

杜帅斌,李媛,向小华,等.基于SNP标记的80份雪茄烟叶种质资源遗传多样性分析[J].山西农业科学,2025,53(5):76-83.
DU S B, LI Y, XIANG X H, et al. Genetic diversity analysis of 80 cigar tobacco germplasm resources based on SNP markers[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2025, 53(5):76-83.

doi:10.26942/j.cnki.issn.1002-2481.2025.05.09

基于SNP标记的80份雪茄烟叶种质资源 遗传多样性分析

杜帅斌^{1,2},李媛²,向小华¹,焦芳婵³,夏长剑¹,陈德鑫¹,
郭栋¹,颜统晶¹,梁滢玥¹,吕洪坤¹

(1.中国烟草总公司海南省公司海口雪茄研究所,海南海口 571100;2.中国农业科学院烟草研究所,
山东青岛 266101;3.云南省烟草农业科学研究院,云南昆明 650021)

摘要:为了满足我国雪茄烟叶生产需求,海南、云南、四川等雪茄烟叶主产区积极引进国外雪茄烟叶品种进行试种,通过分析国外引进品种的遗传多样性对于去除重复引进种质和优良雪茄烟叶种质资源的高效利用具有重要意义。利用1.5K mGPS液相芯片对80份雪茄烟叶种质资源进行了全基因组基因型检测,一共得到1 212个高质量的SNP位点。通过计算多态性指标发现,最小等位基因频率(MAF)的变化范围为0.05~0.50,平均值为0.19;多态性信息含量(PIC)的变化范围为0.090 5~0.375 0,平均值为0.23;杂合率大于2%的有18份,大于5%的有3份,80份雪茄烟叶种质资源间的位点遗传多样性较低。通过Admixture软件分析80份雪茄烟叶种质资源的遗传组分和群体结构,将供试材料分成7个亚群,7个亚群之间基因交流不频繁,群内遗传背景单一,少部分材料具有混合的遗传背景。利用plink软件计算IBS遗传距离,通过精准鉴定,去除3份重复种质并准确区分其余相似种质。

关键词:SNP分子标记;雪茄烟叶;种质资源;邻接法;Admixture、plink软件;遗传多样性

中图分类号:S572 **文献标识码:**A **文章编号:**1002-2481(2025)05-0076-08

Genetic Diversity Analysis of 80 Cigar Tobacco Germplasm Resources Based on SNP Markers

DU Shuaibin^{1,2}, LI Yuan², XIANG Xiaohua¹, JIAO Fangchan³, XIA Changjian¹,
CHEN Dexin¹, GUO Dong¹, YAN Tongjing¹, LIANG Yingyue¹, LÜ Hongkun¹

(1.Haikou Cigar Research Institute, Hainan Provincial Branch of China National Tobacco Corporation, Haikou 571100,
China; 2.Institute of Tobacco Research, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Qingdao 266101, China;
3.Yunnan Academy of Tobacco Agricultural Sciences, Kunming 650021, China)

Abstract: In order to meet the demand of cigar tobacco production in China, Hainan, Yunnan, Sichuan, and other cigar tobacco producing areas actively introduce foreign cigar tobacco varieties for trial planting. The analysis of genetic diversity of imported varieties is of great significance for the removal of repeated imported germplasm and the efficient utilization of fine cigar tobacco germplasm resources. In this study, a total of 1 212 high quality SNP loci were obtained from 80 cigar tobacco germplasm resources by using 1.5K mGPS liquid chip to conduct whole genome genotype testing. By calculation of polymorphism indexes, it was found that the minimum allele frequency(MAF) ranged from 0.05 to 0.50, and the mean value was 0.19. The polymorphism information content(PIC) ranged from 0.090 5 to 0.375 0, and the mean value was 0.23. There were 18 samples with HET greater than 2% and 3 samples with HET greater than 5%. The genetic diversity of loci among 80 cigar tobacco germplasm resources was low. Admixture software was used to analyze the genetic components and population

收稿日期:2024-11-20

基金项目:海南省自然科学基金企业人才项目(324QY576);中国烟草总公司重大科技项目(110202101058(XJ-07))

作者简介:杜帅斌,在读硕士,研究方向:雪茄遗传育种,E-mail:1469186643@qq.com

通信作者:吕洪坤,高级农艺师,博士,主要从事雪茄遗传育种研究,E-mail:hongkunlv@163.com

structure of 80 cigar germplasm resources. The results showed that it was most appropriate to divide the tested materials into 7 subgroups. The gene exchange among the 7 groups was not frequent, the genetic background within the 7 groups was single, and a few materials had mixed genetic background. Additionally, plink software was used to calculate IBS genetic distance, and 3 repeated germplasm were removed by precise identification and the other similar germplasm were accurately distinguished.

Keywords: SNP molecular marker; cigar tobacco; germplasm resources; NJ; Admixture plink software; genetic diversity

雪茄烟是一种特殊的烟草制品,风味丰富复杂,能够给人带来浓郁且多层次的味觉和嗅觉体验,深受广大消费者喜爱^[1]。烟叶的优劣是构成雪茄质量好坏的核心,而品种则决定了雪茄烟叶质量,一个优异品种才能最终获得优质的雪茄^[2]。世界上拥有丰富雪茄烟叶种质资源的国家有美国、印度尼西亚、古巴、尼加拉瓜、多米尼加及巴西等,其生产技术高、原材料丰富,雪茄产业发达;而我国的茄衣和茄芯质量水平较低,无法满足工业和消费者的需求^[3]。从国外不同地方引入的雪茄烟叶种质资源可能会出现引入了相同品种,但在不同的引入机构中命名却不同的问题。因此,在利用雪茄烟叶种质资源上存在盲目性,阻碍了良种的选育及推广^[4]。为此,有必要利用分子标记技术准确研究国外优良雪茄烟叶种质资源的遗传背景及遗传多样性,避免盲目选种。

分子标记技术推动着作物育种的迅速发展,有许多作物都利用分子标记技术研究其遗传多样性。相比于限制性内切酶片段长度多态性(RFLP)、随机扩增多态性DNA标记(RAPD)、扩增片段长度多态性(AFLP)、简单重复序列标记(SSR)、简单重复序列间扩增(ISSR)等传统第一、第二代分子标记技术,单核苷酸多态性(SNP)标记具有分布广泛、容易检测、稳定性优良等诸多优点。SNP分子标记近年来广泛参与到种质资源遗传多样性分析和品种鉴别的研究中^[5],基因芯片是

一种高通量SNP分析方法^[6]。伴随着测序技术的发展,测序技术与分子标记技术相结合的方法已经在植物中得到广泛应用。例如,利用SNP位点开发的液相芯片可以快速且高效地进行遗传多样性分析,极大地缩短了分析的时间,同时加快了育种进程^[7]。龙晓波等^[8]通过水稻50K液相基因芯片对红米材料遗传多样性进行解析,发现其遗传多样性水平较低。张剑锋等^[9]运用SNP芯片技术对烟草材料展开遗传多样性研究,发现主栽烟草品种之间的亲缘关系相对较近。

本研究采用华智生物技术有限公司1.5K mGPS液相芯片检测技术对国外引进的80份雪茄烟叶种质资源进行了亲缘关系以及遗传多样性分析,旨在为优良雪茄烟叶种质资源的高效利用提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料共80份,其中来自古巴的材料55份、美国9份、印度尼西亚5份、多米尼加3份、巴西2份、尼加拉瓜2份、西班牙2份、英国1份、法国1份,由中国烟草总公司海口雪茄研究所提供。同名异种的材料用字母区分,同一材料出现分离后代对单株进行遗传分析,并用数字进行区分,所用材料总共80份(表1)。

表1 80份雪茄烟叶种质资源
Tab.1 80 cigar tobacco germplasm resources

编号 ID	名称 Name	产地 Origin	编号 ID	名称 Name	产地 Origin
10-3-1	Bolivian criollo black tobacco	古巴	2022C46-2	Dominica4hao	多米尼加
2022C33-1	Brazil3hao	巴西	11-13-1	Dominican republic olor	古巴
17-2-2	Connecticut 49 tobacco	美国	4-2-2	Florida sumatra	印度尼西亚
2022C39-4	Connecticut broadleaf A	美国	2022C24-1	GBX1	古巴
C105-18-2	Connecticut broadleaf B-1	美国	2022C01-2	Guyin3hao	古巴
C105-5-2	Connecticut broadleaf B-2	美国	2022C03-1	Guyin4hao	古巴
2-4-2	Connecticut broadleaf C	美国	2022C04-5	Guyin5hao	古巴
2022C40-3	Connecticut Shade A	美国	2022C27-2	Habana2012	古巴
2022C43-1	Connecticut Shade B	美国	9-2-2	Habano 2000	古巴

续表 1 80 份雪茄烟叶种质资源

Tab.1(Continued) 80 cigar tobacco germplasm resources

编号 ID	名称 Name	产地 Origin	编号 ID	名称 Name	产地 Origin
2022C32-2	Connecticut2hao	美国	2022C103-11	Habano 92-1	古巴
T2-5-2	Corojo	古巴	2022C103-2	Habano 92-2	古巴
2022C102-10	Corojo99 B-1	古巴	2022C103-6	Habano 92-3	古巴
2022C102-14	Corojo99 B-2	古巴	2022C101-2	Havana 2000-1	古巴
2022C102-2	Corojo99 B-3	古巴	2022C101-4	Havana 2000-2	古巴
2022C98-13	Corojo99 A-1	古巴	2022C41-1	Havana Connecticut	美国
2022C98-4	Corojo99 A-2	古巴	2022C20-4	HN-B1	古巴
2022C98-7	Corojo99 A-3	古巴	2022C21-4	HN-B2	古巴
13-1-1	Corojo99 C	古巴	2022C19-2	HN-C	古巴
T3-4-2	Criollo B	古巴	2022C18-1	HN-G	古巴
2022C25-2	Criollo A	古巴	2022C16-4	HN-W	古巴
C106-13-2	Criollo2016-1	古巴	2022C36-1	Indonesia bosuji	印度尼西亚
C106-2-2	Criollo2016-2	古巴	2022C35-3	Indonesia lhao	印度尼西亚
C104-1-2	Criollo98 B-1	古巴	27-2-1	Lancaster leaf	英国
C104-15-2	Criollo98 B-2	古巴	22-12-2	Negro black tobacco	古巴
C104-4-1	Criollo98 B-3	古巴	2022C13-1	Nicaragua short leaf-1	尼加拉瓜
3-11-1	Criollo98 C-1	古巴	2022C14-2	Nicaragua short leaf-2	尼加拉瓜
3-13-1	Criollo98 C-2	古巴	23-12-1	Paris wrapper	法国
3-14-2	Criollo98 C-3	古巴	2022C99-3	Pelo de oro	古巴
3-3-2	Criollo98 C-4	古巴	16-3-2	Pergeu brazil tobacco	巴西
2022C97-13	Criollo98 A-1	古巴	12-4-1	Piloto cubano	古巴
2022C97-6	Criollo98 A-2	古巴	2022C100-4	San vicente-1	西班牙
2022C34-1	Cuba2hao	古巴	2022C100-5	San vicente-2	西班牙
2022C06-2	Cuba4hao	古巴	2022C29-2	SD-2-S	古巴
2022C07-1	Cuba5hao	古巴	2022C28-1	SD-2-W	古巴
2022C09-1	Cuba7hao	古巴	2022C30-2	SD-6	古巴
2022C10-1	Cuba8hao-1	古巴	2022C26-2	SD-7	古巴
2022C10-2	Cuba8hao-2	古巴	2022C38-3	Sumatra deli-1	印度尼西亚
2022C11-1	Cuba9hao-1	古巴	2022C38-5	Sumatra deli-2	印度尼西亚
2022C11-3	Cuba9hao-2	古巴	28-11-2	Tobacco madole	多米尼加
2022C12-1	Dominica long leaf	多米尼加	15-2-1	Tobacco vuelta abajo	古巴

1.2 试验方法

全部材料于 2022 年 12 月种植于海口雪茄研究所屯昌试验基地,每份材料种植 100 株,小区面积为 50 m²,常规水肥管理,待中心花开放时取样。如果一份材料在田间表现出不同的农艺性状,则每种类型取 1 个单株的叶片。

1.3 基因型鉴定

在烟株生长到中心花开放时取样,利用 CTAB 法^[10]提取 DNA 并完成质量检测。然后通过 1.5K mGPS 液相芯片进行基因型检测,通过 Illumina 测序仪进行测序。首先获取符合要求的质控测序数

据:MAF 不得低于 0.05,miss 不得超过 0.2,然后利用 Burrows-wheeler aligner 进行序列对比^[11],最后通过突变分析软件 Genome analysis toolkit 获取 SNP 位点基因型^[12],筛选 Indel 和 SNP 标记。

1.4 遗传多样性分析

通过计算多态性信息含量(PIC)、位点的杂合率(Het)以及最小等位基因频率(MAF)等多个多态性指标,对 SNP 位点的遗传多样性水平展开分析。

1.5 群体结构和亲缘关系分析

通过 Admixture 软件对 SNP 标记数据进行分析,获取 80 份雪茄烟叶种质资源的群体结构^[13],确

定准确合适的亚群数(K值)。然后通过plink软件进行遗传距离计算^[14],最后利用邻接法(Neighbor-joining, NJ)对雪茄烟叶种质资源进行聚类分析,获取亲缘关系聚类图。

2 结果与分析

2.1 80份雪茄烟叶种质资源的SNP基因型

利用华智雪茄烟叶1.5K mGPS液相芯片对80份雪茄烟叶种质资源进行检测,一共得到1 662个SNPs。通过质控过滤保留高质量的SNP位点,最终得到1 212个高质量的SNP位点。获得的SNP位点在每条染色体上的分布个数为32~75个,其中SNP位点在5号染色体上分布最多。各染色体上标记间物理距离为2 459 579~5 052 476 bp,平均物理距离为3 381 020 bp(表2)。这些SNP位点可以用于雪茄烟叶的遗传背景以及遗传多样性分析。

表2 各染色体的SNP标记数量及分布

Tab.2 Number and distribution of SNP markers on each chromosome

染色体 CHR	单核苷酸多态性标记 SNPs	平均距离/bp Average distance
Chr1	66	3 737 371
Chr2	66	3 451 369
Chr3	72	3 129 793
Chr4	52	4 159 797
Chr5	75	2 859 893
Chr6	49	3 871 328
Chr7	61	3 051 859
Chr8	57	3 210 673
Chr9	52	3 409 151
Chr10	51	3 367 000
Chr11	43	3 932 632
Chr12	47	3 537 646
Chr13	49	3 391 757
Chr14	32	5 052 476
Chr15	56	2 783 532
Chr16	63	2 459 579
Chr17	37	3 911 638
Chr18	47	3 005 388
Chr19	50	2 691 138
Chr20	35	3 839 882
Chr21	41	3 076 773
Chr22	36	3 246 007
Chr23	39	2 900 959
Chr24	36	3 066 844

2.2 80份雪茄烟叶种质资源的遗传多样性

2.2.1 全基因组SNP位点多态性 通过计算多个多态性指标对1 212个高质量SNP位点的多态性水平进行分析,发现最小等位基因频率变化范围是0.05~0.50,平均值是0.19,其中包含880个(72.6%)最小等位基因频率大于0.10的SNP位点(图1);对雪茄烟叶24条染色体多态性信息含量分布规律分析发现,多态性信息含量的变化范围是0.090 5~0.375 0,平均值是0.23,其中包含568个(46.9%)多态性信息含量>0.25的中高多态性位点(图2)。通过对雪茄烟叶种质资源纯合度进行分析(图3),发现其纯合度高,杂合率大于2%的有18份(1.4%),杂合率大于5%的有3份(0.2%)。上述结果说明,80份雪茄烟叶种质资源间的位点遗传多样性较低。

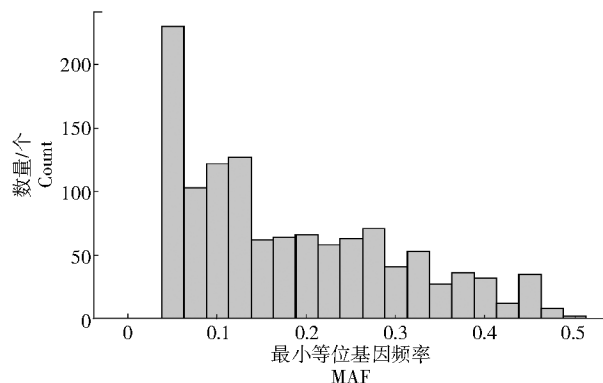


图1 分子标记最小等位基因频率(MAF)

Fig.1 Molecular marker minimum allele frequency (MAF)

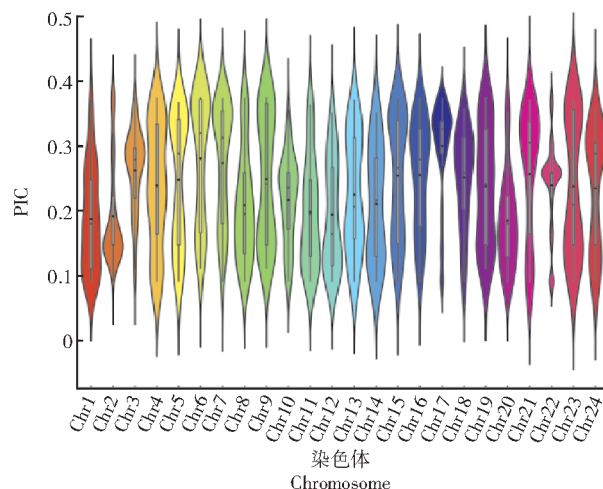


图2 多态性信息含量(PIC)分布

Fig.2 Polymorphism information content (PIC) distribution

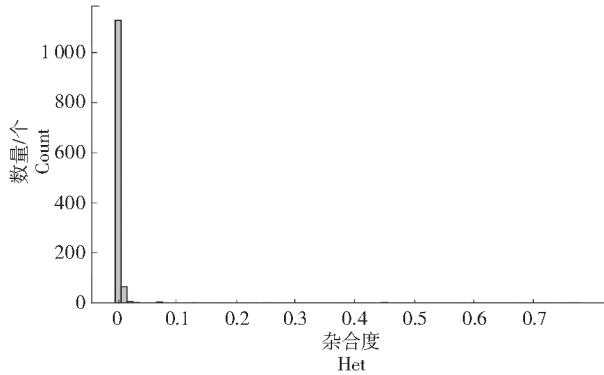


图3 80份雪茄烟叶种质资源的杂合率分布

Fig.3 Heterozygous rate distribution of 80 cigar tobacco germplasm resources

2.2.2 种质资源间遗传距离 根据1212个SNP位点计算样本间的IBS遗传距离,其变化范围是0~0.7086,平均值是0.2857。遗传距离小于0.2的个数为1158个,占总体个数的36.6%;0.2~0.6的个数有1966个,占总体个数的62.2%;0.6以上的个数有36个,占总体个数的1.1%(图4)。其中,古巴品种9-2-2(Habano 2000)与法国品种23-12-1(Paris wrapper)之间的遗传距离为0.7086,遗传距离在80份雪茄烟叶种质资源中最远,说明古巴品种Habano 2000与法国品种Paris wrapper属于不同的烟草亚种。2022C10-2(Cuba8hao-2)和2022C11-1(Cuba9hao-1)、2022C16-4(HN-W)和2022C26-2(SD-7)、2009-2-2(Habano 2000)和15-2-1(Tobacco vuelta abajo)的遗传距离均为0,说明材料间的差异位点个数是0,将上述材料判定为疑同材料。上述结果显示,在80份雪茄烟叶种质资源里,大部分材料的遗传距离较近,遗传差异并不显著。

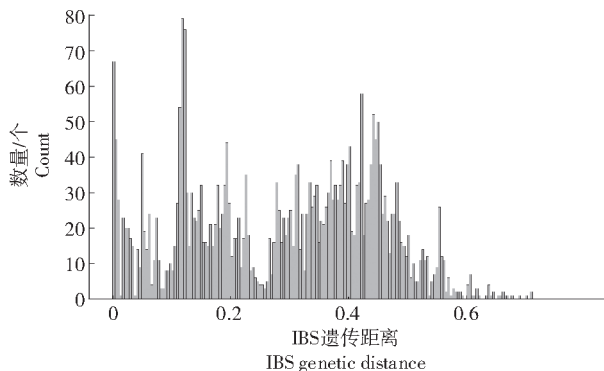


图4 80份雪茄烟叶种质资源的IBS遗传距离分布

Fig.4 IBS genetic distance distribution of 80 cigar tobacco germplasm resources

2.3 80份雪茄烟叶种质资源的遗传结构

2.3.1 群体结构 通过Admixture软件对80份雪茄烟叶种质资源的群体结构和遗传组分进行分析,发现当K值=7时,交叉验证错误率(CV值)最小。所以,80份雪茄烟叶种质资源划分为7个亚群最为适宜(图5)。依据群体结构图可知(图6),其中部分亚群样本的遗传组成单一,仅有少部分材料的遗传组分具有多个来源,这说明了类群之间的基因交流较少,而材料之间存在一定程度的基因交流。

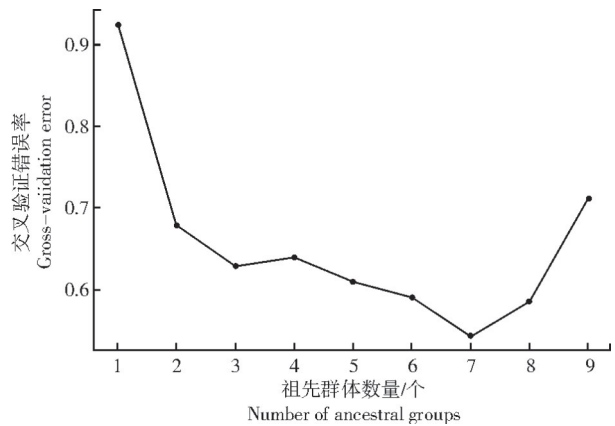


图5 80份雪茄烟叶种质资源交叉验证错误率折线

Fig.5 Cross verification error rate line chart of 80 cigar tobacco germplasm resources

7个亚群一共有46份种质资源遗传背景纯合度较高,其中,第1亚群(深蓝色)3个(HN-B2、SD-2-W、GBX1);第2亚群(浅紫色)8个(Corojo99 C、HN-W、HN-B1、Criollo A、SD-7、Habana2012、SD-2-S、SD-6);第3亚群(红色)4个(Connecticut broadleaf A、Negro black tobacco、Paris wrapper、Tobacco madole);第4亚群(绿色)4个(Corojo99 B-3、Habano 92-2、Habano 92-3、Connecticut broadleaf B-2);第5亚群(黄色)15个(Guyin3hao、Guyin4hao、Guyin5hao、Cuba4hao、Cuba5hao、Cuba7hao、Cuba8hao-1、Cuba8hao-2、Havana 2000-2、Cuba9hao-1、Cuba9hao-2、Dominica long leaf、Criollo98 A-2、Corojo99 A-1、Corojo99 A-2);第6亚群(橙色)6个(San vicente-1、Sumatra deli-1、Sumatra deli-2、Connecticut Shade B、San vicente-2、Lancaster leaf);第7亚群(紫色)6个(Havana 2000-1、HN-G、Corojo99 A-3、Criollo98 C-2、Corojo99 B-2、Criollo98 A-1),另外34份种质资源的遗传组分较为复杂。

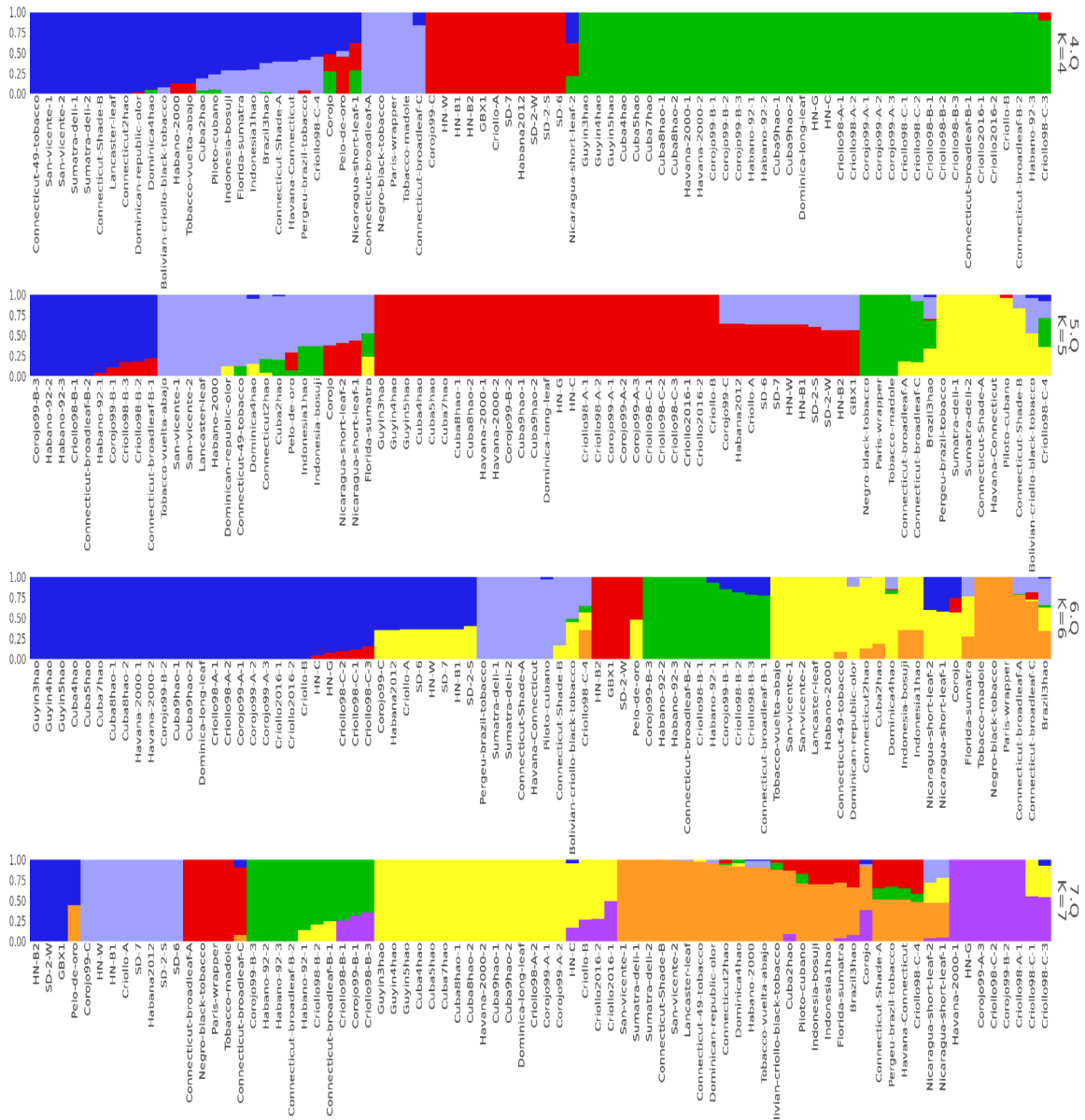


图 6 基于不同亚群数的 80 份雪茄烟叶种质资源群体结构分析
 Fig.6 Population structure analysis of 80 cigar tobacco leaf germplasm resources based on different subgroup numbers

2.3.2 亲缘关系 根据 1 212 个高质量 SNP 位点, 通过 plink 软件计算 IBS 遗传距离。通过构建聚类树 (图 7) 发现, 80 份雪茄烟叶种质资源除了 2022C10-2 和 2022C11-1, 2022C16-4 和 2022C26-2、2009-2-2 和 2015-2-1 可能是异名同种外, 还有大量近似的材料, 例如, 2022C01-2 (Guyin3hao) 和 2022C09-1 (Cuba7hao)、2022C10-1 (Cuba8hao-1) 和 2022C11-3 (Cuba9hao-2)、2022C21-4 (HN-B2) 和 2022C24-1 (GBX1)、2022C21-4 (HN-B2) 和 2022C28-1 (SD-2-W)、2022C24-1 (GBX1) 和

2022C28-1 (SD-2-W)、2022C40-3 (Connecticut Shade A) 和 2022C41-1 (Havana Connecticut)、2022C04-5 (Guyin5hao) 和 2022C97-6 (Criollo98 A-2) 遗传距离均为 0.000 4, 趋近于 0, 种质资源间相似度极高。SNP 标记能够准确区分相同以及相似种质, 而且可以将同一种质不同类型的单株划分到不同的群里, 结果表明, 这些同一种质的不同类型单株属于不同种质, 说明其中的部分种质出现严重混杂, 在利用种质资源时需要格外注意。

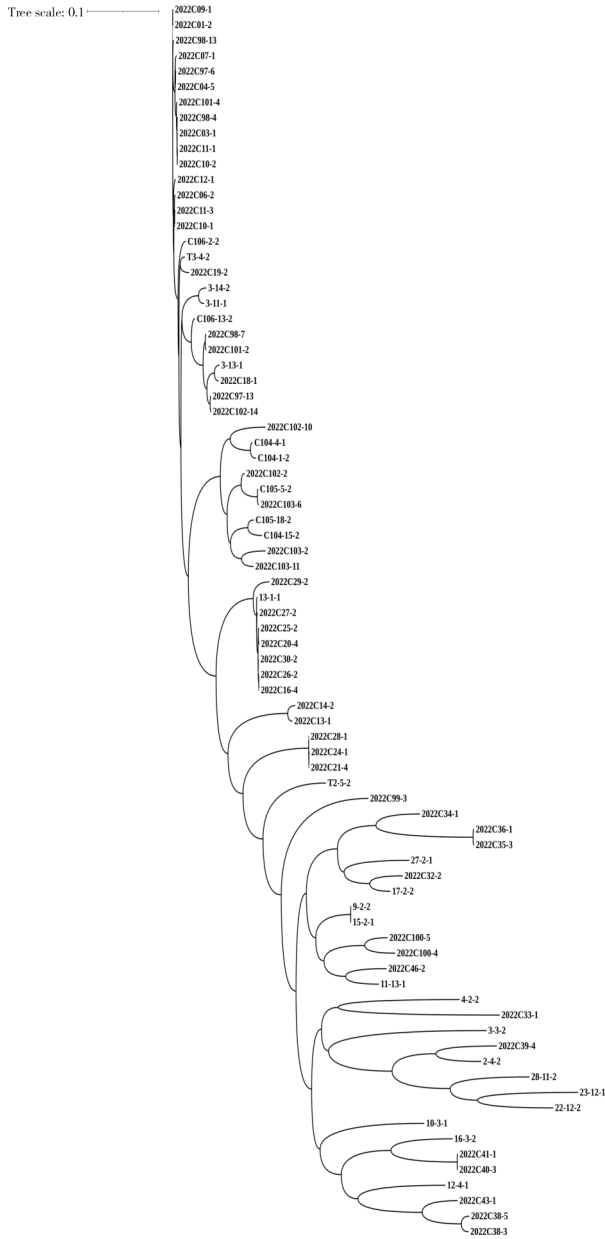


图 7 80 份雪茄烟叶种质资源的聚类
Fig.7 Cluster diagram of 80 cigar tobacco germplasm resources

3 结论与讨论

我国烟草种质资源十分丰富,但国内雪茄烟叶优良品种严重匮乏,引进国外优良品种是迅速实现良种化的重要途径^[15]。在种质创新、杂交亲本选择以及遗传改良时,了解品种间的遗传多样性与亲缘关系显得尤为重要。通过表型指标进行基因分型时,通常存在周期漫长、消耗多、操作繁琐以及准确度不高等问题,然而通过分子标记进行遗传多样性分析会更为准确和稳定^[16]。近年来,对

于遗传多样性的研究大多使用的是 SSR 分子标记法,如王琰琰等^[4]利用 SSR 分子标记进行遗传多样性分析,发现我国雪茄烟叶种质资源具有较高的遗传多样性,并利用 14 对核心引物构建了指纹图谱。向小华等^[17]利用 SSR 分子标记进行雪茄烟原料种质资源遗传多样性分析,筛选出 15 对核心引物并构建了供试材料的指纹图谱。张华述等^[18]采用农艺性状与 SSR 分子标记相结合的方式对雪茄烟叶种质进行遗传多样性分析,通过聚类分析将供试种质划分为 4 个类群,为品种溯源研究提供线索,从而促进四川雪茄烟叶种质资源的开发和利用。近年来,SNP 分子标记已经逐渐在植物亲缘关系和遗传多样性分析的研究中成为热点,其中基因芯片法是利用 SNP 进行基因分型的方法之一。程斌等^[19]利用 120K 液相芯片对 310 份小麦材料进行基因分型,揭示了我国部分育成小麦品种的遗传多样性差异,为种质的合理利用提供参考。本研究通过液相芯片对雪茄烟叶种质资源进行遗传多样性分析,发现 80 份雪茄烟叶种质资源的遗传多样性较低,SNP 标记能够准确区分遗传背景相同以及相近的种质资源,是首批成功借助 mGPS 液相芯片开展雪茄烟叶种质资源亲缘关系和遗传多样性分析。

目前,引进的雪茄烟叶品种大部分为古巴品种,与古巴亲缘关系较远的品种仅占少数^[20]。古巴雪茄烟叶品种抗病性好、易晾制等优点值得深入研究,可以通过深入挖掘相关基因对我国雪茄烟叶品种进行改良^[21]。另外,可以充分利用那些与古巴品种亲缘关系相对较远的品种,以此来有效地拓展亲本的遗传多样性,从而为进一步的品种改良和创新提供更多的可能性和丰富的遗传基础,丰富雪茄烟叶遗传背景。本研究发现,国外 80 份雪茄烟叶种质资源中,有 3 个被判定为疑同品种,还有大部分近似品种,品种相似度极高,可能是相同品种流入不同国家种植后,为了适应当地生长环境而发生了基因突变。去除重复种质后,共筛选到 77 份雪茄烟叶种质资源,可以将这些品种作为骨干亲本,有针对性地对我国现存的雪茄烟叶种质资源进行深度改良,致力于培育出具有自主知识产权的高品质优良雪茄烟叶品种,推动我国雪茄烟叶产业的发展,丰富我国雪茄烟叶种质资源库,生产出适合我国人民口味的雪茄烟,打造独属于我国自己的雪茄烟品牌。

参考文献:

- [1] 刘国顺. 烟草栽培学[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003: 294-299.
LIU G S. Tobacco cultivation[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2003: 294-299.
- [2] 吕洪坤, 向小华, 夏长剑, 等. 基于KASP标记的雪茄烟品种遗传多样性分析[J/OL]. 分子植物育种, 2024: 1-18[2025-09-07]. <https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20240325.1748.008>.
LÜ H K, XIANG X H, XIA C J, et al. Genetic diversity analysis of cigar variety based on KASP markers[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2024: 1-18[2025-09-07]. <https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20240325.1748.008>.
- [3] 许美玲, 贺晓辉, 宋玉川, 等. 76份雪茄烟资源鉴定评价[J]. 中国烟草学报, 2018, 24(5): 14-22.
XU M L, HE X H, SONG Y C, et al. Identification and comprehensive evaluation of 76 germplasms of cigar tobacco[J]. Acta Tabacaria Sinica, 2018, 24(5): 14-22.
- [4] 王琰琰, 王俊, 刘国祥, 等. 基于SSR标记的雪茄烟种质资源指纹图谱库的构建及遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2021, 47(7): 1259-1274.
WANG Y Y, WANG J, LIU G X, et al. Construction of SSR fingerprint database and genetic diversity analysis of cigar germplasm resources[J]. Acta Agronomica Sinica, 2021, 47(7): 1259-1274.
- [5] 杨金初, 童治军, 李萌, 等. 基于SNP标记的4个品种复烤烟叶鉴别研究[J]. 河南农业科学, 2023, 52(11): 174-180.
YANG J C, TONG Z J, LI M, et al. Discrimination of redried leaves of four tobacco varieties based on SNP markers[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2023, 52(11): 174-180.
- [6] 刘伟, 董娜, 田彦辉, 等. 单核苷酸多态性检测技术概述[J]. 生物学教学, 2020, 45(8): 6-9.
LIU W, DONG N, TIAN Y H, et al. A summary of the detection technique of single nucleotide polymorphism[J]. Biology Teaching, 2020, 45(8): 6-9.
- [7] 康旗帅, 闫梦苑, 袁伟格, 等. 89份西瓜种质资源表型鉴定和遗传多样性分析[J]. 中国瓜菜, 2024, 37(4): 14-26.
KANG Q S, YAN M Y, YUAN W G, et al. Phenotypic characterization and genetic diversity analysis of 89 watermelon germplasm resources[J]. China Cucurbits and Vegetables, 2024, 37(4): 14-26.
- [8] 龙晓波, 李为国, 叶昌荣, 等. 基于高密度SNP标记的云南元阳红米种质资源遗传多样性分析[J]. 杂交水稻, 2022, 37(4): 15-20.
LONG X B, LI W G, YE C R, et al. Genetic diversity analysis of Yunnan Yuanyang red rice genetic resources based on high density SNP markers[J]. Hybrid Rice, 2022, 37(4): 15-20.
- [9] 张剑锋, 罗朝鹏, 何声宝, 等. 应用SNP标记分析24份烟草品种的遗传多样性[J]. 烟草科技, 2017, 50(11): 1-8.
ZHANG J F, LUO Z P, HE S B, et al. Genetic diversities of 24 tobacco cultivars analyzed by SNP[J]. Tobacco Science & Technology, 2017, 50(11): 1-8.
- [10] 余世洲, 曹领改, 王世泽, 等. 烟草种质基因分型核心SNP标记的开发[J]. 生物技术通报, 2023, 39(3): 89-100.
YU S Z, CAO L G, WANG S Z, et al. Development core SNP markers for tobacco germplasm genotyping[J]. Biotechnology Bulletin, 2023, 39(3): 89-100.
- [11] LI H, DURBIN R. Fast and accurate short read alignment with burrows-wheeler transform[J]. Bioinformatics, 2009, 25(14): 1754-1760.
- [12] MCKENNA A, HANNA M, BANKS E, et al. The genome analysis toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data[J]. Genome Research, 2010, 20(9): 1297-1303.
- [13] ALEXANDER D H, NOVEMBRE J, LANGE K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals[J]. Genome Research, 2009, 19(9): 1655-1664.
- [14] PURCELL S, NEALE B, TODD-BROWN K, et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses[J]. The American Journal of Human Genetics, 2007, 81(3): 559-575.
- [15] 李爱军, 秦艳青, 代惠娟, 等. 国产雪茄烟叶科学发展刍议[J]. 中国烟草学报, 2012, 18(1): 112-114.
LI A J, QIN Y Q, DAI H J, et al. On scientific development of China's cigar leaf[J]. Acta Tabacaria Sinica, 2012, 18(1): 112-114.
- [16] 冯智尊, 杨雅斐, 王海岗, 等. 山西糜黍遗传差异评估及分子身份证构建[J]. 山西农业科学, 2023, 51(10): 1178-1188.
FENG Z Z, YANG Y F, WANG H G, et al. Assessment of genetic differences and construction of molecular identity cards of broomcorn millet in Shanxi[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2023, 51(10): 1178-1188.
- [17] 向小华, 刘国祥, 张兴伟, 等. 92份雪茄烟原料种质资源遗传多样性研究[J]. 中国烟草科学, 2021, 42(4): 9-16.
XIANG X H, LIU G X, ZHANG X W, et al. Genetic diversity analysis of 92 cigar germplasm resources[J]. Chinese Tobacco Science, 2021, 42(4): 9-16.
- [18] 张华述, 蒋勋, 张瑞娜, 等. 四川雪茄烟叶种质资源的遗传多样性分析[J]. 烟草科技, 2022, 55(2): 1-9.
ZHANG H S, JIANG X, ZHANG R N, et al. Genetic diversity analysis of cigar tobacco germplasm resources in Sichuan[J]. Tobacco Science & Technology, 2022, 55(2): 1-9.
- [19] 程斌, 丁延庆, 曹宁, 等. 基于120K液相芯片对310份小麦种质的遗传多样性分析[J]. 麦类作物学报, 2024, 44(9): 1104-1114.
CHENG B, DING Y Q, CAO N, et al. Genetic diversity analysis of 310 wheat accessions based on 120K liquid-phase SNP array[J]. Journal of Triticeae Crops, 2024, 44(9): 1104-1114.
- [20] 于航, 刘砚婷, 尚梦琦, 等. 基于致香成分分析的雪茄烟产地间差异[J]. 烟草科技, 2021, 54(9): 58-71.
YU H, LIU Y T, SHANG M Q, et al. Cigar leaf differences from different producing areas based on aroma component analysis[J]. Tobacco Science & Technology, 2021, 54(9): 58-71.
- [21] 徐波, 瞿成怡, 王剑, 等. 国内外代表性雪茄烟感官品质特征比较[J]. 烟草科技, 2024, 57(6): 64-74.
XU B, ZI C Y, WANG J, et al. Comparison of sensory quality characteristics of representative domestic and imported cigars[J]. Tobacco Science & Technology, 2024, 57(6): 64-74.