

谷子分子标记研究与应用

刘程宏*, 董亚南, 韩燕丽, 樊永强, 苗兆丰, 王彦辉

(郑州市农林科学研究所, 郑州 450000)

摘要: 谷子是我国传统粮食作物, 具有抗旱、耐瘠薄、营养价值高等优点, 谷子的种质资源分析及育种研究非常重要, 随着分子生物学的发展, 分子标记技术的出现为谷子的遗传研究及育种开辟了新的思路 and 手段。分子标记包括 DNA 分子标记和蛋白质分子标记, 其中 DNA 分子标记常被用于构建遗传连锁图谱、基因定位及 QTL 分析、遗传多样性研究、系谱分析与品种鉴定和比较基因组研究等, 本文分别介绍了谷子常用的 DNA 分子标记和蛋白质分子标记及其特点, 并综述了其在谷子上的研究应用情况, 简要分析和展望了分子标记在谷子上的未来发展。

关键词: 谷子; DNA 分子标记; 蛋白质分子标记

Research and application of molecular markers in millet

LIU Cheng-Hong*, DONG Ya-Nan, HAN Yan-Li, FAN Yong-Qiang,
MIAO Zhao-Feng, WANG Yan-Hui

(Zhengzhou Agriculture and Forestry Science Institute, Zhengzhou 450000, China)

ABSTRACT: Millet is a kind of traditional food crop in China, which has the advantages of drought resistance, barren tolerance, and high nutritional value. The analysis of germplasm resources and breeding research of millet are very important. With the development of molecular biology, the emergence of molecular marker technology is the genetic research and breeding of millet open up new ideas and means. Molecular markers include DNA molecular markers and protein molecular markers. Between them, DNA molecular markers are often used to construct genetic linkage maps, gene mapping and QTL analysis, genetic diversity research, pedigree analysis and variety identification, and comparative genome research, etc. This paper reviewed DNA molecular markers and protein molecular markers commonly used in millet and their characteristics, respectively, summarized their research and application on millet, and briefly analyzed and prospected the future development of molecular markers on millet.

KEY WORDS: millet; DNA molecular markers; protein molecular marker

0 引言

谷子是我国一种传统粮食作物, 同其他作物相比, 营养价值较高, 历来都是产妇儿童及病弱老者的滋补佳品^[1]; 在生产上, 谷子又具有抗旱和耐瘠薄等优势, 具有其他作物无法替代的地位。因此, 谷子的种质资源分析及育种研

究具有非常重要的意义。当前谷子选种的研究手段主要是靠传统方法, 如何应用先进科学的研究技术加快谷子育种是一个严峻的问题。随着分子生物学的发展, 分子标记技术的出现为谷子的遗传研究及育种开辟了新的思路 and 手段。本文在介绍分子标记的大致类型和特点的基础上, 综述了其在谷子上的研究应用情况, 并简要分析和展望了分

*通信作者: 刘程宏, 硕士, 主要研究方向为植物生理与生物技术。E-mail: 421781004@qq.com

*Corresponding author: LIU Cheng-Hong, Master, Zhengzhou Agriculture and Forestry Science Institute, Zhengzhou 450000, China. E-mail: 421781004@qq.com

子标记在谷子上的未来发展。

1 分子标记的类型及特点

分子标记属于遗传标记, 可以明确反映遗传多态性。广义的分子标记是指可遗传并可检测的 DNA 序列或蛋白质; 而狭义的分子标记是指 DNA 分子标记, 是从本质上反映生物个体或种群间基因组某种差异的特异性 DNA 片段, 可从 DNA 水平上直接反映生物的遗传多态性^[2]。在实验研究中, DNA 分子标记大多是以电泳谱带的形式出现用来分析体现 DNA 差异的, 因此又被称为 DNA 指纹图谱^[3]。分子标记技术自 20 世纪 80 年代出现以来, 已广泛应用于水稻、玉米和小麦等多种大宗作物上, 近年来, 在谷子上的研究和应用也取得了较大发展。

1.1 DNA 分子标记

1.1.1 DNA 分子标记的优点

DNA 分子标记建立在 DNA 序列多态性的基础上, 与传统的遗传标记(形态标记、细胞学标记、蛋白质标记等)相比具有独特的优越性: (1)具有高的多态性; (2)共显性遗传, 可鉴别二倍体中杂合和纯合基因型; (3)能明确辨别等位基因; (4)遍布整个基因组; (5)除特殊位点的标记外, 均匀分布于整个基因组; (6)选择中性(即无基因多效性), 不

影响目标性状的表达^[2-6]; (7)检测手段简单、快速, 实验程序易于实现自动化; (8)开发成本和使用成本尽量低廉; (9)重复性好。

1.1.2 DNA 分子标记的主要类型及各自的原理特点

在遗传学研究中广泛应用的 DNA 分子标记已经研究发展了很多种方法, 按照检测手段或所用的分子生物学技术可将其分为以下几类, 常用的标记如表 1 所示^[2-5,7]。此外还有一种基于单核苷酸多态性的 DNA 分子, 单核苷酸多态性是由 DNA 序列中因单个碱基的变异而引起的遗传多态性, 它提供的信息量远小于常用的遗传标记, 但由于数量丰富, 且具有便于自动化检测的优势, 所以应用前景广泛。

1.2 蛋白质分子标记

蛋白质分子标记主要有 2 种类型: 血清学标记和种子蛋白标记。同工酶标记有的也被认为是一种蛋白质标记^[8]。它是作为表达层面(蛋白质或酶分子)的差异代表, 对于标记不同样品的遗传多样性具有一定意义。

在谷子中, 种子蛋白(如醇溶蛋白、谷蛋白、球蛋白等)标记多态性较高, 并且高度遗传, 是一种良好的标记类型, 其多态性可以用位点/等位基因(共显性)来解释, 但与同工酶标记相比检测速度较慢, 并且种子蛋白基因往往是一些紧密连锁的基因, 因此难以在进化角度对其进行诠释^[8]。

表 1 常用 DNA 分子标记一览表
Table 1 List of common DNA molecular markers

标记物	主要原理	核心技术	探针/引物来源	检测基因组区域	基因组丰富度	遗传特性	DNA 质量要求	多态性水平	重复性	放射性同位素用否	开发成本
RFLP	限制性酶切 Southern 杂交	电泳、分子杂交	特定序列 DNA 探针	单/低拷贝区	中	共显性	高	中	高	通常用	高
SSR	PCR 扩增	电泳、PCR	重复序列设计引物	重复序列	高	共显性	中	高	高	不用	高
STS	特异 PCR 扩增	电泳、PCR	FFLP 探针序列等	单拷贝区	中	显性	高	中	高	不用	高
RAPD	随机 PCR 扩增	电泳、PCR	9~10 bp 随机引物	整个基因组	很高	显性	中	较高	中	不用	低
CAPS	PCR 产物	电泳、PCR	特异引物	整个基因组	很高	显性	高	中	高	不用	高
AFLP	限制性酶切 PCR 扩增	电泳、PCR	特定引物	整个基因组	高	共显性/显性	很高	非常高	高	不用	高
SCAR	特异 PCR 扩增	电泳、PCR	RAPD 特征带设计引物	整个基因组	中	显性	中	高	高	不用	高
ISSR	PCR 扩增	电泳、PCR	重复序列设计引物	重复序列间隔单拷贝区	高	显性/共显性	中	高	高	不用	低

2 谷子分子标记的研究与应用

2.1 构建遗传连锁图谱

遗传学的一项重要研究内容就是构建遗传连锁图谱,在此基础上才能更好地对基因组开展系统化研究,也是作为遗传育种和诊断依据的基础。谷子遗传图谱的构建同样对于从分子水平了解谷子的农艺性状、遗传特性和生长发育规律等,开展重要性状的遗传分析、分离和克隆相关基因、谷子基因组结构及功能分析等的研究意义重大。WANG 等^[9]绘制了世界上第一个谷子 RFLP 连锁图,为谷子的分子标记研究和禾谷类作物比较遗传学奠定了重要基础;JIA 等^[10]构建了世界上第一张谷子 SSR 标记遗传连锁图谱,将该图谱与王志民的 RFLP 标记整合后得到了有 101 个标记定位的遗传图谱;杨坤^[11]研究获得了谷子 SSR 标记连锁图谱,共获得 46 个标记分布在 10 个连锁群上。

2.2 基因定位及 QTL 分析

基因定位也是遗传学研究中的一项基本工作,体现了基因所属连锁群及基因在染色体上的相对位置,自从王志民利用 RFLP 连锁图精确地定位了谷子第一个重要农艺性状基因——抗茄科宁基因,关于谷子基因定位的相关研究不断取得新进展。牛玉红等^[12]找到了与谷子抗除草剂基因(*Sr7*)连锁的 2 个 AFLP 标记,对谷子抗除草剂育种及抗除草剂种质环境释放后准确快速检测抗除草剂基因的田间漂移具有重要的现实意义;郝晓芬等^[13]通过研究筛选定位了光敏雄性不育基因;翁巧云^[14]开展了谷子抗锈基因 RUS 分子标记和抗病相关基因的克隆与分析的研究,为抗锈基因的分子鉴定、辅助选择及抗病机制相关研究奠定了基础;杨坤等^[11]利用连锁图谱研究发现谷子株高、颈长和主茎节数的 QTL 出现富集现象,分析表明它们之间极显著正相关;杜晓芬等^[15]研究开发了谷子分蘖相关 QTL 紧密相关的 InDel 标记,为分蘖型谷子分子标记辅助育种研究奠定了基础。

2.3 遗传多样性研究

遗传多样性是指种内不同居群之间或同一居群不同个体之间的遗传变异的总和^[16]。对谷子种质资源的遗传多样性进行快捷、可靠地分析,了解种群之间的遗传距离,可以为谷子种质资源的充分利用、科学育种及遗传学研究提供重要依据。过去的研究通常是通过地理来源、系谱关系及有限的表型鉴定数据来区分众多的谷子品种资源的,效果较差。伴随着分子标记研究的不断发展,基于 DNA 序列开发的标记如 RFLP、AFLP、RAPD、SSR 等已经较多

地应用于谷子遗传多样性的研究^[17-19]。

MIERRY 等^[20]应用 AFLP 标记研究了谷子品种的遗传多样性,发现较之遗传基础狭窄的东欧和非洲谷子,中国谷子的遗传多样性丰富;朱学海等^[21]用 21 个标记在 120 份谷子核心种质中扩增出 305 个等位变异,平均每个位点 14.5 个;WANG 等^[22]用 77 个标记在 250 份谷子栽培品种中检测到 1612 个等位变异,平均每个位点 20.9351 个;LIU 等^[23]用 79 个标记对 128 份谷子品种进行扩增,每个标记检测到 14.04 个等位基因,说明中国谷子品种遗传变异丰富。

2.4 系谱分析与品种鉴定

DNA 分子标记还可用于明确谷子的遗传背景,以获得更加可靠的系谱分析,另外还可用于谷子的品种鉴定,并以此推测谷子品种与生态类型的关系。王志民等^[24]用高度多态性探针 gFM31 对 59 个谷子品种进行 DNA 指纹分析,共鉴定出 58 种类型,发现黑谷和黑粒获得的条带完全相同,其中包括小卫星和微卫星 DNA 序列,该探针在谷子中有很高的多态性且具有较强的谷子基因组特异性;LIU 等^[23]、KAJAL 等^[25]、GARIMA 等^[26]均利用特定的 DNA 分子标记对谷子进行了相应的系谱分析或品种鉴定。

朱学海等^[21]将 120 份谷子材料划分为 4 个类群,与其来源地的生态类型总体一致;WANG 等^[22]通过聚类将 250 个谷子品种分为 3 个亚群,与其生态型完全一致,而黄河流域及其下游地区的谷子品种遗传多样性最高;贾小平等^[27]通过聚类分析发现,农家种的谷子其聚类群与生态类型较一致,而不同生态区域的育成种谷子反而趋向于聚成一个大组,可能反映了育成品种遗传基础狭窄的问题;杨天育等^[28]研究分析了中国北部高原生态区的 6 个农家品种和 14 个育成品种的遗传差异,发现前者具有更大的遗传差异,说明谷子农家品种具有丰富的基因资源,可为谷子育种提供重要的种质资源。

2.5 比较基因组研究

通过比较基因组研究,可以更加清楚地了解和认识谷子与其他物种基因组之间的关系,不仅可以为选择分子标记提供参考依据,而且也可为谷子转基因鉴定与分离提供了一种工具^[29]。根据一致的遗传图谱,借鉴小麦或水稻的研究结果,可以对谷子基因行为以及新陈代谢的生理途径有更加深刻的认识。DEVOS 等^[30]进行了谷子和水稻基因组序列比较,认为谷子第 I 号和水稻第 2 号染色体以及第 II 号和第 9 号,第 III 号和第 5 号、第 12 号染色体的大部分,第 IV 号和第 6 号,第 V 号和第 8 号,第 VII

号染色体和第4号、第12号染色体短臂的末端部分,第VIII号和第11号,第IX号和第3号、第10号染色体都有同源的对序列;DEVOS等^[31]研究发现珍珠粟与谷子的许多染色体片段是同源的,如珍珠粟第1连锁群与谷子第VIII连锁群以及第2连锁群与第IX、IV、I连锁群等均有程度不同的同源片段。

2.6 蛋白质分子标记研究

黎裕等^[32]通过对来自不同地理区域的谷子材料及野生近缘种的蛋白质变异进行研究,发现谷子种内蛋白质变异较小,而种间变异大于种内变异,可见野生近缘种对于谷子遗传育种材料的选择具有重要意义;近年来,禾谷类作物种子醇溶蛋白以酸性聚丙烯酰胺凝胶电泳(A standard acid polyacrylamide gel electrophoresis, A-PAGE)研究遗传差异取得了理想结果^[2,7],杨天育等^[8]对71份谷子材料醇溶蛋白的遗传差异进行了在酸性条件下的电泳检测,聚类分析结果表明,相同生态类型的材料基本上聚为一类,说明谷子醇溶蛋白类型和生态类型有很大的一致性。但谷子醇溶蛋白的遗传多态性低,无法鉴定谷子的基因型,而谷子种子中有多种贮藏蛋白,具体哪一种更适合用于品种基因型鉴定,尚需进一步研究探讨。

3 问题与展望

3.1 分子标记的开发与利用

分子生物学实验手段的进步和谷子测序的完成,极大地促进了谷子分子标记的研究和应用。如前所述,谷子已形成一定的分子标记体系。但之前的分子标记的开发主要依赖于传统的实验手段,操作复杂,开发效率低,且集中于某几种基本类型,不能全面反映谷子的全基因组信息。因此,今后需要在全基因组水平上分析分子标记信息,加大分子标记的开发与利用。

另外,在研究中存在所用标记不同,实验结果也会出现差异的情况。例如,多数研究结果显示谷子遗传多样性丰富,然而马丽华^[33]则发现谷子栽培品种间遗传差异较小;杨天育等^[34-35]研究发现基于RAPD标记分析的遗传聚类群与生态类型有很大的一致性,这与王节之等^[36]的研究结论一致,但郝晓芬等^[37]利用SSR研究谷子的遗传多样性与不同生态地理类型的关系,却并未发现明显的相关性,可见单一分子标记的研究结果尚不能作为最终结论,在研究过程中,应尽量选择均匀分布在谷子整个基因组中的分子标记,并提高标记数目和选材的代表性,同时设计更加科学完备的试验方案,以保证研究结果的可靠度获得更加科学的实验结论。

3.2 分子标记辅助选择育种

分子标记辅助育种可以从2个方面入手开展,(1)开展谷子优良特性相关基因的研究,充分发掘并利用谷子的优异功能基因。然而,由于谷子分子标记研究起步较晚,许多重要农艺性状目的分子标记还没有找到或准确定位,因此,今后需要进行功能基因的精细定位,充分利用谷子优异资源,开展分子标记辅助选择育种,拓宽谷子的遗传基础;(2)通过谷子系谱分析及亲缘关系研究,为育种亲本选择提供参考借鉴,如选择具有某种特异性状的亲本做聚类分析,并选择聚类中的其他样本做亲本以使子代获得多种优势性状。

3.3 种质资源保护、开发和利用

谷子在我国栽培历史悠久,具有较丰富的种质资源,利用分子标记技术开展谷子遗传多样性研究,构建种质资源库,可以为我国特有的谷子种质资源的保护、开发和利用奠定基础。我国是世界谷子的起源中心,目前保存的种质资源约26500余份^[38],然而对其保存、评价和利用的分子研究仍相对落后^[39],在谷子野生资源方面的研究工作更是远远不够,野生资源长期的自然繁殖生长,形成了抗病、耐旱、抗逆性强等栽培品种少有的或没有的有利基因,因此,应充分利用分子标记的技术优势,通过构建谷子的核心种质资源库,尽快完善我国谷子资源特别是野生种质资源的保护体系是尤为重要的^[40-42]。

谷子基因组小且与禾本科作物有着很高的共线性,而分子标记具有通用性强的优势,因此,可以将谷子的分子标记应用于其他禾本科作物(如高粱、燕麦、珍珠粟等)的遗传研究^[43-45]。虽然谷子分子标记的研究起步较晚,但水稻和玉米等作物的研究经验和谷子本身适合基因组研究的特点必将有助于加速其研究的进程^[46]。随着谷子全基因组测序的完成,分子标记技术必会助力谷子相关研究的大力发展,提高我国科学研究的水平,加快谷子品种选育的进程,从而真正确立我国谷子遗传育种在世界上的优势地位。

参考文献

- [1] 翟凤林. 作物品质育种[M]. 北京: 农业出版社, 1998.
ZHAI FL. Crop quality breeding [M]. Beijing: Agriculture Press, 1998.
- [2] 阮成江, 何祯祥, 钦佩. 中国植物遗传连锁图谱构建研究进展[J]. 西北植物学报, 2002, 22(6): 1526-1536.
RUAN CJ, HE ZX, QIN P. Research progress in the construction of plant genetic linkage map in China [J]. Northwestern J Botany, 2002, 22(6): 1526-1536.

- [3] 方宣钧, 吴为人, 唐纪良. 作物 DNA 标记辅助育种[M]. 北京: 科学出版社, 2001.
FANG XJ, WU WR, TANG JL. Crop DNA marker assisted breeding [M]. Beijing: Science Press, 2001.
- [4] 贾继增. 分子标记种质资源鉴定和分子标记育种[J]. 中国农业科学, 1995, 29(4): 1-10.
JIA JZ. Identification of molecular marker germplasm resources and molecular marker breeding [J]. Chin Agric Sci, 1995, 29(4): 1-10.
- [5] 何风华. DNA 分子标记及其在植物遗传育种上的应用[J]. 生物学教学, 2004, 29(1): 8-10.
HE FH. DNA molecular markers and their applications in plant genetics and breeding [J]. Biol Teach, 2004, 29(1): 8-10.
- [6] 白建荣, 郭秀荣, 侯变英. 分子标记的类型、特点及在育种中的应用[J]. 山西农业科学, 1999, 27(4): 33-38.
BAI JR, GUO XR, HOU BY. Types, characteristics and applications of molecular markers in breeding [J]. Shanxi Agric Sci, 1999, 27(4): 33-38.
- [7] 王艳红, 王辉, 李志恒, 等. 分子标记在我国野生稻种质资源研究中的应用[J]. 干旱地区农业研究, 2002, 20(3): 93-95.
WANG YH, WANG H, LI ZH, *et al.* Application of molecular markers in the research of wild rice germplasm resources in my country [J]. Agric Res Arid Areas, 2002, 20(3): 93-95.
- [8] 杨天育, 沈裕琥, 黄相国, 等. 用 A-PAGE 鉴定谷子遗传多样性[J]. 作物学报, 2005, 1: 131-133.
YANG TY, SHEN YH, HUANG XG, *et al.* Using A-PAGE to identify the genetic diversity of millet [J]. Acta Agronom Sin, 2005, 1: 131-133.
- [9] WANG ZM, DEVOS KM, LIU CJ, *et al.* Construction of RFLP-based maps of foxtail millet [J]. Theor Appl Genet, 1998, 96: 31-36.
- [10] JIA XP, ZHANG ZB, LIU YH, *et al.* Development and genetic mapping of SSR markers in foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) [J]. Theor Appl Genet, 2009, 118: 821-829.
- [11] 杨坤. 谷子 SSR 标记连锁图谱构建及几个主要性状 QTL 分析[D]. 保定: 河北农业大学, 2008.
YANG K. Construction of SSR marker linkage map of millet and QTL analysis of several main traits [D]. Baoding: Hebei Agricultural University, 2008.
- [12] 牛玉红, 黎裕, 石云素, 等. 谷子抗除草剂“拿捕净”基因的 AFLP 标记[J]. 作物学报, 2002, 28(3): 359-362.
NIU YH, LI Y, SHI YS, *et al.* The AFLP marker of the herbicide-resistant "Natujing" gene of millet [J]. Acta Agronom Sin, 2002, 28(3): 359-362.
- [13] 郝晓芬, 王志民, 王根全, 等. SSR 方法标记谷子光敏雄性不育基因[J]. 华北农学报, 2011, 26(5): 112-116.
HAO XF, WANG ZM, WANG GQ, *et al.* SSR method to label millet photosensitive male sterility genes [J]. J North China Agric, 2011, 26(5): 112-116.
- [14] 翁巧云. 谷子抗锈基因 RUS 分子标记和抗病相关基因的克隆与分析[D]. 保定: 河北农业大学, 2009.
WENG QY. Cloning and analysis of RUS molecular markers and disease resistance related genes of millet rust resistance gene [D]. Baoding: Hebei Agricultural University, 2009.
- [15] 杜晓芬, 王军, 李云飞, 等. 谷子分蘖相关 QTL 定位及紧密连锁标记开发[J]. 华北农学报, 2018, 33(6): 33-41.
DU XF, WANG J, LI YF, *et al.* QTL mapping related to millet tiller and development of tightly linked markers [J]. J North China Agric, 2018, 33(6): 33-41.
- [16] 欧良喜, 向旭, 狄凤香, 等. SSR 分子标记在荔枝上的研究进展[J]. 生物技术通报, 2009, 3(S1): 83-87.
OU LIX, XIANG X, DI FX, *et al.* Research progress of SSR molecular markers on litchi [J]. Biotechnol Bull, 2009, 3(S1): 83-87.
- [17] 杨天育, 窦全文, 沈裕琥, 等. 应用 RAPD 标记研究不同生态区谷子品种的遗传差异[J]. 西北植物学报, 2003, 23(5): 765-770.
YANG TY, DOU QW, SHEN YH, *et al.* Using RAPD markers to study the genetic differences of millet varieties in different ecological regions [J]. Northwestern J Botany, 2003, 23(5): 765-770.
- [18] 黎裕, 王雅儒, 贾继增, 等. 利用 RAPD 标记鉴定谷子基因型和遗传关系[M]. 北京: 中国农业出版社, 1998.
LI Y, WANG YR, JIA JZ, *et al.* Using RAPD markers to identify millet genotypes and genetic relationships [M]. Beijing: China Agriculture Press, 1998.
- [19] 相金英, 王志民. 谷子的品种鉴定与 RFLP[J]. 邯郸农业大学学报, 1999, 16(2): 1-2.
XIANG JY, WANG ZM. Variety identification and RFLP of millet [J]. J Handan Agric Univ, 1999, 16(2): 1-2.
- [20] MIERRY, ENNEQUIN, O PANAUD, *et al.* Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild relative *S. viridis* using AFLP markers [J]. Theor Appl Genet, 2000, 100: 1061-1066.
- [21] 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.
ZHU XH, ZHANG YH, SONG YC, *et al.* Research on the genetic diversity of millet based on SSR markers [J]. J Plant Genet Res, 2010, 11(6): 698-702.
- [22] WANG CF, JIA GQ, ZHI H, *et al.* Genetic diversity and population structure of chinese foxtail millet [*Setaria italica* (L.) Beauv.] landraces [J]. G3: Genes Genom Genet, 2012, 2: 769-777.
- [23] LIU ZL, BAI GH, ZHANG DD, *et al.* Genetic diversity and population structure of elite foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] germplasm in China [J]. Crop Sci, 2011, 51: 1655-1663.
- [24] 王志民, 刘春吉, 王润奇, 等. 用 gFM31 探针进行谷子品种的指纹分析[J]. 遗传学报, 1996, 23(3): 228-233.

- WANG ZM, LIU CJ, WANG RQ, *et al.* Fingerprint analysis of millet varieties with gFM31 probe [J]. *Acta Genet* 1996, 23(3): 228–233.
- [25] KAJAL K, MEHANATHAN M, GOPAL M. Development of eSSR-markers in *setaria italic* and their applicability in studying genetic diversity, cross-transferability and comparative mapping in millet and non-millet species [J]. *PLoS One*, 2013, 8(6): 65–79.
- [26] GARIMA P, GOPAL M, KAJAL K. Genome-wide development and use of microsatellite marker for large-scale genotyping applications in foxtail millet [*Setaria italic* (L.)] [J]. *DNA Res*, 2013, (20): 197–207.
- [27] 贾小平, 谭贤杰, 李永祥, 等. 用标记研究谷子品种的遗传多样性[J]. *江苏农业大学学报*, 2009, 31(4): 633–638.
- JIA XP, TAN XJ, LI YX, *et al.* Using markers to study the genetic diversity of millet varieties [J]. *J Jiangsu Agric Univ*, 2009, 31(4): 633–638.
- [28] 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.
- YANG TY, MU P, SUN WC, *et al.* SSR analysis of the genetic differences of millet varieties in the northern plateau of China [J]. *Northwestern J Botany*, 2010, 30(9): 1786–1791.
- [29] 刘树兵, 王洪刚, 孔令让, 等. 高等植物的遗传图谱[J]. *山东农业大学学报*, 1999, 30(1): 74–78.
- LIU SB, WANG HG, KONG LR, *et al.* Genetic map of higher plants [J]. *J Shandong Agric Univ*, 1999, 30(1): 74–78.
- [30] DEVOS KM, WANG ZM, BEALES CJ, *et al.* Comparative genetic maps of foxtail millet (*Setaria italic*) and rice (*Oryza sativa*) [J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 96: 63–68.
- [31] DEVOS KM, PITTAWAY S, GALE R. Comparative mapping reveals a complex relationship between the pearl millet genome and those of foxtail millet and rice [J]. *Theor Appl Genet*, 2000, 100: 190–198.
- [32] 黎裕, 王雅儒. 谷子及其近缘种的蛋白质变异[J]. *作物品种资源*, 1998, 2: 10–11.
- LI Y, WANG YR. The protein variation of millet and its relatives [J]. *Crop Variety Res*, 1998, 2: 10–11.
- [33] 马丽华. 应用5'锚定PCR开发谷子微卫星标记[D]. 石家庄: 河北师范大学, 2008.
- MA LH. Application of 5' anchored PCR to develop millet microsatellite markers [D]. Shijiazhuang: Hebei Normal University, 2008.
- [34] 杨天育, 窦全文, 沈裕琥, 等. 应用RAPD标记研究不同生态区谷子品种的遗传差异[J]. *西北植物学报*, 2003, 23(5): 765–770.
- YANG TY, DOU QW, SHEN YH, *et al.* Using RAPD markers to study the genetic differences of millet varieties in different ecological regions [J]. *Northwestern J Botany*, 2003, 23(5): 765–770.
- [35] 杨天育, 黄相国, 何继红, 等. 谷子遗传资源多样性研究进展[J]. *西北农业学报*, 2003, 12(1): 43–47.
- YANG TY, HUANG XG, HE JH, *et al.* Research progress on the diversity of millet genetic resources [J]. *Northwest Agric J*, 2003, 12(1): 43–47.
- [36] 王节之, 郝晓芬, 王根全, 等. 谷子种质资源分子标记的多态性研究[J]. *生物技术*, 2006, 16(1): 10–14.
- WANG JZ, HAO XF, WANG GQ, *et al.* Study on the polymorphism of molecular markers of millet germplasm resources [J]. *Biotechnology*, 2006, 16(1): 10–14.
- [37] 郝晓芬, 王节之, 王璐英, 等. SSR标记分析谷子遗传多样性[J]. *山西农业科学*, 2005, 33(4): 29–31.
- HAO XF, WANG JZ, WANG LY, *et al.* SSR marker analysis of millet genetic diversity [J]. *Shanxi Agric Sci*, 2005, 33(4): 29–31.
- [38] 董玉琛, 曹永生. 粮食作物种质资源的品种特性及其利用[J]. *中国农业科学*, 2003, 36(1): 111–114.
- DONG YC, CAO YS. Variety characteristics and utilization of grain crop germplasm resources [J]. *China Agric Sci*, 2003, 36(1): 111–114.
- [39] 肖复明, 熊彩云, 刘江毅, 等. 分子标记技术与物种多样性保护[J]. *江西林业科技*, 2002, 1: 25–27.
- XIAO FM, XIONG CY, LIU JY, *et al.* Molecular marker technology and species diversity protection [J]. *Jiangxi Forestry Sci Technol*, 2002, 1: 25–27.
- [40] 孙加梅, 王雪梅, 王东建, 等. 谷子种质资源遗传多样性研究[J]. *山东农业科学*, 2013, 45(3): 33–37, 60.
- SUN JM, WANG XM, WANG DJ, *et al.* Research on genetic diversity of millet germplasm resources [J]. *Shandong Agric Sci*, 2013, 45(3): 33–37, 60.
- [41] 沈琰, 王颖, 张东杰, 等. 黑龙江省和吉林省谷子品种遗传多样性分析[J]. *东北农业科学*, 2016, 41(3): 8–13.
- SHEN Y, WANG Y, ZHANG DJ, *et al.* Genetic diversity analysis of millet varieties in Heilongjiang and Jilin provinces [J]. *Northeast Agric Sci*, 2016, 41(3): 8–13.
- [42] 王海岗, 贾冠清, 智慧, 等. 谷子核心种质表型遗传多样分析及综合评价[J]. *作物学报*, 2016, 42(1): 19–30.
- WANG HG, JIA GQ, ZHI H, *et al.* Genetic diversity analysis and comprehensive evaluation of the core collection of millet [J]. *Acta Agronom Sin*, 2016, 42(1): 19–30.
- [43] KIM EJ, SA KJ, PARK KC, *et al.* Study of genetic diversity and relationships among accessions of foxtail millet (*Setaria italic* (L.)P. Beauv.) in Korea, China, and Pakistan using SSR markers [J]. *Genes Genom*, 2012, 34(5): 529–538.
- [44] 李鑫磊. 谷子种质资源农艺性状综合鉴定与评价[D]. 晋中: 山西农业大学, 2018.
- LI XL. Comprehensive identification and evaluation of agronomic traits of millet germplasm resources [D]. Jinzhong: Shanxi Agricultural University, 2018.

(责任编辑: 韩晓红)

[45] 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.

TIAN BH. Study on the genetic diversity of millet landraces and bred varieties [J]. J Plant Genet Res, 2010, 11(2): 224–228.

[46] 麻慧芳, 杨成元, 史关燕, 等. 我国谷子种质资源保存研究综述[J]. 甘肃农业科学, 2015, 3: 57–60.

MA HF, YANG CY, SHI GY, *et al.* A review of research on the conservation of millet germplasm resources in my country [J]. Gansu Agric Sci, 2015, 3: 57–60.

作者简介



刘程宏, 硕士, 主要研究方向为植物生理与生物技术。

E-mail: 421781004@qq.com

“茶学研究”专题征稿函

茶叶源于中国, 与咖啡、可可并称为世界三大饮料。茶叶可鲜食, 也可以加工精制备用, 具有降压、提神等多种保健功能, 且含有多种有机化学成分和无机矿物元素。国内外对茶叶市场需求稳定增长, 我国的茶产业增长潜力巨大, 茶已成为社会生活中不可缺少的健康饮品和精神饮品。

鉴于此, 本刊特别策划了“茶学研究”专题, 主要围绕茶叶的贮藏保鲜、精深加工、品质评价、生物化学和功能性成分、香气成分分析、污染物分析检测、茶树生长代谢、茶叶资源的质量标准化等方面展开论述和研究, 综述及研究论文均可。

鉴于您在该领域丰富的研究经历和突出的学术造诣, 本刊主编吴永宁研究员特别邀请您为本专题撰写稿件, 综述、研究论文、研究简报均可, 以期进一步提升该专题的学术质量和影响力。

本专题计划在 2021 年 3 月出版, 请在 2021 年 1 月 30 日前通过网站或 E-mail 投稿。我们将快速处理并经审稿合格后优先发表。

希望您能够通过各种途径宣传此专题, 并积极为本专题推荐稿件和约稿对象。

同时, 希望您能够推荐该领域的相关专家并提供电话和 E-mail。

感谢您的参与和支持!

投稿方式:

网站: www.chinafoodj.com(注明茶学研究专题)

E-mail: jfoodsq@126.com(注明茶学研究专题)

《食品安全质量检测学报》编辑部