

利用 SSR 标记技术分析中国啤酒大麦品种的遗传多样性*

张大乐, 高红云, 李锁平*

(河南大学农业生物技术研究所, 开封 475001)

摘 要: 利用 SSR 标记技术对中国 38 个啤酒大麦品种的遗传背景进行了遗传多样性分析。结果表明, 所用 28 对 SSR 引物(在大麦 7 对染色体长、短臂位置各选用了 2 对)中, 有 26 对 SSR 引物有多态性, 共检测出 187 个位点, 其中 172 个等位位点有多态性, 占 91.9%; 每个引物可扩增出 1~22 个位点, 平均每个引物产生 6.6 个等位位点。26 对 SSR 引物的多态性信息含量 *PIC* 最高为 0.995, 最低为 0.375, 平均 *PIC* 为 0.713。聚类结果表明, 这些品种的遗传距离(GD)聚类范围较小, 分布范围在 0.01124~0.74510, 在遗传距离 GD 值 0.6 水平上, 这些品种聚成了 2 大类, 下分 4 个亚类。SSR 标记揭示出这 38 个啤酒大麦品种遗传变异较小, 遗传基础比较狭窄。

关键词: 啤酒大麦; SSR; 遗传多样性; 聚类分析

中图分类号: Q75; S512.3⁺1

文献标识码: A

文章编号: 1004-1389(2007)03-0072-05

Analysis of Genetic Diversity on Beer Barley
Varieties in China by SSR

ZHANG Da-le, GAO Hong-yun and LI Suo-ping*

(Institute of Agricultural Biotechnology, He'nan University, Kaifeng He'nan 475001, China)

Abstract: The genetic relationships among 38 beer barley from China were investigated by SSR. The results showed that choosing 2 pairs separately in the long as well as short arms on the 7 pairs of chromosome in barley, in all, we got 28 pairs of SSR primer. 26 pairs of SSR primer were detected to have polymorphism and 187 loci were measured totally. Therein, 172 loci have polymorphism which occupies 91.9%. Each primer can augment 1—22 loci with 6.6 loci in the average. The polymorphism information content among the 26 pairs got the highest *PIC* 0.995 and the lowest 0.375, with the average 0.713 among the 26 pairs. Cluster analysis showed that 38 beer barley could be classified into 2 groups at the level of GD 0.6, which were respectively classified into 4 subgroups again. The GD varied from 0.01124 to 0.74510. Most beer barley had showed certain regular distribution in every subgroup. The results indicated that the genetic basis of them was rather narrow.

Key words: Beer barley; SSR; Genetic diversity; Cluster analysis

大麦是世界上仅次于小麦、水稻、玉米的第四大谷类作物。按照其在生产上的用途主要分为啤酒大麦和饲料大麦两大类^[1]。近年来, 随着我国啤酒工业的迅猛发展, 对啤酒大麦的品质要求越来越高。然而, 长期的遗传定向改良致使我国推

广的啤酒大麦品种的遗传基础比较单一, 其遗传背景日趋一致。另外, 我国长期以来在选育大麦品种上一直以啤用品种和饲用品种兼用为主要目标。这就造成现有的育成品种在品质、抗病等方面一直没有大的突破^[2]。因而, 育种目标分离同

* 收稿日期: 2006-09-27 修回日期: 2007-01-09

基金项目: 河南省高校杰出科研人才创新工程项目(2007KYCX009)。

作者简介: 张大乐(1979—), 男, 硕士, 助教, 研究方向为植物遗传学。

万方数据
通讯作者: 李锁平(1962—), 男, 教授, 从事植物遗传学研究。E-mail: LISP369@163.com

时广泛征集和引进国内外啤酒大麦品种资源就成为培育优质、丰产、多抗、广适性好的啤酒大麦新品种的基础。

随着 RFLP、RAPD、SSR、AFLP 等 DNA 分子标记技术的发展,从分子水平上深入研究大麦种质资源的遗传背景及进化途径已有些报道^[3~5]。本研究对来自江苏、浙江、湖北、福建、河南等省以及西北地区已审定并推广的啤酒大麦品种,利用 SSR 技术分析其遗传背景的差异,以期合理利用其中的优异种质资源进行亲本选配培育新品种提供分子水平上的理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试啤酒大麦材料 38 份,均为栽培二棱大麦 (*Hordeum distichon* Linn.) 品种,由河南省驻马店农科所翟德昌研究员和中国农业科学院作物品种资源研究所张京研究员提供(表 1)。

1.2 方法

1.2.1 总 DNA 的提取 每份材料播种 5~10 粒种子,培养黄化苗随机选择新鲜嫩叶片混合均

匀,称取 10 g,参照文献[6]中的 CTAB 方法提取 DNA。

1.2.2 SSR 及其产物检测 根据有关报道^[5],共选择了 28 对 SSR 引物(购自上海生工公司)(表 2),每对引物重复试验 2 次,PCR 反应体积为 10 μ L/管,反应体系中含有 10 ng 左右的模板 DNA,每种 dNTPs 200 μ mol/L, 1.6 mmol/L $MgCl_2$, 1 $\times$ Buffer[10 mmol/L TrisHCl(pH=8.8 at 25 $^{\circ}C$) 50 mmol/L KCl, 0.08% Nonidet P40], 0.5U *Taq* 酶(以上 PCR 试剂均购自大连宝生物有限公司),0.2 μ mol/L 正向和反向引物。PCR 反应在 PTC-100 型热梯度循环仪(购自美国 MJ Research 公司)上进行。PCR 反应程序为 A 或 B。A:94 $^{\circ}C$ 变性 1 min,55 $^{\circ}C$ 退火 1 min,72 $^{\circ}C$ 延伸 1 min,共循环 31 次;最后于 72 $^{\circ}C$ 延伸 10 min。B:94 $^{\circ}C$ 变性 3 min,58 $^{\circ}C$ 退火 1 min,72 $^{\circ}C$ 延伸 1 min,循环 1 次;然后,94 $^{\circ}C$ 变性 0.5 min,58 $^{\circ}C$ 退火 0.5 min,72 $^{\circ}C$ 延伸 0.5 min,共循环 30 次;最后于 72 $^{\circ}C$ 延伸 10 min。扩增产物在 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶上恒压电泳分离。最后用硝酸银法进行染色^[7]。

表 1 供试材料的编号和名称

Table 1 The number and names of the beer barley

编号 No.	品种名称 Name of variety	编号 No.	品种名称 Name of variety	编号 No.	品种名称 Name of variety
A1	早熟 3 号	A14	浙 86-166	A27	浙皮 1 号
A2	矮早 3 号	A15	甘啤 3 号	A28	浙皮 2 号
A3	闽-84	A16	单 95168	A29	莆大麦 4 号
A4	单 2	A17	豫大麦 1 号	A30	莆大麦 5 号
A5	Suyin12	A18	豫大麦 2 号	A31	莆大麦 8 号
A6	沪 14	A19	舟麦 2 号	A32	鄂啤 1 号
A7	沪 16	A20	花 30	A33	鄂啤 2 号
A8	沪 10	A21	苏农 22	A34	鄂品 B-34
A9	盐引 1 号	A22	苏农 0030	A35	福引 1 号
A10	哈林顿	A23	苏农 7630	A36	扬引 3 号
A11	苏 B9607	A24	单 6	A37	甬 808047
A12	苏 B001	A25	浙农大 2 号	A38	秀麦 3 号
A13	浙 88-23	A26	浙农大 3 号		

1.2.3 数据处理 只记录重复的带,将任一扩增带看作一个性状,按带的有无建立 1,0 型二元数据矩阵。参照 Nei 和 Li 的方法计算供试材料间的遗传相似系数和遗传距离^[8]。遗传相似系数 $GS=2N_{ij}/N_i+N_j$,其中 N_{ij} 是指材料 i 和 j 共有的片段数目, N_i+N_j 指在两个材料中出现的片段数目之和。遗传距离 $GD=1-GS$ 。按照 UP-GMA(unweight pair group method using arithmetic averages)不加权成对群算术平均数方法进行系统聚类分析。用 DPSv3.11 专业版分析软件聚类并作图。由引物的多态性信息含量(Poly-

morphism information content, PIC)^[10] 按公式 $PIC=1-\sum f_i^2$, f_i 指第 i 个引物的等位点的频率, PIC 反映了某个引物的多态性水平和区分群体的能力,其 PIC 值大小取决于检测到的等位点数目及位点频率,而与后者关系更密切。

2 结果与分析

2.1 SSR 产物的多态性及引物的多态性信息含量

结果表明,28 对 SSR 引物(在大麦 7 对染色体长、短臂位置各选用了 2 对)均能产生扩增带,

其中 26 对 SSR 引物(表 2)产生的扩增带具有多态性(图 1),并且稳定,其大小为 118~310 bp。

从表 2 可以看出,在 38 个啤酒大麦品种中共检测出 187 个位点。其中 172 个等位位点有多态

性,占 91.9%,每个引物可扩增出 1~22 个位点,平均每个引物产生 6.6 个等位位点。产生多态性的 SSR 引物其所有扩增产物都用于分析,并将每条扩增带看作一个等位位点。

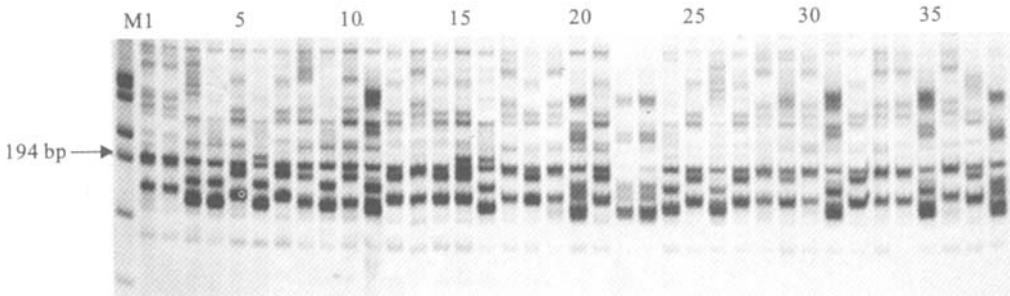


图 1 引物 EBmag0794 对 38 个啤酒大麦品种的扩增结果

Fig. 1 Profile produced in 38 beer barley by the primer EBmag0794 (M:marker ΦX174—HaeIII digest DNA)

表 2 产生多态性带的 SSR 引物

Table 2 The SSR primers which produced polymorphic bands

引物名称 Primers	所在染色体臂 Chromosome loci	多态性位点数 Number of polymorphic loci	总位点数 Total loci	程序 PCR	多态性信息含量 PIC
Bmag0345	1HL	2	2	B	0.5
Bmag0579	1HL	6	6	A	0.5
Bmac0213	1HS	6	7	B	0.86
Bmag0105	1HS	5	6	A	0.78
Bmag0692	2HL	10	10	A	0.88
EBmag0793	2HL	3	3	A	0.44
Bmag0140	2HS	7	7	B	0.7
Bmac0134	2HS	5	6	A	0.78
EBmac0541	3HL	4	5	B	0.72
Bmag0603	3HS	9	9	A	0.767
HvLTPPB	3HS	2	4	A	0.625
EBmac0635	4HL	5	5	B	0.72
EBmac0679	4HL	6	6	A	0.67
EBmacc0009	4HS	1	4	B	0.375
EBmac0775	4HS	5	5	A	0.72
HvLox	5HL	3	3	B	0.7
EBmac0970	5HL	2	7	A	0.55
Bmac0303	5HS	7	7	B	0.82
Bmag0500	6HL	10	10	B	0.9
Bmac0316	6HL	3	4	A	0.75
EBmac0602	6HS	11	11	B	0.9
EBmac0806	6HS	5	5	A	0.64
Bmag0321	7HL	8	8	B	0.5
EBmag0757	7HL	4	4	A	0.75
Bmag0206	7HS	22	22	B	0.995
EBmag0794	7HS	21	21	A	0.995
Total		172	187		0.713(Mean)

26 对 SSR 引物的多态性信息含量 *PIC* 见表 2。从表 2 可以看出,Bmag0206 和 EBmag0794 的 *PIC* 最高为 0.995,EBmacc0009 的 *PIC* 最低为 0.375,平均 *PIC* 为 0.713。

2.2 SSR 标记的聚类分析

根据 SSR 分析所得的 1,0 型数据聚类并作图(图 2)。由图 2 可见,在遗传距离 GD 值 0.60 万方数据

水平上,供试的 38 份啤酒大麦品种聚成了 2 大类,第一大类由匈-84、甘啤 2 号和哈林顿组成。第二大类包括两个亚类,第一亚类包括苏农 22、苏农 0030、苏农 7630、苏 B9607 和苏 B001。第二亚类又包括两个小类,第一小类由单 2、单 6、单 95168、Suyin12、沪 14、盐引 1 号和福引 1 号组成。第二小类又分成了两个部分,分别由早熟 3 号、矮

早 3 号、豫大麦 1 号、豫大麦 2 号、莆大麦 4 号、莆大麦 5 号、莆大麦 8 号、莆 808047、鄂啤 1 号、鄂啤 2 号、鄂品 B-34、浙皮 2 号、浙皮 1 号、沪 16 和浙 88-23、浙 86-166、浙农大 2 号、浙农大 3 号、扬引 3 号、沪 10、舟麦 2 号、花 30、秀麦 3 号组成。

根据 Nei-Li 系数计算出的供试材料的遗传距离可以看出,供试的啤酒大麦材料的遗传距离分布范围在 0.01124~0.74510 之间,其中鄂啤 2 号和鄂品 B-34 的遗传距离最小为 0.01124,哈林顿和秀麦 3 号的遗传距离最大为 0.74510。

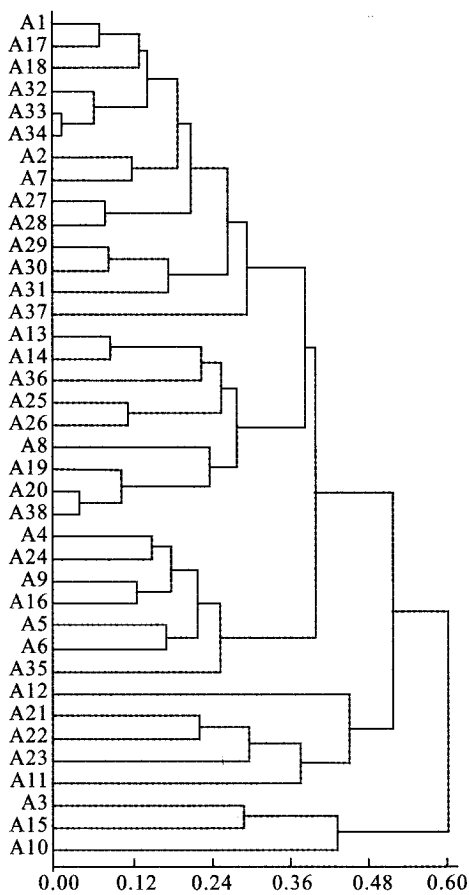


图 2 38 个啤酒大麦的 SSR 聚类图

Fig. 2 Dendrogram generated by cluster analysis of SSR for 38 beer barley varieties

3 讨论

3.1 SSR 标记在啤酒大麦研究中的应用

SSR 标记在研究大麦遗传多样性中的应用最早是在 1994 年 Saghai Maroof 等^[11]用 4 对 SSR 引物对 104 份世界大麦主产区的栽培大麦和 103 份以色列不同生态区的二棱野生大麦的研究结果表明,其等位基因数目变化大,其频率差异也大。随后 SSR 标记得到广泛的应用。Struss

等^[12]用 15 对 SSR 引物研究了由野生大麦、地方品种和选育品种组成的 163 份大麦材料的遗传多样性,共检测到 130 个等位基因,每个微卫星标记检测到的等位基因数在 5~15 之间,平均每个微卫星标记有 8.6 个等位基因,不同群体的遗传多样性因微卫星标记不同而异,聚类结果与材料的地理起源较为一致。本研究共选用了 28 对 SSR 引物,对我国 38 个啤酒大麦品种进行遗传多样性分析,结果表明,其中 26 个引物能检测到多态性位点,共检测到 187 个位点,有多态性的等位位点 172 个,占 91.9%,每个引物可扩增出 1~22 个位点,平均每个引物产生 6.6 个等位位点。每个引物的平均 PIC 为 0.713。与 RFLP、RAPD 等标记比较,SSR 标记的结果稳定可靠、多态性高、重复性好,为共显性标记,DNA 的用量小并且其质量要求低,虽然前期研究费时费力,但一旦其引物设计出来,使以后的使用者受益无穷^[13,14]。本研究中用这 26 对引物同样区分开了亲缘关系极其密切的已推广的啤酒大麦品种,证明 SSR 标记可较好地揭示啤酒大麦品种间的遗传差异。

3.2 啤酒大麦品种的遗传多样性以及在育种中的利用

我国推广的啤酒大麦品种,尤其是二棱啤酒大麦,绝大多数是通过品种间杂交成的,虽然育成品种具有较好的综合农艺性状,但由于长期的定向遗传改良,大多数品种间具有极高的遗传相似性,其遗传背景比较狭窄。从聚类结果图可看出,哈林顿、匈-84 都是从欧洲引进的品种类型,甘啤 2 号是以匈-84-62 为父本、S-3 为母本杂交,经多代选育而来,因而哈林顿、匈-84 和甘啤 2 号聚在了一起。苏 B9607 和苏 B001 都是以苏引麦 2 号为亲本,经多代选育而成。浙 88-23 是由 81-85×浙农大 4 号经多代选育而成。所以都各自聚在了一起。由于我国现有的大部分啤酒大麦品种大都以早熟 3 号为核心亲本经过多代选育而成,豫大麦 1 号、莆大麦 4 号、矮早 3 号、莆大麦 5 号、莆大麦 8 号、莆 808047、豫大麦 2 号、鄂啤 1 号、鄂啤 2 号、鄂品 B-34、浙皮 2 号、浙皮 1 号和扬引 3 号、沪 10、花 30、秀麦 3 号聚在了一起,尤其是豫大麦 1 号、莆大麦 4 号、矮早 3 号等都是直接以早熟 3 号为亲本选育而来。虽然单 2、单 6、单 95168、花 30 都是利用细胞工程育种技术,通过花药培养诱导产生加倍单倍体植株,经多代选择育成,但是这些育成品种所用的花药仍然来自已推广的啤酒大麦

品种,因而与已推广大麦品种的亲缘关系仍然相近。如春性二棱皮大麦花 30 是以 82146 为母本和秀麦 1 号为父本杂交,通过 F_2 代花药培养诱导产生加倍植株经多代选择育成。因而花 30 与秀麦 3 号聚在了一起并与早熟 3 号等啤酒大麦归为一大类。同样单 2、单 6、单 95168、盐引 1 号和福引 1 号聚在了一起。

利用分子标记技术评价亲本材料的遗传多样性,以期在杂交育种中获得遗传差异较大、亲缘关系较远的亲本材料。R. M. D. Koebner 等^[15]用表型特征和分子标记(SSR 和 AFLP)手段对来自英国的 134 个主要大麦品种进行了研究,这些品种包括英国从 1925~1995 年推广的春性和冬性两种类型,结果表明,这些推广的大麦品种间仍然保持着丰富的遗传多样性,这说明通过有系统的育种计划,推广品种间的遗传背景日趋单一的状况是可以避免的。因而,在杂交育种中,首先应大规模地调查亲本材料间的遗传背景,有计划地选择合适的亲本材料,这样可以避免由于大量使用相同的亲本,导致育成品种间的遗传基础日趋狭窄的情况发生。因此,在以当地丰产性好的家系品种为中心亲本,重视开发利用具有特用价值的野生资源为前提下,与常规育种技术有机结合,利用分子标记技术选择亲本在选育啤酒大麦新品种方面有着广阔的应用前景。

参考文献:

- [1] 卢良恕. 中国大麦学[M]. 北京:中国农业出版社,1996. 124~130.
- [2] 杨建明,沈秋泉,汪军妹,等. 我国大麦生产、需求与育种对策[J]. 大麦科学,2003,(1):1~6.
- [3] Maestri E, Malcevski A, Massari A, *et al.* Genomic analysis of cultivated barley (*Hordeum vulgare*) using sequence-tagged molecular markers. Estimates of divergence based on RFLP and PCR markers derived from stress-responsive genes, and simple-sequence repeats(SSRs) [J]. Mol Genet Genomics, 2002, 267: 186~201.
- [4] Koebner R M D, Donini P, Reeves J C. Temporal flux in the morphological and molecular diversity of UK barley[J]. Theor Appl Genet, 2003, 106: 550~558.
- [5] Ramsay L, Macaulay M, Ivanisovich S D, *et al.* A simple sequence repeat-based linkage map of barley[J]. Genetics, 2000, 156: 1997~2005.
- [6] De Bustos A, Casanova C, Soler C. RAPD variation in wild population of four species of the genus *Hordeum* [J]. Theor Appl Genet, 1998, 96: 101~111.
- [7] Bassam B J, Caetano-Anolles G, Gresshoff P M. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels[J]. Anal Biochem, 1991, 196: 80~83.
- [8] Nei M, Li W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1979, 76: 5269~5273.
- [9] 唐启义,冯明光. 实用统计分析及其 DPS 数据处理系统[M]. 北京:科学出版社,2002.
- [10] Simth J S C, Chin E C L, Shu H, *et al.* An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): Comparison with data from RFLPs and pedigree[J]. Theor Appl Genet, 1997, 95: 163~173.
- [11] Sghaimaroor M A, Biyashev R M, Yang G P, *et al.* Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations and population dynamics [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1994, 91: 5466~5470.
- [12] Struss D, Plieske J. The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations [J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 308~315.
- [13] Barcaccia G, Lucchin M, Parrini P. Characterization of a flint maize (*Zea mays* var. *indurata*) Italian landrace, II. Genetic diversity and relatedness assessed by SSR and Inter-SSR molecular markers[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2003, 50(3): 253~271.
- [14] Saini N, Jain N, Jain S, *et al.* Assessment of genetic diversity within and among Basmati and non-Basmati rice varieties using AFLP, ISSR and SSR markers[J]. Euphytica, 2004, 140(3): 133~146.
- [15] Koebner R M D, Donini P, Reeves J C, *et al.* Temporal flux in the morphological and molecular diversity of UK barley[J]. Theor Appl Genet, 2003, 106: 550~558.

作者：[张大乐](#)，[高红云](#)，[李锁平](#)，[ZHANG Da-le](#)，[GAO Hong-yun](#)，[LI Suo-ping](#)
作者单位：[河南大学农业生物技术研究所, 开封, 475001](#)
刊名：[西北农业学报](#) 
英文刊名：[ACTA AGRICULTURAE BOREALI-OCCIDENTALIS SINICA](#)
年，卷(期)：[2007, 16\(3\)](#)
被引用次数：[19次](#)

参考文献(15条)

1. [卢良恕](#) [中国大麦学](#) 1996
2. [杨建明](#), [沈秋泉](#), [汪军妹](#), [朱靖环](#) [我国大麦生产、需求与育种对策](#)[期刊论文]-[大麦科学](#) 2003(1)
3. [Maestri E](#); [Malcevski A](#); [Massari A](#) [A Genomic analysis of cultivated barley \(Hordeum vulgare\) using sequencetagged molecular markers. Estimates of divergence based on RFLP and PCR markers derived from stress-responsive genes, and simple-sequence repeats\(SSRs\)](#) 2002
4. [Koebner R M D](#); [Donini P](#); [Reeves J C](#) [Temporal flux in the morphological and molecular diversity of UK barley](#) 2003
5. [Ramsay L](#); [Macaulay M](#); [Ivanisovich S D](#) [A simple sequence repeat-based linkage map of barley](#) 2000
6. [De Bustos A](#); [Casanova C](#); [Soler C](#) [RAPD variation in wild population of four species of the genus Hordeum](#) 1998
7. [Bassam B J](#); [Caetano-Anolles G](#); [Gresshoff P M](#) [Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels](#) 1991
8. [Nei M](#); [Li W](#) [Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases](#) 1979
9. [唐启义](#); [冯明光](#) [实用统计分析及其DPS数据处理系统](#) 2002
10. [Simth J S C](#); [Chin E C L](#); [Shu H](#) [An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize \(Zea mays L.\): Comparison with data from RFLPs and pedigree](#) 1997
11. [Sghaimaroof M A](#); [Biyashev R M](#); [Yang G P](#) [Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barley: species diversity, chromosomal locations and population dynamics](#) 1994
12. [Struss D](#); [Plieske J](#) [The use of microsatellite markers for detection of genetic diversity in barley populations](#) 1998
13. [Barcaccia G](#); [Lucchin M](#); [Parrini P](#) [Characterization of a flint maize \(Zea mays var. indurata\) Italian landrace, II. Genetic diversity and relatedness assessed by SSR and Inter-SSR molecular markers](#) 2003(03)
14. [Navinder Saini](#); [Neelu Jain](#); [Sunita Jain](#); [Jain, R K](#) [Assessment of genetic diversity within and among Basmati and non-Basmati rice varieties using AFLP, ISSR and SSR markers.](#) [外文期刊] 2004(3)
15. [Koebner R M D](#); [Donini P](#); [Reeves J C](#) [Temporal flux in the morphological and molecular diversity of UK barley](#) 2003

引证文献(19条)

1. [赵春艳](#), [曾亚文](#), [普晓英](#), [杜娟](#), [杨树明](#), [张再懿](#), [谢勇武](#) [大麦基因型间SSR标记的多态性及其亲缘关系分析](#)[期

刊论文]-[麦类作物学报](#) 2010(06)

2. [杨振华, 漆燕玲, 蒋玮](#) [甘啤系列啤酒大麦品种\(系\)与国外引进品种间遗传多样性的SSR分析](#)[期刊论文]-[麦类作物学报](#) 2009(04)
3. [钱刚, 平军娇, 王大忠, 张珍, 刘茂生](#) [SSR多态性信息含量\(PIC\)对大麦糖化力的选择效果](#)[期刊论文]-[广东农业科学](#) 2011(14)
4. [刘志敏, 金能, 吕超, 黄祖六, 许如根](#) [大麦种质资源的SSR遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[麦类作物学报](#) 2011(05)
5. [钟智林, 蒋建雄, 杨璐, 易自力](#) [玉米SSR引物在芒属植物遗传多样性分析的应用研究](#)[期刊论文]-[现代生物医学进展](#) 2009(11)
6. [何学芹, 杨兆才, 余正美, 宋云飞](#) [啤饲大麦品种区域试验研究](#)[期刊论文]-[现代农业科技](#) 2013(15)
7. [陆凯文, 陈跃进, 范东恩, 包玉婷, 陈剑峰](#) [大麦品种对比试验](#)[期刊论文]-[现代农业科技](#) 2010(03)
8. [聂平, 杜德志, 徐亮, 姚艳梅](#) [不同生态类型甘蓝型油菜的SSR遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[西北农业学报](#) 2008(04)
9. [王晋, 王世红, 赖勇, 孟亚雄, 李葆春, 马小乐, 尚勋武, 王化俊](#) [大麦SSR标记遗传多样性及群体遗传结构分析](#)[期刊论文]-[核农学报](#) 2014(02)
10. [白盼, 李荣华, 郭培国, 宁正祥, 夏岩石, 何其芳](#) [19个亚洲国家大麦种质材料的遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[麦类作物学报](#) 2012(02)
11. [张静, 张鲁刚](#) [芥蓝种质资源的多样性和聚类分析](#)[期刊论文]-[西北农业学报](#) 2008(04)
12. [王鹏喜, 赖勇, 孟亚雄, 李葆春, 马小乐, 王化俊](#) [大麦亲本材料性状鉴定及多样性分析](#)[期刊论文]-[麦类作物学报](#) 2012(03)
13. [徐先良, 赖勇, 王鹏喜, 范贵强, 汪军成, 王晋, 孟亚雄, 李葆春, 马小乐](#) [大麦亲本材料农艺性状鉴定及遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[麦类作物学报](#) 2013(04)
14. [贾巧君, 朱靖环, 汪军妹, 杨建明](#) [浙江赤霉病抗性不同的大麦地方品种遗传多样性分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2013(03)
15. [乔海龙, 陈健, 沈会权, 陶红, 臧慧, 栾海业, 陈和](#) [大麦遗传育种技术研究进展](#)[期刊论文]-[安徽农业科学](#) 2013(10)
16. [黄丽芳](#) [芒果主产区砧木种质资源遗传多样性SSR标记研究](#)[学位论文]硕士 2010
17. [李磊](#) [拟鹅观草属和赖草属的SSR分子标记开发和系统发育关系](#)[学位论文]硕士 2010
18. [张静](#) [芥蓝种质资源多样性分析与品质评价](#)[学位论文]硕士 2008
19. [杨振华](#) [甘啤系列啤酒大麦品种\(系\)与国外引进品种遗传多样性的SSR分析](#)[学位论文]硕士 2009

引用本文格式: [张大乐, 高红云, 李锁平, ZHANG Da-le, GAO Hong-yun, LI Suo-ping](#) [利用SSR标记技术分析中国啤酒大麦品种的遗传多样性](#)[期刊论文]-[西北农业学报](#) 2007(3)