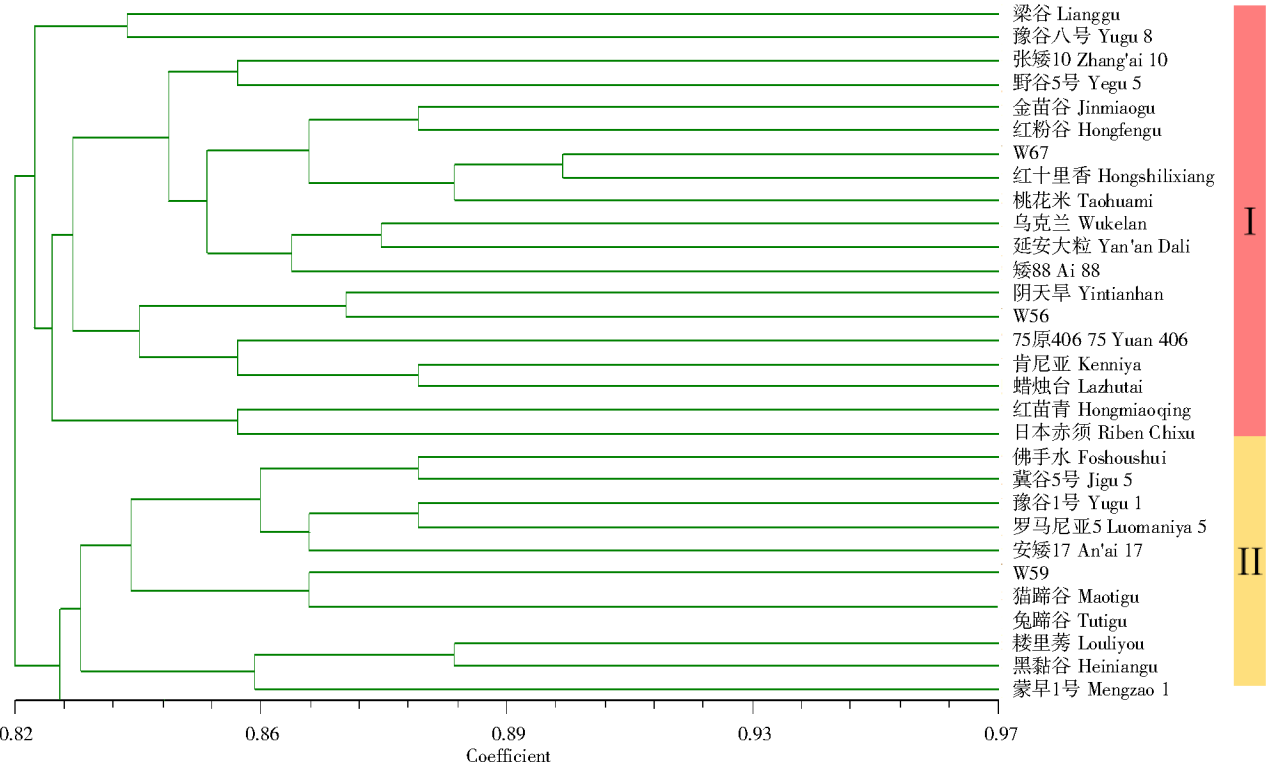
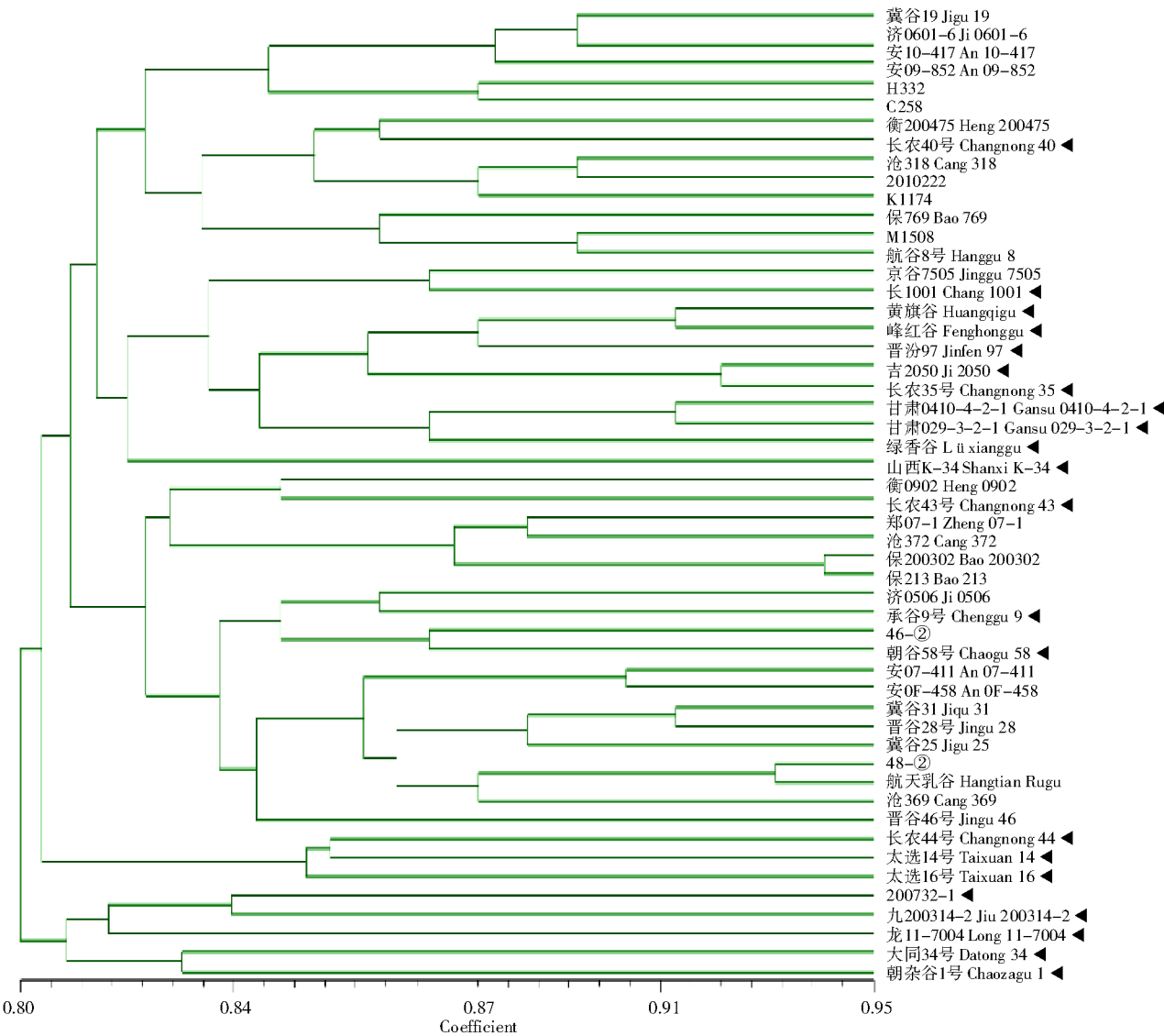


图3 基于20个SSR标记的谷子DUS测试品种聚类
Fig.3 Cluster of DUS test varieties of foxtail millet based on 20 SSR markers

2.2 指纹图谱的应用

利用上述构建 DUS 测试品种指纹图谱的分布在谷子不同染色体上的 20 个 SSR 标记,对春谷区试品种和夏谷区试品种进行遗传多样性分析。首先对

全部春谷区和夏谷区试品种 52 份材料进行整体聚类分析,未见其明显分为两大类,也暗示春谷区材料和夏谷区材料之间具有共同的遗传基础,可能与跨生态区域的种质资源交流较为频繁有关(图 4)。



图中三角指示的为春谷区谷子品种;其余为夏谷区谷子品种
The varieties in the spring foxtail millet accessions were indicated by the triangles; the rest were the varieties in the summer foxtail millet accessions

图 4 52 份谷子区试品种聚类
Fig.4 Cluster of 52 foxtail millet regional test varieties

进一步对 22 份春谷区试品种聚类,分为 3 个主要的类群,即 I、II 和 III(图 5-A),I 组包括 2 个品系 200732-1 与龙 11-7004,III 组包括长农 40 号、长农 43 号、长农 44 号、太选 14 号和太选 16 号等 5 个品种,均为来自山西的品系;II 组中包括 15 个品系,甘肃的 2 个品系遗传相似度最高,与农家品系绿香谷亲缘关系较近;2 个农家品系黄旗谷和峰红谷遗传相似度较高,与育成品种承谷 9 号遗传关系较近;来自东北的品系如吉 2050、朝谷 58、朝杂谷 1 号

等与来自山西的品系聚在一起。
夏谷区的聚类分析显示,30 份夏谷区试品种分为 4 个类群,即 I、II、III 和 IV(图 5-B),其中 I 组包括 7 个品系,II 组包括 4 个品系,III 组包括 5 个品系,IV 组包括 14 个品系。遗传相似度最高的为来自保定的 2 个品系保 200302 和保 213,其次是郑 07-1 与沧 372、晋谷 28 号与冀谷 25 和 M1508 和航谷 8 号相似度较高。

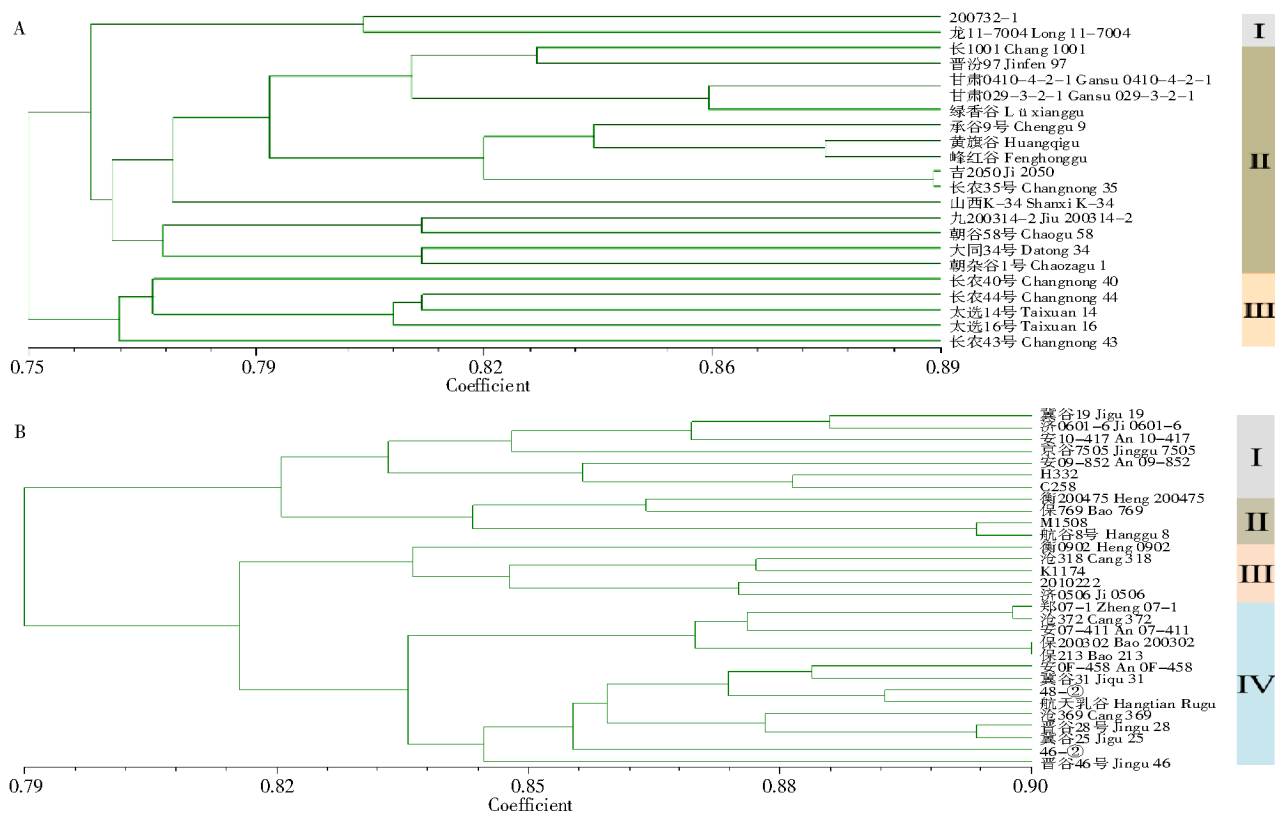


图5 22份春谷区 (A) 和30份夏谷区 (B) 谷子区试品种聚类结果
Fig.5 Cluster of 22 regional test varieties in the spring foxtail millet accessions (A) and 30 regional test varieties in the summer foxtail millet accessions (B)

3 结论与讨论

谷子育成品种的遗传多样性分析是发掘谷子遗传改良的基础^[2],对谷子DUS测试品种的遗传多样性分析有利于对其遗传基础的剖析^[13,17],也有助于DUS测试品种的应用。本研究选用20对分布于谷子9条染色体上的SSR引物对30份不同地理来源的谷子DUS测试品种进行分析,构建了谷子的指纹图谱。每个标记检测出的等位变异数为5~15个,平均每个位点检测出的等位变异数为9.15个,平均PIC为0.77。本研究结果略低于朱学海等^[18]报道的用21个SSR标记对120个谷子品种进行鉴定,其检测出的平均等位变异数为14.5个/位点,平均PIC值为0.809的结果,但高于贾小平等^[11]报道的用37个SSR标记检测40个谷子品种,其检测出的平均等位变异数为6.16个/位点,平均PIC值为0.697的结果;同时远高于JIA等^[10]用15个SSR标记对12个谷子品种进行鉴定,发现其平均等位变异数为2.5个/位点,也高于杨天育等^[4]报道的用60对引物检测来自我国北部高原生态区的20个谷子品种,其检测出的平均等位变异数为2.71个/位点。产生这一结果的原因之一可能是

DUS测试品种存在较大的地理来源差异,另外,也可能是由于使用的SSR标记具有丰富的遗传变异,造成在DUS测试品种的指纹图谱构建中发现的谷子遗传多样性较高^[19]。

基于20个SSR标记分析的春谷区与夏谷区区试品种的遗传相似性和聚类分析结果显示,春谷区22份区试品种聚成三大类,其中C组来自山西的品种聚在一起,说明该组品种的培育存在地域性,可能的原因是目前在育种过程中针对关键育种材料使用频率较高,尤其是对谷子种质资源中重点骨干亲本利用过于集中,造成在特定生态区域内新育成的谷子品种(品系)遗传背景较相似,遗传相似程度较高,遗传多样性降低^[2]。针对夏谷区30份区试品种的鉴定发现,不同地理来源的品种聚在一起,可能的原因是由于不同的育种单位之间存在的育种材料的交流与共享,说明在夏谷区的育种过程中对资源的利用程度与品种资源的交流比较频繁^[15]。因此,在利用SSR标记对谷子品种进行遗传多样性分析的同时,还需要更多方面的证据包括农艺性状方面的多态性鉴定,才能更清晰的了解所鉴定的谷子品种的遗传构成,也为谷子品种资源的利用提供支持^[16,19-20]。

目前,利用SSR指纹图谱对品种鉴定和分析的

方法已经在谷子常规品种中研究与应用较多^[13,21]。本研究首次将此方法用在谷子 DUS 测试品种与区试品系分子鉴定中,发现利用 16 个 SSR 标记可将 30 份谷子 DUS 测试品种成功区分开,表明利用 SSR 标记对谷子 DUS 测试品种进行品种鉴定与遗传多样性分析是一种有效手段^[22]。因而,本研究也为包括新育成品系在内的其他谷子分子指纹图谱的建立与品种的分子鉴定提供了借鉴。

本研究利用高质量的 20 个 SSR 标记对 DUS 测试品种进行指纹鉴定,平均每个标记检出的等位变异数为 9.15 个,20 个位点的平均多态性信息含量 (PIC) 为 0.77;同时,应用上述 SSR 标记对来自春谷区与夏谷区的共计 52 份谷子区试品种分别进行了分子鉴定,厘清了品系间的遗传相似性,为谷子品种资源利用与遗传改良奠定理论基础。

参考文献:

- [1] 刁现民. 中国谷子产业与产业技术体系[M]. 北京:中国农业科学技术出版社,2011:21.
- [2] DIAO X M. Millet industry and industrial technology system in China[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press,2011:21.
- [3] AUSTIN D F. Fox-tail millets (*Setaria*: Poaceae) -abandoned food in two hemispheres[J]. Economic Botany, 2006, 60 (2) : 143-158.
- [4] BARTON L,NEWSOME S D,CHEN F H,et al. Agricultural origins and the isotopic identity of domestication in Northern China[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2009,106(14):5523-5528.
- [5] 杨天育,牟平,孙万仓,等. 中国北部高原地区谷子品种遗传差异的 SSR 分析[J]. 西北植物学报,2010,30(9):1786-1791.
- [6] YANG T Y,MOU P,SUN W C,et al. Genetic variation of foxtail millet cultivars in north plateau region of China by SSR markers[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2010, 30 (9):1786-1791.
- [7] 田伯红. 谷子地方品种和育成品种的遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(2):224-228.
- [8] TIAN B H. Genetic diversity of Landrace and improved cultivars in foxtail millet[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2010,11(2):224-228.
- [9] 李志江,刁现民. 谷子分子标记与功能基因组研究进展[J]. 中国农业科技导报,2009,11(4):16-22.
- [10] LI Z J,DIAO X M. Research progress on molecular marker and functional genomic of foxtail millet, *Setaria italica* beauv[J]. Journal of Agricultural Science and Technology,2009,11(4):16-22.
- [11] JIA G Q,SHI S K,WANG C F,et al. Molecular diversity and population structure of Chinese green foxtail (*Setaria viridis* (L.) Beauv.) revealed by microsatellite analysis[J]. Journal of Experimental Botany,2013,64(12):3645-3656.
- [12] WANG C F,CHEN J F,ZHI H,et al. Population genetics of foxtail millet and its wild ancestor[J]. BMC Genetics,2010,11(1):90.
- [13] WANG C F,JIA G Q,ZHI H,et al. Genetic diversity and population structure of Chinese foxtail millet (*Setaria italica* (L.) Beauv.) landraces[J]. G3,2012,2(7):769-777.
- [14] JIA X P,SHI Y S,SONG Y C,et al. Development of EST-SSR in foxtail millet (*Setaria italica*) [J]. Genetic Resources and Crop Evolution,2007,54(2):233-236.
- [15] 贾小平,谭贤杰,李永祥,等. 用 SSR 标记研究谷子品种的遗传多样性[J]. 江西农业大学学报,2009,31(4):633-638.
- [16] JIA X P,TAN X J,LI Y X,et al. A study on the genetic diversity of foxtail millet cultivars by SSR markers[J]. Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis,2009,31(4):633-638.
- [17] JIA X P,ZHANG Z B,LIU Y H,et al. Development and genetic mapping of SSR markers in foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 118(4):821-829.
- [18] 朱建楚. 基于 PCR 标记的糜子遗传多样性分析[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2005.
- [19] ZHU J C. Genetic diversity analysis of broomcorn millet based on PCR markers[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2005.
- [20] YE H F C,YANG R C,BOYLE T,et al. POPGENE, version 1.32: the user friendly software for population genetic analysis[CP]. Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta,Edmonton,AB,Canada,1999.
- [21] LIU K J,MUSE S V. PowerMarker:an integrated analysis environment for genetic marker analysis[J]. Bioinformatics,2005, 21(9):2128-2129.
- [22] ROHLF F J. NTSYS-pc-numerical taxonomy and multivariate analysis system[CP]. Exeter Software,Setauket,New York. 2000.
- [23] 王姗姗,张宁,王凯玺,等. 中国辽西地区谷子品种遗传多样性的 SSR 分析[J]. 分子植物育种,2015,13(5):1091-1097.
- [24] WANG S S,ZHANG N,WANG K X,et al. Genetic diversity of foxtail millet cultivars in western Liaoning Province revealed by SSR markers[J]. Molecular Plant Breeding, 2015, 13 (5) : 1091-1097.
- [25] 朱学海,张艳红,宋燕春,等. 基于 SSR 标记的谷子遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(6):698-702.
- [26] ZHU X H,ZHANG Y H,SONG Y C,et al. Genetic diversity analysis of foxtail millet accessions revealed by SSR markers [J]. Journal of Plant Genetic Resources,2010,11(6):698-702.
- [27] LE THIERRY D'ENNEQUIN M,PANAUD O,TOUPANCE B,et al. Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild relative *S. viridis* using AFLP markers[J]. Theoretical and Applied Genetics,2000,100(7):1061-1066.
- [28] LI W,ZHI H,WANG Y F,et al. Assessment of genetic relationship of foxtail millet with its wild ancestor and close relatives by ISSR markers[J]. Journal of Integrative Agriculture, 2012,11(4):556-566.
- [29] 于淑婷,杨延兵,陈二影,等. 华北夏谷区近 30 年来主要谷子育成品种农艺和品质性状演变分析[J]. 山东农业科学,2017, 49(2):15-19.
- [30] YU S T,YANG Y B,CHEN E Y,et al. Evolution of agronomic and quality traits of main foxtail millet varieties in North China bred in past thirty years[J]. Shandong Agricultural Sciences,2017,49(2):15-19.
- [31] 董玉琛,曹永生. 粮食作物种质资源的品质特性及其利用[J]. 中国农业科学,2003,36(1):111-114.
- [32] DONG Y C,CAO Y S. Quality characteristics of germplasm resources of food crops and their utilization[J]. Scientia Agricultura Sinica,2003,36(1):111-114.