

中国地方胡萝卜品种资源的核心样品构建

庄飞云 赵志伟 李锡香 胡 鸿 方智远

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘 要: 以 340份我国地方胡萝卜品种为材料, 通过对 4个数量性状和 9个质量性状的评价进行聚类分组, 设定适宜的阈值, 以靠近阈值最近的材料作为候选样品, 分别按 10%、15%和 20%比例初步构建了胡萝卜 3个核心种质。对 3个核心样品 13个性状基本参数与总体资源比较的结果表明, 3个核心样品的-胡萝卜素、干物质及维生素 C的含量平均值均与总体资源存在显著差异, 但核心样品的 4个数量性状与总体资源符合度(表型保留比例)比较好。核心样品 9个质量性状表现型频率与总体无显著差异, 符合度均达到了 100%。随着取样比例的减少, 核心样品的地域分布迅速减少, 10%核心样品的分布省市数比总体资源减少了 8个, 资源主要来源省市所占比例由原来的 50%降到了 35%。因此, 建议以 15%~20%作为构建小规模胡萝卜资源核心样品的适宜比例。

关键词: 胡萝卜; 资源; 地方品种; 核心样品

中图分类号: S 631.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2006) 01-0046-06

A Core Collection of Chinese Traditional Carrot Germplasm

Zhuang Feiyun, Zhao Zhivei, Li Xixiang, Hu Hong, and Fang Zhiyuan

(Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: In order to establish a core collection of Chinese traditional carrot germplasm, a total of 340 accessions was evaluated for 4 quantitative and 9 qualitative traits and the data were submitted for cluster analyses. Under the suitable threshold value, the accessions that were closer to the value were selected as candidates to form core collection. Three sampling proportions of 10%, 15% and 20% were used to establish core collection. 13 traits were compared between 3 core collections and entire collection in order to test the validity of primary core collections. The results showed that the means of β -carotene content, dry matter content and vitamin C content were significant between the primary core collections and the entire collection, while the ratios of phenotype retained of 4 quantitative traits were high. Variances of phenotype frequency of 9 qualitative traits were not significant between the primary core collections and the entire collection while the ratios of phenotype retained were 100%. With sampling proportion reduced, the number of regions that core collection distributed decreased. 8 regions were reduced and germplasm proportion from the main regions was reduced from 50% to 35% between 10% core collection and the entire. 15% - 20% could be regarded as the optimal proportion for establishing Chinese traditional carrot germplasm core collection.

Key words: Carrot; Germplasm; Landlord species; Core collection

蔬菜种质资源的保存与其有效利用同等重要。目前在我国国家蔬菜种质资源中期库中收集保存的样品总数近 29 300份, 分为 12大类 88种。大规模的资源收集已经为其更新保存及有效地选择利用带来了困难^[1]。Frankel首先提出了“核心样品 (core collection)”的概念, 是以最少数量的种质材料代表一个作物种及其野生近缘种总收集品的遗传多样性^[2], 并和 Brown提出依据收集品的来源及特性等信息来选择核心样品^[1,3]。国外已在花生、秋葵、大麦、硬粒小麦、大豆、野生稻及辣椒等多种植

收稿日期: 2005 - 04 - 04; 修回日期: 2005 - 08 - 04

基金项目: 国家‘863’计划延续项目 (2004AA241120); 国家‘十五’攻关项目 (2004BA525B08); 农业部植物新品种 DUS测试指南研制项目; 农业部蔬菜遗传与生理重点开放实验室项目; 中国博士后科学基金资助项目

物上进行了广泛实践^[1,3~7]。我国从 1994年开始对水稻、棉花、芝麻、大豆等作物进行核心样品的研究,但对种类繁多的蔬菜种质资源的核心样品研究较少。

胡萝卜 (*Daucus carota* L.) 是全球性蔬菜作物之一,据 2004年 FAO统计,全世界胡萝卜的栽培总面积已达 107.7万 hm^2 ,其中我国栽培面积占 42%。胡萝卜主要起源于西南亚和地中海地区,美国、英国、法国、德国及荷兰等已对其栽培种和近缘野生种进行了广泛收集。胡萝卜在我国分布较为广泛(表 1),目前已收集编目的地方品种有 389份^[8,9],在甘肃、黑龙江等地区还发现半野生资源。本试验中用已编目的我国胡萝卜地方品种为材料,通过对重要农艺性状的观察和生化指标的测定,研究我国胡萝卜资源的多样性,并探讨胡萝卜资源核心样品的构建方法和规模,为其它蔬菜种质资源的核心样品研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

试材为《中国蔬菜品种资源目录》(第一、二册)中编目的胡萝卜资源 406份,其中 389份来源于我国 29个省(市、区),河南、湖北、陕西、贵州和山东收集的材料居多,占到 50%,另 17份从日本、韩国、俄罗斯等 9个国家引入^[8,9],所有材料种子保存于我国国家蔬菜种质资源中期库中(表 1)。

表 1 我国胡萝卜地方品种资源收集数量分布状况

Table 1 The status of Chinese traditional carrot gemplasm distribution

省(市、区) Province	数量 Number	省(市、区) Province	数量 Number	省(市、区) Province	数量 Number	省(市、区) Province	数量 Number
北京 Beijing	2	上海 Shanghai	5	湖北 Hubei	46	甘肃 Gansu	10
天津 Tianjin	6	江苏 Jiangsu	9	湖南 Hunan	12	青海 Qinghai	2
河北 Hebei	11	浙江 Zhejiang	3	广东 Guangdong	5	宁夏 Ningxia	7
山西 Shanxi	23	安徽 Anhui	7	重庆 Chongqing	9	新疆 Xinjiang	15
内蒙古 Neimenggu	16	福建 Fujian	3	四川 Sichuan	19	台湾 Taiwan	2
辽宁 Liaoning	13	江西 Jiangxi	6	贵州 Guizhou	31	国外 Foreign	17
吉林 Jilin	4	山东 Shandong	30	云南 Yunnan	2		
黑龙江 Heilongjiang	1	河南 Henan	60	陕西 Shaanxi	30		

1.2 方法

1.2.1 田间试验及性状观察 1998~1999年,根据材料收集来源的重复性,预选出 340份资源分别在山东、北京两地试验点进行鉴定。

结合育种目标要求,对 9个重要质量性状和 4个数量性状进行遗传变异的评价。质量性状包括叶丛、叶片颜色、叶片茸毛、叶柄颜色、叶柄茸毛、肉质根表皮颜色、根长、根形和根茎。数量性状包括 -胡萝卜素含量、总糖含量、干物质含量和维生素 C含量。

1.2.2 数据分析 参照 UPOV的胡萝卜性状分级标准,首先对非数值型农艺性状进行数字化处理(表 2)。

表 2 胡萝卜 9个质量性状的赋值

Table 2 Coden designed for nine qualitative traits in carrot

性状 Trait	赋值 Coden of qualitative traits
叶丛 Attitude of leaf	直立型 = 1,半直立型 = 2,匍匐型 = 3 Erect = 1, Semi-erect = 2, Horizontal = 3
叶片颜色 Leaf color	淡绿色 = 1,绿色 = 2,深绿色 = 3,紫绿色 = 4 Light green = 1, Green = 2, Dark green = 3, Purple green = 4
叶片茸毛 Leaf pubescence	无或极少 = 1,少量 = 2,中等 = 3,多毛 = 4 Absent or very small = 1, Small = 2, Medium = 3, Large = 4
叶柄颜色 Petiole color	绿色 = 1,紫绿色 = 2,淡紫色 = 3,深紫色 = 4 Green = 1, Purple green = 2, Light purple = 3, Dark purple = 4
叶柄茸毛 Petiole pubescence	无或极少 = 1,少量 = 2,中等 = 3,多毛 = 4 Absent or very small = 1, Small = 2, Medium = 3, Large = 4
根表皮颜色 External color of root	黄色 = 2,桔黄色 = 3,橙红色 = 4,红色 = 5,紫红色 = 6,紫色 = 7 Yellow = 2, Orange = 3, Salmon pink = 4, Red = 5, Mauve = 6, Purple = 7
根长 Root length	短 = 1,中 = 2,长 = 3 Short = 1, Medium = 2, Long = 3
根形 Root shape	锥形 = 1,圆锥形 = 2,圆柱形 = 3,蜡烛形 = 4 Tapering = 1, Obtriangular = 2, Oblong = 3, Narrow oblong = 4
根茎 Root stem	有雁脖 = 1,无雁脖 = 2 With gooseneck = 1, Without gooseneck = 2

-胡萝卜素含量、总糖含量、干物质含量和维生素 C 含量为连续性变异, 分别计算总体平均数 (\bar{X}) 和标准差 () 生化指标直接用作数据分析。将材料分为 10 组, 从第 1 组 [$X_i < (\bar{X} - 2)$] 到第 10 组 [$X_i > (\bar{X} + 2)$], 每 0.5 标准差为 1 组 (表 3)。

采用 NTSYSpc 2.10e 软件包对 340 份胡萝卜材料数据进行聚类分析, 通过设定适宜的阈值进行分组, 每组以靠近阈值最近的份材料构成核心样品。由于胡萝卜资源属于中小规模的种类, 因此本文分别以 10%、15% 和 20% 取样, 通过比较各个比例核心样品的遗传多样性、各性状的变异以及地域分布等指标来确定最佳选取百分率。质量性状和数量性状计算其频率变化, 采用卡平方检验其显著性。数量性状的平均值采用 *t* 测验, 并比较各抽取样品的最大、最小值、变幅及符合度 (表型保留比例) 等。数量性状和质量性状符合度 = (核心种质某一性状级别数 / 总体该性状级别数) $\times 100\%$ 。

表 3 数量性状划分等级标准
Table 3 Grouping criterion of quantitative characters

等级 Group	-胡萝卜素含量 -carotene content(mg/kg)	总糖含量 Total sugar content(%)	干物质含量 Dry matter content(%)	维生素 C 含量 Vitamin C content(mg/kg)
1	X < 10.0	X < 3.56	X < 11.42	X < 87
2	10.0 X < 20.0	3.56 X < 4.22	11.42 X < 12.24	87 X < 144
3	20.0 X < 30.0	4.22 X < 4.88	12.24 X < 13.06	144 X < 201
4	30.0 X < 40.0	4.88 X < 5.54	13.06 X < 13.88	201 X < 258
5	40.0 X < 50.0	5.54 X < 6.20	13.88 X < 14.70	258 X < 315
6	50.0 X < 60.0	6.20 X < 6.86	14.70 X < 15.52	315 X < 372
7	60.0 X < 70.0	6.86 X < 7.52	15.52 X < 16.34	372 X < 429
8	70.0 X < 80.0	7.52 X < 8.18	16.34 X < 17.16	429 X < 486
9	80.0 X < 90.0	8.18 X < 8.84	17.16 X < 17.88	486 X < 543
10	X 90.0	X 8.84	X 17.88	X 543

2 结果与分析

2.1 不同比例取样的代表性分析

2.1.1 数量性状代表性分析 从表 4 可看出, 总体样品的 -胡萝卜素含量和维生素 C 含量的变异系数较大, 分别为 0.95 和 0.68, 这表明总体资源存在较大变异。除总糖含量外, 不同比例初选核心样品的 -胡萝卜素含量、干物质含量及维生素 C 含量的 3 个特征值与总体样品存在较大差异, 随着取样比例的减小, 平均数、标准差及变异系数逐渐增大。通过 *t* 测验 (表 5), 20%、15% 和 10% 核心样品的 -胡萝卜素含量、干物质含量及维生素 C 含量的 3 个特征值与总体样品均达到极显著或显著性差异, 只有总糖含量的特征值与总体样品不存在差异。

表 4 核心样品与总体资源的数量性状特征值比较

Table 4 Comparison of quantitative characters between core collections and entire collection

性状 Traits	平均数 Mean				标准差 SD				变异系数 CV (%)			
	总体样品 Entire collection	20%样品 20% collection	15%样品 15% collection	10%样品 10% collection	总体样品 Entire collection	20%样品 20% collection	15%样品 15% collection	10%样品 10% collection	总体样品 Entire collection	20%样品 20% collection	15%样品 15% collection	10%样品 10% collection
-胡萝卜素含量 -carotene content(mg/kg)	26.5	35.6	36.9	40.6	25.1	35.6	38.1	43.8	0.95	1.00	1.03	1.08
总糖含量 Total sugar content(%)	6.6	6.5	6.5	6.5	0.8	1.0	1.0	1.1	0.12	0.15	0.15	0.17
干物质含量 Dry matter content(%)	13.4	13.9	14.0	14.1	1.4	1.8	1.9	2.1	0.10	0.13	0.14	0.15
维生素 C 含量 Vitamin C content(mg/kg)	192	233	245	264	130	149	152	162	6.80	6.50	6.20	6.10

从 4 个数量性状频率分布来看 (图 1), 总糖含量的频率分布呈现为正态分布, 而其它 3 个数量性状的分布均表现为非正态分布。不同取样比例的核心样品分布与总体分布趋势基本一致。对不同比

例核心样品与总体的 4 个数量性状频率分布进行 χ^2 测验，结果表明总糖含量、干物质含量及维生素 C 含量的频率分布差异不显著， β -胡萝卜素含量频率分布呈现显著差异，其中 15% 和 10% 核心样品与总体分布呈现极显著差异（表 5）。

表 5 不同取样比例核心样品与总体资源各数量性状的平均值 t 测验及其频率分布 χ^2 测验

Table 5 The t -test of means and the χ^2 test of frequency distribution of quantitative characters between core collections and entire collection

性状 Traits	各数量性状的平均值 t 测验 The t -test of means			各数量性状的频率分布 χ^2 测验 The χ^2 test of frequency distribution		
	20% 样品 20% collection	15% 样品 15% collection	10% 样品 10% collection	20% 样品 20% collection	15% 样品 15% collection	10% 样品 10% collection
	-胡萝卜素含量 β -carotene content(mg/kg)	2.990**	2.959**	3.276**	17.5014*	22.7505**
总糖含量 Total sugar content(%)	-0.574	-0.778	-0.540	11.0997	10.8837	3.5341
干物质含量 Dry matter content(%)	2.945**	3.061**	2.905**	10.8415	12.7029	11.1421
维生素 C 含量 Vitamin C content (mg/kg)	26.01*	29.11**	32.29**	129.678	138.509	108.520

*表示在 5% 水平上差异显著；**表示在 1% 水平上差异显著。

*, ** significant at 5%, 1% probability levels, respectively.

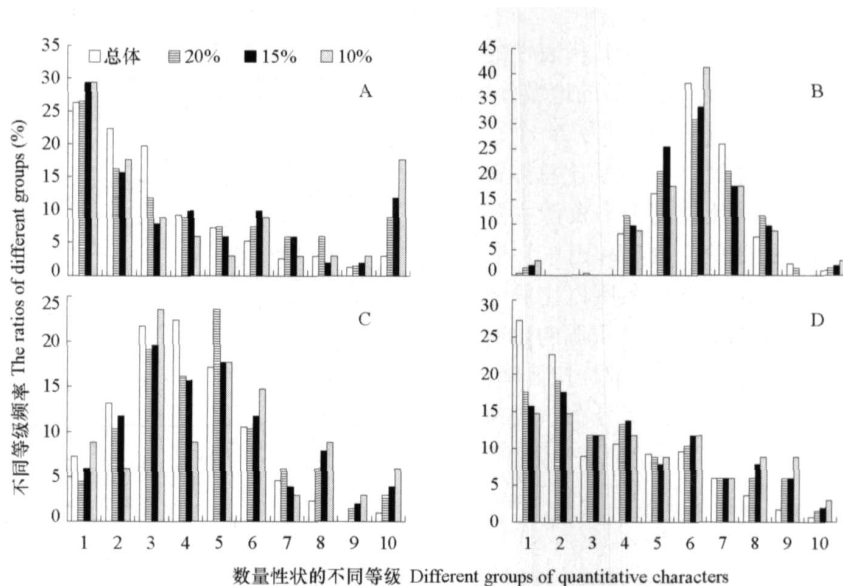


图 1 核心样品与总体资源数量性状各等级频率分布

A. β -胡萝卜素含量；B. 总糖含量；C. 干物质含量；D. 维生素 C 含量。

Fig 1 Distribution of quantitative characters between core collections and entire collection

A. β -carotene content; B. Total sugar content; C. Dry matter content; D. Vitamin C content

不同比例核心样品的 4 个数量性状与总体资源符合度比较好。从 β -胡萝卜素含量、总糖含量、干物质含量及维生素 C 含量的不同等级含有的材料看（图 1），除总糖含量的 3 和 9 级外，其它不同比例核心样品的等级均选取了总体相应等级的材料。从不同比例核心样品与总体资源的 4 个数量性状的极值看，20%、15% 和 10% 核心样品的最大值覆盖了总体资源的最大值，20% 核心样品的最小值与总体资源的最小值一致（表 6），而 15% 和 10% 核心样品的 β -胡萝卜素含量及维生素 C 含量与总体资源有差异，但其差值和数量差异不显著，分别是 β -胡萝卜素含量差值 0.1 mg/kg，材料数 6 个；维生素 C 含量的差值 10 mg/kg，材料数 5 个。

2.1.2 质量性状代表性分析 比较不同比例核心样品的叶丛、叶片颜色等 9 个质量性状不同表现型频率，结果表明 3 种核心样品与总体资源的基本一致。不同比例核心样品与总体资源的符合度均达到 100%，9 个质量性状的频率分布进行 χ^2 测验均不显著（表 7）。

表 6 核心样品与总体资源的 4 个数量性状最大值和最小值材料分布情况

Table 6 The distribution of the maximum and the minimum material of quantitative characters between core collections and entire collection

性状 Traits	总体 Entire	20%			15%			10%		
		样品 Collection	极差 Range	M N	样品 Collection	极差 Range	M N	样品 Collection	极差 Range	M N
-胡萝卜素含量 -carotene content(mg/kg)	182.0~0	182.0~0	0	0 0	182.0~0.1	0.0~0.1	0 6	182.0~0.1	0~0.1	0 6
总糖含量 Total sugar content(%)	9.0~3.0	9.0~3.0	0	0 0	9.0~3.0	0	0 0	9.0~3.0	0	0 0
干物质含量 Dry matter content(%)	19.0~11.0	19.0~11.0	0	0 0	19.0~11.0	0	0 0	19.0~11.0	0	0 0
维生素 C 含量 Vitamin C content (mg/kg)	600~30	600~30	0	0 0	600~40	0~10	0 5	600~40	0~10	0 5

注: M 为总体资源中大于核心样品最大值的材料份数, N 为总体资源中小于核心样品最小值的材料份数。

Notes: M is the number of materials which are larger than maximum material in core collection; N is the number of materials which are smaller than minimum material in core collection.

2.2 地域分布分析

核心样品的地域分布也是衡量其代表性的一个重要指标。比较不同比例核心样品的地域分布, 20%和 15%的核心样品分布省市均为 24 个, 而 10%核心样品分布省市为 21 个, 分别比总体资源的省市分布少 5 和 8 个。比较胡萝卜资源主要来源省市(河南、湖北、陕西、贵州和山东)所占比例, 20%、15%和 10%核心样品所占比例分别是 46%、41%和 35%, 分别比总体资源的比例减少 8%、18%和 30%。这表明随着取样比例降低, 难以兼顾地域分布和资源地区比例分布这两项指标。

3 讨论

核心样品的构建原则是以最少的遗传资源份数代表该物种最大的遗传多样性^[2], 但不同数量的不同物种构建方法差异也较大。对于数量较多的物种, 首先采用分组和组内比例取样构建初级核心样品, 再结合现代生物技术手段, 通过聚类方法进一步压缩, 建立核心种质。为了更有效的利用种质资源, 一些学者甚至提出建立微型核心子集(mini core subset)^[10]。而中小规模的物种可直接根据资源材料的表型特征值或同工酶及分子标记获得的指纹图谱进行聚类分析, 在不同聚群中选取样品构建核心种质, 目前已成为一种较为有效的方法^[7, 11, 12]。但不同学者在聚群取样策略上有所不同^[10, 11]。本文采用设定适宜的阈值进行聚群分组, 每组以靠近阈值最近的材料作为核心样品的候选材料, 这就同时兼顾了总体样本的代表性和特色性^[1, 4, 10]。通过对 4 个数量性状的均值、变异系数、极值、符合度和 9 个质量性状的表现型频率变化、符合度的检验, 结果表明核心样品的 -胡萝卜素含量、干物质含量及维生素 C 含量的均值与总体资源存在显著差异, 其中 -胡萝卜素含量、总糖含量和干物质含量的变异度也有提高。其原因主要是由于胡萝卜总体资源相似材料较多^[8, 9], 但不同材料之间的 -胡萝卜素含量、干物质含量及维生素 C 含量差异较大(表 4, 表 6)。采用本文的取样策略, 引起核心样品 3 个性状的均值提高。但总体上核心样品的 4 个数量性状与总体资源符合度较好, 极值上没有显著差异。核心样品的 9 个质量性状表现型频率与总体无显著差异, 符合度均达到了 100%。这表明该方法可作为胡萝卜资源构建核心样品的有效途径, 同时为有效利用胡萝卜资源提供了依据。

表 7 初选核心样品与总体资源的 9 个质量性状频率分布 χ^2 测验Table 7 The χ^2 test of the frequency of qualitative characters between primary core collections and entire collection

性状 Traits	20%样品 20% collection	15%样品 15% collection	10%样品 10% collection
叶丛 Attitude of leaf	5.8781	5.2850	4.1809
叶片颜色 Leaf color	1.4173	3.0627	1.6851
叶片茸毛 Leaf pubescence	5.9222	5.5458	6.9192
叶柄颜色 Petiole color	4.0270	1.9315	0.9935
叶柄茸毛 Petiole pubescence	2.1630	2.8876	0.7030
根表皮颜色 External color of root	2.4127	1.0719	0.9293
根长 Root length	0.4184	0.5481	0.3445
根形 Root shape	0.8007	0.3172	0.8781
根茎 Root stem	0.0125	0.1634	0.0063

如果广泛收集作物基因库, 遗传变异十分丰富, 其核心样品规模一般建议在 5% ~ 10%^[1,4]。由于不同物种收集程度存在差异, 遗传多样性也不同, 因此, 核心样品规模也不尽相同。在国内外不同植物核心种质构建中, 核心种质的比例为该物种全部收集品的 5% ~ 30%, 一般为 10%左右^[7]。Diwan 等对美国一年生苜蓿资源的研究表明, 7%是最适宜的核心样品规模^[5]。Zewdie 等对 1 202 份辣椒种质资源的形态学观测, 以 10%作为构建核心样品的比例^[7]。魏兴华等对 450 份浙江籼型地方稻种资源的变异研究, 建立了 12.5%的核心样品规模^[13]。本文设定了 10%、15%和 20% 3 个取样比例进行核心样品构建, 通过对 4 个数量性状和 9 个质量性状的变异进行检测, 三者均与总体资源的符合度比较好, 但是随着取样比例的减少, 核心样品的地域分布也迅速减少, 10%的核心样品分布省市比总体资源减少了 8 个, 而且其资源主要来源省市所占比例也由原来的 50%降到了 35%。因此, 本文初步确定 15% ~ 20%作为小规模胡萝卜资源构建核心样品的适宜比例。

参考文献:

- 1 Brown A H D. Core collection: a practical approach to genetic resources management. *Genome*, 1989, 31: 818 ~ 824
- 2 Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: Arber W, Llimensee K, Peacock W J ed. *Genetic manipulation: Impact on man and society*. Cambridge: Cambridge University Press, 1984. 161 ~ 170
- 3 Frankel O H, Brown A H D. Plant genetic resources today: a critical appraisal. In: Holden J H W, Williams J T ed. *Crop genetic resources: Conservation and evaluation*. London: Allen and Unwin, 1984. 249 ~ 257
- 4 Brown A H D. The case for core collections. In: Brown A H D, Frankel O H, Marshal R D ed. *The use of plant genetic resources*. Cambridge: Cambridge University Press, 1989. 136 ~ 156
- 5 Diwan N, McIntosh M S, Bauchan G R. Methods of developing a core collection of annual *Medicago* species. *Theoretical and Applied Genetics*, 1995, 90: 755 ~ 761
- 6 Giles B E. A comparison between quantitative and biochemical variation in the wild barley *Hordeum murinum*. *Evolution*, 1984, 38: 34 ~ 41
- 7 Zewdie Y, Tong N, Bosland P. Establishing a core collection of *Capsicum* using a cluster analysis with enlightened selection of accessions. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2004, 51: 147 ~ 151
- 8 中国农业科学院蔬菜花卉研究所主编. 中国蔬菜品种资源目录 (第一册). 北京: 万国学术出版社, 1992. 60 ~ 72
Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences. List of Chinese vegetables germplasm (First). Beijing: International Academic Publishers, 1992. 60 ~ 72 (in Chinese)
- 9 中国农业科学院蔬菜花卉研究所主编. 中国蔬菜品种资源目录 (第二册). 北京: 气象出版社, 1998. 38 ~ 44
Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences. List of Chinese vegetables germplasm (Second). Beijing: China Meteorological Press, 1998. 38 ~ 44 (in Chinese)
- 10 Upadhyaya H D, Ortiz R. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, 102: 1292 ~ 1298
- 11 徐海明, 胡晋, 朱军. 构建作物种质资源核心库的一种有效抽样方法. *作物学报*, 2000, 26 (2): 157 ~ 162
Xu H M, Hu J, Zhu J. An efficient method of sampling core collection from crop germplasm. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26 (2): 157 ~ 162 (in Chinese)
- 12 车克鹏, 许勇, 梁春阳, 宫国义, 翁曼丽, 张海英, 金德敏, 王斌. 西瓜核心种质的 AFLP 指纹图谱和 SCAR 标记. *植物学报*, 2003, 45 (6): 731 ~ 735
Che K P, Xu Y, Liang C Y, Cong G Y, Weng M L, Zhang H Y, Jin D M, Wang B. AFLP fingerprint and SCAR marker of watermelon core collection. *Acta Botanica Sinica*, 2003, 45 (6): 731 ~ 735 (in Chinese)
- 13 魏兴华, 颜启传, 应存山, 张丽华, 章林平. 建立浙江地方籼型稻种资源的核心样品的研究. *中国水稻科学*, 1999, 13 (2): 81 ~ 85
Wei X H, Yan Q C, Ying C S, Zhang L H, Zhang L P. A core collection of Zhejiang traditional indica rice germplasm. *Chinese Journal of Rice Science*, 1999, 13 (2): 81 ~ 85 (in Chinese)