

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.01296

## 利用 RIL 群体创造抗黄曲霉兼抗青枯病的高油花生新种质

廖伯寿 雷 永 李 栋 王圣玉 黄家权 任小平 姜慧芳 晏立英

中国农业科学院油料作物研究所 / 农业部油料作物生物学重点开放实验室, 湖北武汉 430062

**摘 要:** 协同提高抗青枯病花生品种的黄曲霉抗性及其含油量是我国花生育种的重要目标之一。利用远杂 9102×中花 5 号杂交后代衍生的重组近交系群体(RIL), 通过黄曲霉抗性、青枯病抗性鉴定及含油量测试, 表明黄曲霉抗性受 2 对连锁并具累加作用主基因+加性多基因控制, 含油量受 2 对具抑制作用主基因+加性多基因控制, RIL 群体的黄曲霉抗性和含油量变异远远超过双亲的差异, 表明它们均具有通过互补产生超亲性状的潜力。获得了抗黄曲霉或抗青枯病的高油后代家系 18 份, 其中抗黄曲霉兼抗青枯病高油新种质 1 份(J091)。农艺性状和 SSR 分析结果表明, 18 份后代材料具丰富的遗传多样性, 农艺性状优良, 具有重要育种价值。

**关键词:** 花生种质; 抗黄曲霉; 抗青枯病; 高含油量; RIL 群体

## Novel High Oil Germplasm with Resistance to *Aspergillus flavus* and Bacterial Wilt Developed from Recombinant Inbred Lines

LIAO Bo-Shou, LEI Yong, LI Dong, WANG Sheng-Yu, HUANG Jia-Quan, REN Xiao-Ping, JIANG Hui-Fang, and YAN Li-Ying

Oil Crops Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences / Key Laboratory of Oil Crop Biology, Ministry of Agriculture, Wuhan 430062, China

**Abstract:** One of the important goals for peanut breeding in China is to enhance the resistance to aflatoxin accumulation and bacterial wilt (*Ralstonia solanacearum*) as well as to increase the oil content. In the present study, recombinant inbred lines were constructed with the offspring derived from Yuanza 9120 × Zhonghua 5. Yuanza 9120 with moderate oil content has high resistance to bacterial wilt but no resistance to aflatoxin accumulation; Zhonghua 5 is high yielding, high susceptible to bacterial wilt and not resistant to aflatoxin accumulation. Resistances to aflatoxining and bacterial wilt were identified in F<sub>7-10</sub> as well as the oil content and agronomic traits of lines were investigated. The results indicated that resistance to *Aspergillus flavus* was controlled accumulatively by two linked main genes and other additive genes, and oil content was controlled by two inhibitory main genes as well as other additive genes. There were significant difference for bacterial wilt resistance, resistance to *Aspergillus flavus* and oil content between the offspring and parents which presented heterobeltiosis. Eighteen high oil content lines with resistance to *Aspergillus flavus* or bacterial wilt were obtained, one (J091) of which was resistant both to *Aspergillus flavus* and bacterial wilt. Analysis of agronomic traits and SSR data indicated that 18 lines were considerably diverse and may be used as potential breeding materials.

**Keywords:** Peanut germplasm; Resistance to *Aspergillus flavus*; Bacterial wilt resistance; High oil content; Recombined inbred lines

提高花生产量(包括提高产量和提高抗病性)和产油量是我国花生产业发展的重要方向。然而, 生产上应用的花生品种尤其在青枯病(*Ralstonia solanacearum*)疫区应用的抗性品种含油量低, 不抗黄曲霉是花生生产发展的严重障碍<sup>[1]</sup>。虽然我国的抗青枯病育种取得了很大成绩, 但抗黄曲霉和提高含油量育种徘徊不前, 生产上应用的抗黄曲霉和高油品种

很少<sup>[1]</sup>。造成这种局面的主要原因是抗黄曲霉种质较少<sup>[2-4]</sup>, 仅有的几份抗性材料如 J11、PI337394F、PI337409 等农艺性状差, 对青枯病的抗性弱、籽粒小、产量潜力低、含油量偏低<sup>[5-10]</sup>, 因此, 在育种中的利用效率低, 甚至尚未被有效利用。虽然我国发掘出了大批抗青枯病种质, 但其含油量低, 黄曲霉抗性和农艺性状差<sup>[2-4]</sup>。可见, 青枯病和黄曲霉抗性

本研究由国家自然科学基金项目(30270840, 30571132), 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA10A115), 国家科技支撑计划(2006BAD13B05-2, 2006BAD01A04), 国家科技基础条件平台项目(2005DKA21002-13)和农业部作物种质资源保护项目(NB08-2130135-36)资助。

第一作者联系方式: E-mail: lboshou@hotmail.com

Received(收稿日期): 2010-01-26; Accepted(接受日期): 2010-04-18.

与含油量的矛盾影响了抗黄曲霉育种和对抗青枯病品种其他重要性状的改良<sup>[11-14]</sup>。因此,国内外均迫切需要优良的抗黄曲霉兼抗青枯病的高油花生新种质。创造具有多个优良性状的抗青枯病或抗黄曲霉新种质是扩大花生抗黄曲霉或抗青枯病育种遗传基础的重要途径。本文探索利用重组近交系群体创造兼抗黄曲霉和青枯病的高油优良材料,以期对花生突破性育种奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

远杂 9102 来源于河南省农业科学院,系白沙 1016×*Arachis chacoense* 的远缘杂种后代,属珍珠豆型,平均含油量 53.13%,高抗青枯病,不抗黄曲霉;中花 5 号由中国农业科学院油料作物研究所培育,系中花 1 号×鄂花 4 号杂交后代,珍珠豆型,含油量 57.07%,高产但高感青枯病,不抗黄曲霉。由远杂 9102×中花 5 号杂交组合产生重组近交系 116 个。

### 1.2 重组近交系群体的构建

配制远杂 9102×中花 5 号组合, F<sub>1</sub> 代按组合种植,每个 F<sub>2</sub> 植株按单粒传法处理,在 F<sub>5</sub> 代按家系混合收获, F<sub>6</sub> 代扩繁种子并观察家系内部的纯合情况, F<sub>7</sub>~F<sub>10</sub> 代家系进行黄曲霉抗性和青枯病抗性鉴定、含油量分析和各种农艺性状调查。

### 1.3 黄曲霉菌接种及毒素检测

2008—2009 年连续 2 年选取成熟饱满、种皮完整的种子用 75%酒精表面消毒 3 min,在超净工作台用无菌水漂洗 3 次,使种子含水量恢复到约 20%,接种黄曲霉菌孢子悬浮液。黄曲霉菌株为本实验室筛选的强产毒菌株 AF2202,每毫升含 4×10<sup>6</sup> 孢子,接种后振荡使菌液均匀分布于种子表面,每品种接种 40 粒,重复 3 次。置 25℃生长箱中培养 7 d 后,用甲醇提取全部接种种子的黄曲霉毒素,用荧光分光光度计(Perkin Elmer LS55)检测毒素含量<sup>[15]</sup>。以中花 6 号为抗黄曲霉对照, R1549 为感黄曲霉对照。

### 1.4 青枯病抗性鉴定

2006—2008 年连续 3 年于湖北红安花生青枯病圃,按“七五”至“十五”国家科技攻关执行标准调查,以群体植株成活率(%)为青枯病抗性的鉴定指标<sup>[16]</sup>。以高抗品种中花 6 号为抗病对照,高感品种鄂花 4 号为感病对照,3 次重复。

### 1.5 含油量分析

2008—2009 年于中国农业科学院油料作物研究

所实验农场种植 RIL 家系及亲本,含油量在农业部油料及制品质量监督检验检测中心,按 GB/T 14488.1-93 测试。

### 1.6 主要农艺性状鉴定

2008—2009 年连续 2 年于中国农业科学院油料作物研究所试验农场种植材料,按 ICRISAT 与 IPGRI 制定的 Descriptors for Groundnut 描述标准取样和调查。调查的性状包括主茎高、总分枝数、百果重等。

### 1.7 SSR 分析

选取花生健壮幼叶,采用 CTAB 法提取基因组 DNA。用国际半干旱研究所(ICRISAT)生物技术实验室提供的 SSR 引物序列由上海生工生物工程技术有限公司或北京奥科公司合成引物,按本实验室建立的优化体系进行 PCR 扩增。用 6%变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离扩增产物,银染显色,电脑扫描。

### 1.8 统计分析

用 Microsoft Excel 软件分析含油量、黄曲霉和青枯病抗性等性状差异显著性,参照章元明等<sup>[17-19]</sup>的方法分析遗传特性,用最长距离法聚类分析<sup>[20]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 RIL 群体的黄曲霉产毒抗性

通过接种培养及毒素检测结果的统计分析,抗产毒对照中花 6 号的平均毒素含量为 2 537 μg kg<sup>-1</sup>,感病对照 R1549 的平均毒素含量为 23 632 μg kg<sup>-1</sup>, RIL 群体的毒素含量 3 394~50 576 μg kg<sup>-1</sup>,毒素含量范围远远超过 2 个亲本间的差异(2 个亲本分别为 10 401 μg kg<sup>-1</sup> 和 16 368 μg kg<sup>-1</sup>),平均毒素含量 12 396 μg kg<sup>-1</sup>。毒素含量低于 5 000 μg kg<sup>-1</sup> 的有 16 个家系,5 000~10 000 μg kg<sup>-1</sup> 的 44 个,10 000~15 000 μg kg<sup>-1</sup> 的 20 个,15 000~20 000 μg kg<sup>-1</sup> 的 19 个,20 000~25 000 μg kg<sup>-1</sup> 的 13 个,25 000~30 000 μg kg<sup>-1</sup> 的 2 个,大于 30 000 μg kg<sup>-1</sup> 的 3 个,高于中花 5 号(16 368 μg kg<sup>-1</sup>)的 31 个,低于远杂 9102 (10 401 μg kg<sup>-1</sup>)的 60 个。可见,利用亲本遗传背景的差异和互补性,通过杂交和 RIL 群体的构建能创造出抗黄曲霉产毒的优良后代材料。上述检测数据表明,本研究创造出 16 份抗黄曲霉产毒种质,其毒素含量均低于 5 000 μg kg<sup>-1</sup>。

利用 Microsoft Excel 软件对 RIL 群体的黄曲霉产毒抗性进行差异显著性检验,结果表明, RIL 家系间差异达显著水平( $F=1.41$ ,  $F_{0.05}=1.28$ ),年份和重复间

差异均不显著( $F_{\text{年份}}=2.53$ ,  $F_{0.05}=3.86$ ;  $F_{\text{重复}}=2.44$ ,  $F_{0.05}=3.02$ )。利用植物数量性状主基因与多基因混合遗传模型<sup>[17-19]</sup>分析  $P_1$ 、 $P_2$  及 RIL 群体的黄曲霉产毒抗性的遗传属性, 结果表明, 花生黄曲霉产毒抗性符合 E-2-6 模型, 为 2 对连锁并具累加作用主基因+加性多基因控制。

## 2.2 RIL 群体的青枯病抗性

通过 RIL 群体的青枯病抗性鉴定结果表明, 所涉及材料的青枯病抗性为 10.2%~99.6%, 平均 56.3%。抗性低于 20% 的有 13 个家系, 20%~40% 的 32 个, 40%~60% 的 31 个, 60%~80% 的 11 个, 80%~100% 的 30 个。低于感病亲本中花 5 号(27.3%)的 23 个, 高于抗病亲本远杂 9102 (92.5%) 的 11 个。可见, 通过杂交和 RIL 群体的构建能创造出青枯病抗性比亲本更抗的优良后代材料。在青枯病抗性达 80% 以上的 30 个家系中, 有 J035、J091、J096 和 J098 共 4 个家系抗黄曲霉。

通过 Microsoft Excel 软件对 RIL 群体的青枯病抗性进行显著性检验, 家系间存在极显著差异( $F=1.50$ ,  $F_{0.05}=1.42$ ), 年份和重复间差异均不明显( $F_{\text{年份}}=1.98$ ,  $F_{0.05}=3.86$ ;  $F_{\text{重复}}=2.35$ ,  $F_{0.05}=3.02$ )。利用植物数量性状主基因与多基因混合遗传模型<sup>[17-19]</sup>分析  $P_1$ 、 $P_2$  及 RIL 群体的黄曲霉抗性遗传属性, 结果表明, 花生黄曲霉产毒抗性符合 E-1-0 模型, 为 2 对加性-上位性主基因+加性-上位性多基因控制, 与前期研究结果<sup>[21]</sup>一致。

## 2.3 RIL 群体的含油量分布

RIL 群体的含油量分析结果表明, 平均含油量 56.0%, 变异范围 50.8%~62.1%, 含油量低于低油亲本远杂 9102(53.13%)的家系有 8 个, 占 6.8%, 高于高油亲本(57.1%)的 32 个, 占 27.3%。含油量达 58%~60% 的 12 个, 大于 60% 的 3 个, 最高含油量达 62.1% (J064), 比高油亲本中花 5 号高 5 个百分点以上。这些结果与早期分析结果<sup>[21]</sup>一致, 也与黄曲霉抗性鉴定结果相似, 利用亲本遗传背景的差异和互补性, 通过杂交和 RIL 群体的构建能创造出高含油量的优良后代材料。在含油量达 58% 以上的 15 个家系中, 有 5 个家系抗青枯病, 包括 J008、J028、J051、J091 和 J111; 3 个家系抗黄曲霉产毒, 包括 J076、J085 和 J091。

差异显著性检验结果表明, 重复间差异不明显( $F=2.35$ ,  $F_{0.05}=3.02$ ), 家系和年份间显著差异( $F_{\text{家系}}=1.31$ ,  $F_{0.05}=1.28$ ;  $F_{\text{年份}}=4.03$ ,  $F_{0.05}=3.86$ )。相关分

析表明两年的含油量显著相关( $r=0.9103$ )。利用植物数量性状主基因与多基因混合遗传模型<sup>[17-19]</sup>分析  $P_1$ 、 $P_2$  及 RIL 群体的黄曲霉抗性遗传属性, 结果表明, 花生黄曲霉产毒抗性符合 E-1-9 模型, 为 2 对具抑制作用主基因+加性多基因控制。

## 2.4 抗黄曲霉兼抗青枯病高油种质的创造

综合分析 RIL 群体的黄曲霉产毒和青枯病抗性鉴定结果以及含油量分析结果, 本研究通过重组近交系群体的构建及各种主要性状的鉴定, 创造获得了抗黄曲霉或抗青枯病的高油后代 18 份(表 1), 其中抗黄曲霉兼抗青枯病种质 4 份, 包括 J035、J091、J096 和 J098; 抗黄曲霉高油种质 6 份, 抗青枯病高油种质 10 份, 抗黄曲霉兼抗青枯病的高油种质 1 份 J091。18 份优良材料的平均含油量 57.7%, 变异范围 54.5%~61.3%; 青枯病抗性 72.9%, 变异范围 21.1%~98.8%; 接种条件下的黄曲霉毒素含量  $8\ 558\ \mu\text{g kg}^{-1}$ , 变异范围  $3\ 394\sim23\ 662\ \mu\text{g kg}^{-1}$ 。其中, J091 在接种强产毒菌株条件下, 平均黄曲霉毒素含量只有  $3\ 394\ \mu\text{g kg}^{-1}$ , 青枯病抗性 82.5%, 含油量 59.1%, 是创造获得的抗黄曲霉且高抗青枯病的高油花生新种质。另外, J098 和 J035 也是比较优良的种质, J098 的平均黄曲霉毒素含量只有  $3\ 622\ \mu\text{g kg}^{-1}$ , 青枯病抗性 97.5%, 含油量 56.4%; J035 的平均黄曲霉毒素含量只有  $3\ 512\ \mu\text{g kg}^{-1}$ , 青枯病抗性 83.4%, 含油量 55.4%。

通过对 18 份优良后代材料农艺性状的考察, 其主茎高 22.7 cm, 变异范围 16.5~29.5 cm, 总分枝数平均 6.6 条, 变异范围 4.0~9.2 条, 百果重 184.5 g, 变异范围 154.4~234.4 g, 其中, 百果重达 180 g 以上的材料 11 份, 200 g 以上的 4 份, 其中, 抗黄曲霉兼抗青枯病的高油花生新种质 J091 的百果重达 226.3 g, J098 的百果重达 203.6 g, J035 的百果重为 179.6 g。这些结果表明, 18 份优良后代材料的农艺性状优良, 植株较矮, 分枝数适中, 荚果大, 含油量较高, 均在 54% 以上。

## 2.5 抗黄曲霉和抗青枯病的高油种质遗传多样性

通过 10 对 SSR 多态性引物(15C12、16G08、18C05、2A06、2F05、2G03、2G04、7G02、7H06 和 2D12B)的分析, 所获得的 18 份抗病高油种质存在丰富的遗传多样性, 但均没有超过亲本间的差异。两两种质之间的平均遗传距离为 0.47, 最小距离为 0.05, 表现在 2 份抗黄曲霉高油种质即 J074 与 J076 之间, 高油抗青枯病的 J013 与抗黄曲霉兼抗青

表 1 抗黄曲霉兼抗青枯病的高油花生种质  
Table 1 High oil peanut lines with resistance to aflatoxin accumulation or bacterial wilt

材料名称 Genotype	AFT 含量 AFT content ( $\mu\text{g kg}^{-1}$ )	含油量 Oil content (%)	株高 Plant height (cm)	总分枝数 Total branches	百果重 100-seed weight (g)	青枯病抗性 Bacterial wilt resistance (%)
J007	7753	57.62	22.4	5.3	165.5	90.2
J008	15005	58.33	17.6	7.0	184.6	81.5
J013	22951	57.81	21.5	6.9	167.9	87.3
J028	23662	58.07	16.5	7.1	154.4	98.8
J035	3512	55.41	27.0	5.5	179.6	83.4
J038	12088	57.05	22.0	4.0	171.7	82.6
J050	6466	57.90	17.7	4.7	202.5	90.4
J051	6399	58.06	29.0	7.3	197.1	81.3
J053	4650	57.41	27.5	8.7	183.4	21.1
J061	8746	57.38	29.5	7.7	234.4	82.8
J074	4618	57.43	27.0	9.2	167.5	35.8
J076	4841	59.31	17.5	6.5	192.9	59.1
J078	4605	57.46	25.2	7.0	182.8	25.7
J085	4372	61.34	20.4	5.8	158.9	33.3
J091	3394	59.08	19.3	6.0	226.3	82.5
J096	4732	54.54	25.5	8.2	158.8	84.2
J098	3633	56.42	18.8	5.3	203.6	97.5
J111	12621	58.46	25.0	6.5	189.6	96.0
中花 5 号 Zhonghua 5	16368	57.07	45.0	7.5	190.5	27.3
远杂 9102 Yuanza 9102	10401	53.13	35.0	8.0	167.0	92.5

AFT: 黄曲霉毒素。AFT: aflatoxin.

枯病的高油种质 J091 之间的距离最大(0.89), 亲本之间的遗传距离为 1。与中花 5 号最相似的是高油抗青枯病种质 J008, 遗传距离为 0.20, 与远杂 9102 最相似的是抗黄曲霉兼抗青枯病种质 J096, 遗传距离为 0.11。聚类分析结果表明, 18 份材料及其亲本分为 A 组和 B 组。A 组包括 8 份后代材料和亲本远杂 9102, 其中抗黄曲霉材料 5 份, 抗黄曲霉兼抗青枯病材料 2 份, 抗黄曲霉高油种质 3 份, 抗青枯病高油种质 3 份。B 组包括 10 份后代材料和亲本中花 5 号, 其中抗青枯病材料 8 份, 抗青枯病兼抗黄曲霉材料 2 份, 抗黄曲霉高油种质 2 份, 抗青枯病高油种质 6 份, 抗黄曲霉兼抗青枯病的高油种质 1 份。应用相关软件分析结果表明, 在所涉及的 10 对 SSR 引物扩增产品中, 除 7G02/150-190 与青枯病抗性有关外, 还未鉴定出与黄曲霉产毒抗性和含油量等性状相关的标记片段。

3 讨论

本研究表明通过抗青枯病种质与高产品种的杂交和重组近交系群体(RIL)的构建并在遗传稳定的

RIL 群体中鉴定和检测黄曲霉抗性和含油量是创造抗青枯病兼抗黄曲霉高油种质的有效途径。

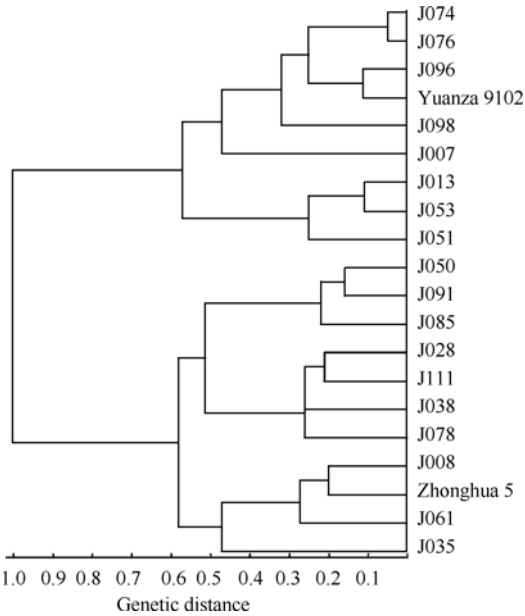


图 1 基于 SSR 标记的 18 份抗黄曲霉兼抗青枯病的高油品系聚类图

Fig. 1 Dendrogram of 18 high oil lines with resistance to aflatoxin accumulation or bacterial wilt based on SSR markers

花生黄曲霉抗性鉴定及含油量分析均需要较多的种子材料,并且过去黄曲霉毒素定量测定的技术难度较大和费用较高<sup>[15]</sup>,抗性鉴定和含油量检测难以在低世代群体中开展,在很大程度上限制了花生黄曲霉抗性和含油量的系统研究。本研究解决了长期以来困扰花生黄曲霉抗性和含油量遗传研究的技术难题。根据实验结果,从后代群体青枯病抗性、黄曲霉抗性和含油量的分布以及遗传统计分析,明确了花生这些重要性状的遗传特性,其中,青枯病抗性遗传分析结果与以前的分析结果<sup>[21]</sup>一致。花生黄曲霉抗性受 2 对连锁并具累加作用主基因+加性多基因控制,含油量受 2 对具抑制作用主基因+加性多基因控制。在花生含油量的遗传分析方面,禹山林等<sup>[23]</sup>认为含油量受 2 对加性-显性-上位性主基因+显性多基因控制。陈四龙等<sup>[24]</sup>认为不同杂交组合中含油量的遗传特征不同,在所涉及的 2 个组合中,1 个组合的含油量受 1 对加性-显性主基因+加性-显性-上位多基因控制,另一组合为多基因控制,不存在主基因。可见,花生含油量遗传基础复杂,不同研究者利用不同材料获得的研究结果不同。另外,在本研究中,对 RIL 群体的黄曲霉抗性和含油量均分离出超亲类型,如 J035、J091、J098 等家系的毒素含量远远低于毒素含量相对较少的亲本,含油量超过高油亲本的家系 32 个。这些结果都表明,两亲本相关控制基因的不同或存在等位点的差异,通过累加效应产生了超亲类型,由于黄曲霉抗性和含油量除受主基因控制外,还受加性效应基因控制,均能稳定遗传给后代,可以显著提高花生黄曲霉抗性和含油量水平。这为花生黄曲霉抗性和含油量的遗传改良提供了一条新的途径。

对优良种质材料进行遗传多样性分析,是种质资源有效利用的基础。通过 SSR 分析,18 份优良后代材料存在一定的遗传多样性,具多种优良性状的抗黄曲霉兼抗青枯病材料 J091 与双亲中花 5 号和远杂 9102 均存在一定的差异,遗传距离分别为 0.53 和 0.47。J091 与高油抗青枯病的 J013 和高油抗黄曲霉的 J053 的遗传距离较远,分别为 0.89 和 0.79,与高油抗青枯病的 J050 和高油抗黄曲霉的 J085 的遗传距离较近,分别为 0.16 和 0.22。这些研究结果为优良种质有针对性的选择利用奠定了基础。

#### 4 结论

通过花生抗青枯病品种与高油品种的杂交和重

组近交系群体的构建,及对后代群体进行黄曲霉和青枯病抗性鉴定及含油量测试,创造了抗黄曲霉兼抗青枯病的高油花生新种质。

#### References

- [1] Yu S-L(禹山林). Peanut Varieties and Their Pedigree in China (中国花生品种及其系谱). Shanghai: Shanghai Scientific and Technical Publishers, 2003 (in Chinese)
- [2] Jiang H-F(姜慧芳), Wang S-Y(王圣玉), Ren X-P(任小平). Reaction of groundnut germplasm to *Aspergillus flavus* invasion. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2002, 24(1): 23–25 (in Chinese with English abstract)
- [3] Jiang H-F(姜慧芳), Ren X-P(任小平), Wang S-Y(王圣玉). Evaluation for resistance to invasion and aflatoxin contamination caused by *Aspergillus flavus* in groundnut. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2005, 27(3): 21–25 (in Chinese with English abstract)
- [4] Jiang H-F(姜慧芳), Ren X-P(任小平), Wang S-Y(王圣玉), Liao B-S(廖伯寿). Durability of resistance to *Aspergillus flavus* infection and effect of intact testa without injury on aflatoxin production in peanut. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2006, 32(6): 851–855 (in Chinese with English abstract)
- [5] Mehan V K, McDonald D. Research on the aflatoxin problem in groundnut at ICRISAT. *Plant Soil*, 1984, 79: 255–260
- [6] Mehan V K, McDonald D, Rasagopalan K. Resistance of peanut genotypes to seed infection by *Aspergillus flavus* in field trials in India. *Peanut Sci*, 1987, 14: 17–21
- [7] Mehan V K, McDonald D, Haravu L J, Jayanthi S. The groundnut aflatoxin problem: review and literature database. Patancheru, India: ICRISAT Press, 1991
- [8] Mixon A C. Peanut accessions resistance to seed infection by *Aspergillus flavus*. *Agron J*, 1973, 65: 560–562
- [9] Mixon A C. Reducing *Aspergillus* species infection of peanut seed using resistant genotypes. *J Environ Qual*, 1986, 15: 101–103
- [10] Xiao D-R(肖达人), Wang S-Y(王圣玉), Qu Z(瞿桢). Progress on aflatoxin contamination of peanut. *Peanut Sci Tech* (花生科技), 1999, 28(suppl): 124–129 (in Chinese)
- [11] Liang X-Q(梁炫强), Pan R-Z(潘瑞炽), Bin J-H(宾金华). Progress on mechanism of resistance to *Aspergillus* infection in peanut. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2000, 22(3): 77–80 (in Chinese with English abstract)
- [12] Liang X-Q(梁炫强), Pan R-Z(潘瑞炽), Bin J-H(宾金华). Factors related to preharvest resistance to *Aspergillus* infection in peanut. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2000, 22(4): 67–70 (in Chinese with English abstract)
- [13] Lei Y(雷永), Liao B-S(廖伯寿), Wang S-Y(王圣玉), Li D(李栋), Jiang H-F(姜慧芳). Identification of AFLP markers for resistance to seed infection by *Aspergillus flavus* in peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(10): 1349–1353 (in Chinese with English abstract)

- [14] Xue H Q, Isleib T G. Comparison of aflatoxin production in normal- and high-oleic backcross-derived peanut lines. *Plant Dis*, 2003, 87: 1360–1365
- [15] Xiao D-R(肖达人), Wang S-Y(王圣玉), Zhang H-L(张洪玲). Rapid identifying method for resistance to aflatoxin production in peanut. *Chin Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 1999, 21(3): 72–76 (in Chinese with English abstract)
- [16] Jiang H-F(姜慧芳), Duan N-X(段乃雄). Descriptors and Data Standard for Peanut (*Arachis* spp.). Beijing: China Agriculture Press, 2006. pp 11–36 (in Chinese)
- [17] Zhang Y-M(章元明), Gai J-Y(盖钧铭). Identification of mixed major genes and polygenes inheritance model of quantitative traits by using DH or RIL population. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2000, 27(7): 634–640 (in Chinese with English abstract)
- [18] Zhang Y-M(章元明), Gai J-Y(盖钧铭), Wang Y-J(王永军). An expansion of joint segregation analysis of quantitative trait for using  $P_1$ ,  $P_2$  and DH or RIL populations. *Hereditas* (遗传), 2001, 23(5): 467–470 (in Chinese with English abstract)
- [19] Gai J-Y(盖钧铭), Zhang Y-M(章元明), Wang J-K(王健康). Genetic System of Quantitative Traits in Plants (植物数量遗传体系). Beijing: Science Press, 2003. pp 96–168 (in Chinese)
- [20] Tang R-H(唐荣华), Zhuang W-J(庄伟建), Gao G-Q(高国庆), Han Z-Q(韩柱强), Zhong R-C(钟瑞春), He L-Q(贺梁琼), Zhou C-Q(周翠球). Simple sequence repeats polymorphism among accessions of var. *vulgaris* Harz in *Arachis hypogaea* L. *Chin J Oil Crops Sci* (中国油料作物学报), 2004, 26(2): 20–26 (in Chinese with English abstract)
- [21] Liao B-S(廖伯寿), Duan N-X(段乃雄), Tan Y-J(谈宇俊), Tang G-Y(唐桂英), Li D(李栋), Jiang H-F(姜慧芳). Genetic studies on resistance to bacterial wilt in dragon groundnut: I. Genetic nature and combining abilities. *Chin J Oil Crops Sci* (中国油料), 1994, 16(4): 4–8 (in Chinese with English abstract)
- [22] Liao B-S(廖伯寿), Lei Y(雷永), Wang S-Y(王圣玉), Li D(李栋), Huang J-Q(黄家权), Jiang H-F(姜慧芳), Ren X-P(任小平). Genetic diversity of peanut RILs and enhancement for high oil genotypes. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(6): 999–1004 (in Chinese with English abstract)
- [23] Yu S-L(禹山林), Yang Q-L(杨庆利), Pan L-J(潘丽娟), Bo W-N(薄文娜). Genetic analysis for oil content of peanut seeds. *J Plant Genet Resour* (植物遗传资源学报), 2009, 10(3): 453–456 (in Chinese with English abstract)
- [24] Chen S-L(陈四龙), Li Y-R(李玉荣), Cheng Z-S(程增书), Liao B-S(廖伯寿), Lei Y(雷永), Liu J-S(刘吉生). Heterosis and genetic analysis of oil content in peanut using mixed model of major gene and polygene. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2009, 42(9): 3048–3057 (in Chinese with English abstract)

## 欢迎订阅 2011 年《植物遗传资源学报》

《植物遗传资源学报》是中国农业科学院作物科学研究所和中国农学会主办的学术期刊, 为全国中文核心期刊、中国科技核心期刊、全国优秀农业期刊。该刊为中国科技论文统计源期刊、中国科学引文数据库来源期刊(核心期刊)、中国核心期刊(遴选)数据库收录期刊、中国学术期刊综合评价数据库统计源期刊, 又被《中国生物学文摘》和中国生物文献数据库、中文科技期刊数据库收录。据《中国期刊引证报告(扩刊版)》2009年版统计, 2008年度《植物遗传资源学报》影响因子达1.015, 5年影响因子1.317。

报道内容为大田、园艺作物, 观赏、药用植物, 林用植物、草类植物及其一切经济植物的有关植物遗传资源基础理论研究、应用研究方面的研究成果、创新性学术论文和高水平综述或评论。诸如, 种质资源的考察、收集、保存、评价、利用、创新, 信息学、管理学等; 起源、演化、分类等系统学; 基因发掘、鉴定、克隆、基因文库建立、遗传多样性研究。

双月刊, 大 16 开本, 128 页。定价 20 元, 全年 120 元。各地邮局发行, 邮发代号: 82-643。国内刊号 CN 11-4996/S, 国际统一刊号 ISSN 1672-1810。

本刊编辑部常年办理订阅手续, 如需邮挂每期另加 3 元。

地址: 北京市中关村南大街 12 号 中国农业科学院《植物遗传资源学报》编辑部

邮编: 100081 电话: 010-82105794; 010-82105796(兼传真)

网址: <http://www.zwyczy.cn> E-mail: [zwyczyxb2003@163.com](mailto:zwyczyxb2003@163.com); [zwyczyxb2003@sina.com](mailto:zwyczyxb2003@sina.com)