

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2008.00025

中国花生核心种质的建立及与 ICRISAT 花生微核心种质的比较

姜慧芳¹ 任小平¹ 廖伯寿¹ 黄家权¹ 雷 永¹ 陈本银¹ GUO B Z²
HOLBROOK C C² UPADHYAYA H D³

(¹ 中国农业科学院油料作物研究所, 湖北武汉 430062; ² USDA-ARS, Costal Plain Experimental Station, Tifton 31793, GA, USA;
³ International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, A.P. 502 324, India)

摘 要: 以中国花生种质资源数据库中记录的 6 390 份花生资源为材料, 以其基本数据、特征数据和评价数据为信息, 采用分层分组聚类以及随机取样与必选资源相结合的方法, 构建了由 576 份资源组成的花生核心种质, 占基础收集品的 9.01%。除出仁率外, 核心种质与基础收集品种间的其他 14 个性状平均值和多样性指数差异均不明显, 表明本研究建立的核心种质是有效的。与 ICRISAT 花生微核心种质的比较, 中国花生资源在龙生型和珍珠豆型方面具有优势, 叶片长、叶片宽、种子长、种子宽的遗传多样性丰富; 而 ICRISAT 花生资源在多粒型和普通型方面具有优势, 且植株高度和总分枝数的遗传多样性比中国花生资源丰富。

关键词: 花生资源; 中国核心种质; ICRISAT 核心种质; 遗传多样性

Peanut Core Collection Established in China and Compared with ICRISAT Mini Core Collection

JIANG Hui-Fang¹, REN Xiao-Ping¹, LIAO Bo-Shou¹, HUANG Jia-Quan¹, LEI Yong¹, CHEN Ben-Yin¹,
GUO B Z², HOLBROOK C C², and UPADHYAYA H D³

(¹ Oil Crops Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Hubei 430062, Wuhan, China; ² USDA-ARS, Costal Plain Experimental Station, Tifton 31793, GA, USA; ³ International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, A.P. 502 324, India)

Abstract: The core collection has been well accepted as a useful way to improve the efficiency of crop germplasm evaluation, conservation and utilization. Around 6 390 accessions of cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.) have been collected in China. In order to characterize and utilize the germplasm more efficiently for further crop improvement, the available morphological and biochemical data were analyzed to develop a core collection. The entire collection was first stratified by botanical types and then grouped by origin locations. Based on the data of 15 morphological and biochemical characters, the accessions in each botanical type were clustered by SAS method. From each cluster, five to ten percent of the accessions were randomly selected to form a core collection consisting of 576 accessions, which was 9.01% of the entire collection. The genetic variation in the entire collection was well presented in the core collection based on comparison of diversity index of the involved traits in both entire and core collections. Comparison between the newly selected Chinese peanut core collection and the introduced mini core collection consisting of 184 lines established at the International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT) indicated that there were wider diversities in the var. *hirsuta* and *vulgaris* as well as in leaf length, leaf width, seed length, seed width in the Chinese core collection. The ICRISAT peanut collection had wider diversities in var. *hypogaea* and *fastigiata* as well as in plant height and number of total branches than Chinese peanut resource.

Keywords: Peanut germplasm; Core collection; Mini core; Genetic diversity

花生是重要的油料和经济作物之一, 中国是世界上最大的花生生产国。自 19 世纪 80 年代以来, 我国在 4 个五年计划科技攻关和农业部种质资源保护

项目资助下, 收集并保存花生资源 7 000 多份, 系统评价了主要农艺性状、抗病虫性和种子品质性状^[1]。但对保存资源的遗传多样性程度和分布不清楚, 性

状鉴定不深入,未建立较为复杂的重要性状(黄曲霉、干旱、油酸等)鉴定技术。因此,建立我国花生资源核心种质,更有效地发掘新基因源,是我国花生种质资源研究和育种取得新突破的重要基础性研究。

核心种质能以最小样本数代表一个物种或基础收集品最大量或全部的遗传变异,有助于简化种质资源的评价、保存和发掘重要性状并提高效率^[2]。近几年来,我国对芝麻^[3]、水稻^[4-5]、小麦^[6]、大豆^[7-10]、果梅^[11]等多种作物建立了核心种质。在花生方面,美国按资源来源和资源的数据信息进行分层分组,在每组内直接按10%的比例取样,率先建立了以11.18%的样本数代表基础收集品花生核心种质^[12],为后来的抗根结线虫^[13]和抗黄曲霉鉴定^[14]以及高油资源等的发掘^[15]提供了方便。国际半干旱地区热带作物研究所(ICRISAT)按资源来源和资源的植物学类型分层分组,在每组内直接按10%的比例取样,建立了花生核心种质(以11.9%的样本数代表全部样本)^[16]和微核心种质(以1.29%的样本数代表全部样本)^[17],通过检测核心种质与基础品的平均值差异表明,用大约1%的样本数代表全部样本数的微核心种质是有效的,基础收集品中的各种性状变异在微核心种质中均存在,而且核心种质和微核心种质更有利于开展对花生资源的遗传多样性研究^[18-19]。

国际半干旱所(ICRISAT)所收集保存的中国花生资源极少,而我国收集的南美洲国家的资源很少。因此,本文对我国2003年从ICRISAT引进的184份全套微核心花生种质与中国花生核心种质进行了比较,目的在于研究中国花生种质的遗传多样性、明确与ICRISAT花生种质的差异,为有效引进我国尚缺少的资源以及发掘利用我国的优异花生资源提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 基础样本 中国花生种质资源数据库中记录的栽培种花生资源6390份。

1.1.2 中国花生核心种质与ICRISAT微核心种质的比较 中国花生核心种质576份,ICRISAT花生微核心种质184份。

1.2 方法

1.2.1 核心种质的构建 按植物学类型分层,共分5层,即多粒型、珍珠豆型、龙生型、普通型

和中间型。在每一层内按地理来源分组,国内资源按生态区分组,包括东北西北花生区、华北黄淮花生区、长江流域花生区、南方花生区,国外资源按北美和南美洲、亚洲和非洲、ICRISAT、欧洲及大洋洲分组,共计32组。每组内,以种质资源的形态特征、农艺性状和品质性状包括主茎高、生育期、百果重、百仁重、出仁率、单株生产力、蛋白质含量、含油量、棕榈酸含量、硬脂酸含量、油酸含量、亚油酸含量、花生酸含量、花生烯酸含量、山萘酸含量等15个数据信息为基本数据,采用SAS分析软件进行排序和聚类分析,聚类分析采用欧氏类平均距离法。根据聚类分析结果和相似值,按5%~10%的比例从每组中选取样本组成核心种质,对于相似值较大即遗传多样性程度较小的类群以约5%比例,对于相似值较小即遗传多样性程度较大的类群以8%~10%比例,按随机取样与必选资源相结合进行取样,对于包含在生产或育种中起过重要作用资源的某一类群而言,首先选取这些重要资源,然后按比例随机取样。用平均值和多样性指数检测核心种质的符合率和可靠性。

1.2.2 植物学性状调查 2004—2006年于中国农业科学院油料作物研究所试验农场种植,每品种3行,行距40cm,株距20cm,保证全苗,随机区组排列,3次重复,常规田间管理。收获前取样调查植物学性状,取样方法、调查标准和调查的样本数按ICRISAT与IPGRI共同制定的“Descriptors for groundnut”描述标准^[20]。调查的性状包括主茎高、主茎节数、叶片长、叶片宽、总分枝数、结果枝数、单株结果数、单株产量、荚果长、荚果宽、百果重、种子长、种子宽、百仁重。

1.2.3 数据统计分析 应用Excel文档计算标准差和变异系数,参照参考文献^[6]计算多样性指数及其 t 检验。

2 结果与分析

2.1 核心种质的构建

用相同的性状信息对5层32组共6390份花生资源各组内进行聚类分析,结果表明,6390份花生资源聚为258个品种群,其中多粒型花生含21个品种群,珍珠豆型和普通型花生各含100个品种群,龙生型花生含19个品种群,中间型花生含18个品种群。然后在每一品种群内按5%~10%比例取样,对花生生产和育种起过重要作用的资源,如伏花生、

狮头企、协抗青、台山三粒肉、徐州 68-4 等, 作为核心种质选取, 然后随机选取其他资源, 共选出 576 份资源组成核心收集品, 占基础收集品的 9.01%。获得的核心种质中各类型花生资源的多样性指数列于图 1。

图 1 表明, 我国花生基础品种中, 普通型和龙生型花生资源的多样性指数相对较高, 中间型资源相对较低, 珍珠豆型和多粒型资源居中。普通型和龙生型花生资源的多样性指数在我国花生基础品中相对较高, 在中间型资源中相对较低, 在珍珠豆型和多粒型资源中居中。在构建的核心种质中, 密枝亚种的普通型和龙生型花生资源的多样性指数较高, 疏枝亚种的珍珠豆型和多粒型资源其次, 中间型资源相对较低。通过检验, 多粒型 $t = 0.3471 (t_{0.05} = 2.000)$, 珍珠豆型 $t = 0.5913 (t_{0.05} = 1.980)$, 龙生型 $t = 0.5884 (t_{0.05} = 2.042)$, 普通型 $t = 0.4954 (t_{0.05} = 1.980)$, 中间型 $t = 0.4638 (t_{0.05} = 2.021)$, 各类型资源的多样性指数在基础品与所建立的核心种质间均未达到显著水平。可见, 本研究建立的花生核心种质代表了我国花生资源基础品。

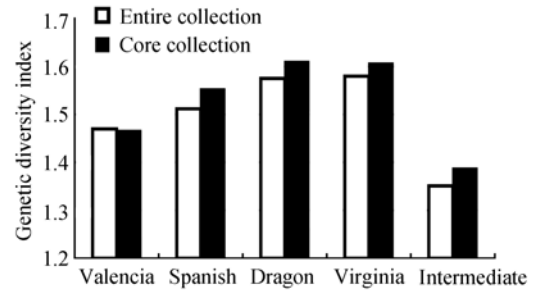


图 1 花生资源核心种质与基础收集品组成中各类型资源的多样性指数

Fig. 1 Genetic diversity index between core and entire collections

2.2 核心种质与基础品各性状的符合率

通过对资源数据的整理并作统计分析, 计算各性状的平均值和多样性指数, 然后计算核心种质与基础品间的符合率, 获得核心种质与基础品的各性状平均值和多样性指数及其代表性检测 (t 检验)(表 1)。

核心种质与基础收集品间 15 个性状中, 14 个性状的平均值和多样性指数均未达到显著水平(表 1), 只有出仁率性状的多样性指数差异达显著水平, 平均值差异达极显著水平。

表 1 核心种质与基础品各性状及多样性指数
Table 1 Genetic diversity index between core collection and entire collection of peanut resources in China

性状 Trait	平均值 Average			多样性指数 Genetic diversity index		
	核心种质 Core collection	基础品 Entire collection	t 值 t value	核心种质 Core collection	基础品 Entire collection	t 值 t value
主茎高 Plant height (cm)	45.85	45.75	0.1163	1.2866	1.3186	0.5626
生育期 Growth period (d)	127.34	125.47	0.1931	1.2362	1.2097	0.4310
百果重 100-pod weight (g)	147.55	145.44	1.1378	1.2362	1.2097	0.4711
百仁重 100-seed weight (g)	58.83	57.76	1.4793	2.0865	2.0833	1.1754
出仁率 Shelling percentage (%)	70.28	71.50	2.7260**	1.9063	1.8711	2.0668*
单株生产力 Pod yield per plant (g)	15.63	15.78	0.3684	1.5920	1.6267	0.8293
蛋白质 Protein content (%)	27.69	27.85	0.7494	1.8798	1.8590	0.3812
含油量 Oil content (%)	50.62	50.84	1.8583	1.7805	1.7427	0.5653
棕榈酸 Palmitic acid content (%)	11.07	11.06	0.5540	1.1365	1.1083	0.2001
硬脂酸 Stearic acid content (%)	2.99	3.03	0.8071	1.3660	1.3354	0.1179
油酸 Oleic acid content (%)	45.31	45.67	0.9749	1.7463	1.7831	0.9585
亚油酸 Linoleic acid content (%)	34.69	34.37	1.4889	1.7326	1.7495	0.5499
花生酸 Arachidic acid content (%)	1.96	1.96	0.2052	1.7694	1.7197	0.7698
花生烯酸 Eicosenoic acid content (%)	1.31	1.29	1.0840	1.4551	1.4069	0.8799
山萘酸 Behenic acid content (%)	2.29	2.39	1.8552	1.8685	1.8769	0.7307

* 0.05 显著水平, ** 0.01 极显著水平 ($t_{0.05}=1.960, t_{0.01}=2.5576$). * and ** significantly different at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively.

2.3 核心种质中包含抗病资源的等级

笔者曾对 5 700 份资源按照国际 9 级标准^[21-22]进行了锈病、早斑病和晚斑病的抗性鉴定,按照国家 5 级标准^[23]鉴定青枯病,证实花生资源基础收集品包含了对锈病、早斑病、晚斑病反应所有 9 级的全部资源和对青枯病反应所有 5 级的全部资源(中国花生品种资源数据库)。在建立的核心种质中,也包含对锈病、早斑病、晚斑病反应所有 9 级的全部资源和对青枯病反应所有 5 级的全部资源。

2.4 中国花生核心种质与 ICRISAT 微核心种质的比较

2.4.1 中国花生核心种质与 ICRISAT 微核心种质的植物学类型组成比较 从表 2 看出,中国花生核心种质中没有赤道型和秘鲁型花生,有介于 2 个亚种之间的中间型花生。ICRISAT 有少量赤道型和秘鲁型花生,没有中间型花生资源。我国的花生资源优势是龙生型和珍珠豆型,这 2 种类型的比例分别为 5.8%~5.9%和 41.0%~41.1%,显著高于 ICRISAT 对应类型的比例(分别为 0.1%~0.5%和 31.5%~35.7%),多粒型花生比例(10.1%~11.0%)显著低于 ICRISAT (16.1%~20.1%)。

按照我国的花生植物学类型体系^[24],中国只有多粒型、珍珠豆型、龙生型、普通型和中间型 5 种,与 1994 年以前国际应用的花生分类体系相同。1994 年 Krapovickas 和 Gregory 合作修订了栽培种花生的分类系统,将原来的多粒型分为多粒型、赤道型和秘鲁型^[25]。我国的多粒型花生资源中是否含有赤道型和秘鲁型,需要进一步研究。

2.4.2 中国花生核心种质与 ICRISAT 花生微核心种质的植物学性状比较 2004—2006 年连续 3 年重复调查了 2 个核心种质的植物学性状和农艺性状,结果列于表 3。

从平均值看,中国花生资源的植株高度、主茎节数、总分枝数、出仁率均低于 ICRISAT 花生资源,叶片长与 ICRISAT 花生资源接近,结果分枝数稍多于 ICRISAT 花生资源的结果分枝数,单株结果数、单株产量、荚果长、荚果宽、种子长、百果重、百仁重均大于 ICRISAT 花生资源的对应值。除叶片长外,2 个花生核心种质间的其他各性状平均值差异均显著或极显著。

从变异范围看,中国花生资源的主茎高、主茎节数、叶片宽、结果分枝数、单株结果数、单株产量、出仁率均比 ICRISAT 花生资源对应性状大,但总分枝数和荚果长比 ICRISAT 花生资源小。在标准差方面,中国花生资源的主茎高、总分枝数、百仁重低于 ICRISAT 花生资源对应性状,主茎节数、叶片长、结果分枝数、单株结果数、单株产量、百果重、出仁率高于 ICRISAT 花生资源对应性状。从变异系数看,中国花生主茎节数、叶片长、叶片宽、结果分枝数、单株产量、种子长、种子宽、百仁重、出仁率均大于 ICRISAT 花生资源对应性状,但主茎高、总分枝数、单株结果数、荚果长、荚果宽、百果重均小于 ICRISAT 花生资源对应性状。综上所述,ICRISAT 花生资源主茎高和总分枝数的遗传多样性比中国花生资源丰富,中国花生资源叶片长、叶片宽、种子长、种子宽的遗传多样性比 ICRISAT 花生资源丰富。ICRISAT 花生资源主茎高和总分枝数的遗传多样性指数比中国花生资源高,中国花生资源叶片长宽、种子长宽的遗传多样性指数高于 ICRISAT 花生资源。

3 讨论

目前我国收集保存了 7 000 多份花生种质资源,基本数据、特征数据和评价鉴定数据较为齐全的资源有 6 390 份(中国花生品种资源数据库),为遗传研究和

表 2 中国花生核心种质与 ICRISAT 微核心种质的植物学类型组成
Table 2 Botanical type of Chinese peanut core collection and ICRISAT mini core collection

类型 Botanical type	多粒型 <i>fastigiata</i>	珍珠豆型 <i>vulgaris</i>	赤道型 <i>aequatoriana</i>	秘鲁型 <i>peruviana</i>	龙生型 <i>hirsuta</i>	普通型 <i>hypogaea</i>	中间型 Intermediate	总计种质数 Total
中国花生种质 Chinese collection	702 (11.0%)	2621 (41.0%)	0	0	368 (5.8%)	2227 (34.9%)	472 (7.4%)	6390
ICRISAT 花生种质 ICRISAT collection	2298 (16.1%)	5106 (35.7%)	15 (0.1%)	249 (1.7%)	20 (0.1%)	6622 (46.3%)	0	14310
中国核心种质 Chinese core subset	58 (10.1%)	237 (41.1%)	0	0	34 (5.9%)	210 (36.5%)	37 (6.4%)	576
ICRISAT 小核心种质 ICRISAT mini core subset	37 (20.1%)	58 (31.5%)	1 (0.5%)	2 (1.1%)	1 (0.5%)	184 (46.2%)	0	184

表 3 中国花生核心种质与 ICRISAT 微核心种质的植物学性状
Table 3 Morphological characters of Chinese peanut core collection and ICRISAT mini core collection

核心种质类型 Core collection	评价指标 Item	主茎高 Plant height	主茎节数 Nodes of main stem	叶片长 Leaf length	叶片宽 Leaf width	总分枝数 Total branches No.	结果枝数 No. of branches with pods	果数/株 Pod No. per plant	产量/株 Pod yield per plant
中国花生 核心种质 China core subset	平均值 Average	58.36	23.01	5.70	2.44	8.69	4.54	12.97	15.67
	变异范围 Range	21.0–126.2	13.5–36.0	3.66–8.28	0.78–3.49	3.1–30.4	1.3–7.6	1.67–37.00	2.1–47.86
	标准差 SD	18.65	4.01	0.90	0.38	4.27	0.96	4.93	5.72
	变异系数 CV	25.64	17.41	15.82	15.72	49.16	21.21	37.96	36.48
ICRISAT 花生 核心种质 ICRISAT mini core subset	多样性指数 DI	1.9915	1.7033	1.9893	1.1930	1.2276	1.3141	2.2539	2.3453
	平均值 Average	76.10	28.24	5.62	2.51	9.83	3.84	10.05	8.61
	变异范围 Range	39.4–118.5	19.5–36.5	3.55–7.63	1.46–3.38	3.80–32.85	1.6–6.0	3.12–20.83	1.10–19.65
	标准差 SD	19.51	3.36	0.73	0.35	5.62	0.69	3.94	2.89
ICRISAT mini core subset	变异系数 CV	31.96	11.88	12.98	13.74	57.18	17.92	39.22	33.57
	多样性指数 DI	2.0313	1.5797	1.7975	1.1301	1.4148	1.1763	2.0515	1.7832
平均值 <i>t</i> 检验 <i>t</i> -test for average		10.9004**	15.7184**	1.010 733	2.1994*	2.8729**	9.0045**	7.2110**	15.8042**
核心种质类型 Core collection	评价指标 Item	荚果长 Pod length	荚果宽 Pod width	百果重 100-pod weight	种子长 Seed length	种子宽 Seed width	百仁重 100-seed weight	出仁率 Shelling percentage	
中国花生 核心种质 China core subset	平均值 Average	3.10	1.42	157.68	1.56	0.85	58.76	71.43	
	变异范围 Range	2.05–4.66	1.02–1.87	71.1–283.00	1.00–2.29	0.68–1.16	26.9–117.6	54.23–85.78	
	标准差 SD	0.50	0.16	42.34	0.25	0.07	17.16	4.18	
	变异系数 CV	16.18	11.55	26.85	16.17	8.63	29.20	5.85	
ICRISAT 花生 核心种质 ICRISAT mini core subset	多样性指数 DI	1.4143	0.6157	2.7608	0.8458	0.1638	1.9134	1.2500	
	平均值 Average	2.78	1.26	124.45	1.36	0.82	44.44	74.90	
	变异范围 Range	1.85–4.91	0.90–1.84	61.35–259.00	0.95–2.04	0.67–1.07	25.00–101.30	64.20–80.60	
	标准差 SD	0.52	0.16	37.56	0.21	0.06	12.08	2.72	
ICRISAT mini core subset	变异系数 CV	18.81	12.53	30.18	15.23	7.56	27.19	3.63	
	多样性指数 DI	1.3811	0.3375	2.5720	0.5561	0.0619	1.4333	0.9101	
平均值 <i>t</i> 检验 <i>t</i> -test for average		7.2670**	11.6133**	9.3408**	9.6056**	6.0207**	10.3117**	32.9130**	

* 0.05 显著水平, ** 0.01 极显著水平。* and ** significantly different at 0.05 and 0.01 probability levels, respectively. DI: diversity index.

育种工作提供了大量材料, 但尚未满足育种的需要。

本研究构建的 576 份资源是代表基础收集品 6 390 份资源的核心种质, 从其组成看, 多粒型、珍珠豆型、龙生型、普通型和中间型资源所包含的遗传多样性指数与基础收集品一致; 从 15 个性状的平均值和多样性指数看, 14 个在核心种质与基础收集品间的差异均不显著, 只有 1 个性状的多样性指数差异达显著水平, 平均值差异达极显著水平, 但这种极少数性状的差异并不影响核心种质的广泛代表性, 这种现象在其他作物的核心种质^[6]和 ICRISAT 构建的花生核心种质^[16-17]中均存在。说明本研究构建的核心种质具有遗传多样性的代表性。

根据概念, 核心种质还要满足生产与育种的需要。本研究建立的核心种质既包含 15 个性状的遗传多样性及基础收集品中所包含的抗病资源的等级, 还包含生产实践中所需要的优异农艺性状或基因资源, 如伏花生、狮头企、协抗青、台山三粒肉、徐州 68-4 等。说明本研究建立的核心种质是实用的。

通过资源比较表明, 我国的花生资源优势是龙生型和珍珠豆型, 而多粒型和普通型显著少于 ICRISAT, 并且我国的多粒型花生还需要进一步鉴定是否包含赤道类型和秘鲁类型。ICRISAT 花生资源植株较高, 主茎节数和总分枝数相对较多, 出仁率相对较高, 中国花生资源的单株结果数相对较多、

单株产量相对较高、荚果和种子相对较大。标准差、变异系数和多样性指数分析结果表明, 中国花生资源在叶片长、叶片宽、种子长、种子宽方面的遗传多样性比 ICRISAT 花生资源丰富, ICRISAT 花生资源在主茎高和总分枝数方面的遗传多样性比中国花生资源丰富。因此, 中国花生核心种质和 ICRISAT 花生微核心种质可以相互补充。

4 结论

以中国花生种质资源数据库中记录的 6 390 份资源为基础, 构建了由 576 份资源组成的核心种质, 它与 ICRISAT 微核心种质在植物学类型比例及主要植物学性状方面均存在很大差异。

References

- [1] Jiang H-F(姜慧芳), Duan N-X(段乃雄). Progress in characterization evaluation of peanut resource. *Peanut Sci Technol* (花生科技), 1999, (suppl): 144–147 (in Chinese)
- [2] Brown A H D. Core collection: a practical approach to genetic resources management. *Genome*, 1989, 31: 818–824
- [3] Zhang X-R(张秀荣), Guo Q-Y(郭庆元), Zhao Y-Z(赵应忠), Feng X-Y(冯祥运). Establishment of sesame germplasm core collection in China. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 1999, 32(3): 49–54 (in Chinese with an English abstract)
- [4] Li Z-C(李自超), Zhang H-L(张洪亮), Cao Y-S(曹永生), Qiu Z-E(裘宗恩), Wei X-H(魏兴华), Tang S-X(汤圣祥), Yu P(余萍), Wang X-K(王象坤). Studies on the sampling strategy for primary core collection of Chinese ingenious rice. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2003, 29(1): 20–24 (in Chinese with an English abstract)
- [5] Sun Q(孙强), Lin X-Y(林秀云), Li M-S(李明生), Wang G-C(王贵才). Studies on constructing core collection of rice germplasm resources in Jilin Province. *J Jilin Agric Sci*(吉林农业科学), 2006, 31(1): 21–24 (in Chinese with an English abstract)
- [6] Dong Y-C(董玉琛), Cao Y-S(曹永生), Zhang X-Y(张学勇), Liu S-C(刘三才), Wang L-F(王兰芬), You G-X(游光霞), Pang B-S(庞斌双), Li L-H(李立会), Jia J-Z(贾继增). Establishment of candidate core collections in Chinese common wheat germplasm. *J Plant Genet Resour* (植物遗传资源学报), 2003, 4(1): 1–8 (in Chinese with an English abstract)
- [7] Qiu L-J(邱丽娟), Cao Y-S(曹永生), Chang R-Z(常汝镇), Zou X-A(周新安), Wang G-X(王国勋), Sun J-Y(孙建英), Xie H(谢华), Zhang B(张博), Li X-H(李向华), Xu Z-Y(许占友), Liu L-H(刘立宏). Establishment of Chinese soybean (*G. max*) core collection: . . . sampling strategy. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2003, 36(12): 1442–1449 (in Chinese with an English abstract)
- [8] Wang L-Y(王丽侠), Li Y-H(李英慧), Li W(李伟), Zhu L(朱莉), Guan Y(关媛), Ning X-C(宁学成), Guan R-X(关荣霞), Liu Z-X(刘章雄), Chang R-Z(常汝镇), Qiu L-J(邱丽娟). Establishment of a core collection of Changjiang spring sowing soybean. *Biodiversity Sci* (生物多样性), 2004, 12(6): 578–585 (in Chinese with an English abstract)
- [9] Cui Y-H(崔艳华), Qiu L-J(邱丽娟), Chang Y-Z(常汝镇), Lü W-H(吕文河). Representative test for primary core collection of summer sowing soybean in Huanghuai regions of China. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2004, 30(3): 284–288 (in Chinese with an English abstract)
- [10] Zhao L-M(赵丽梅), Dong Y-S(董英山), Liu B(刘宝), Wang K-J(王克晶), Li X-H(李向华). Development of a core collection of annual wild *Glycine soja*. *Chin Sci Bull* (科学通报), 2005, 50(10): 992–999 (in Chinese)
- [11] Gao Z-H(高志红), Zhang Z(章镇), Han Z-H(韩振海), Fang J-F(房经费). Development and evaluation of core collection of Japanese apricot germplasm in China. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(2): 363–368 (in Chinese with an English abstract)
- [12] Holbrook C C, Anderson W F, Pittman R N. Selection of a core collection from the U S Germplasm collection of peanut. *Crop Sci*, 1993, 33: 859–861
- [13] Holbrook C C, Stephenson M G, Johnson A W. Level and geographical distribution of resistance to *Meloidogyne arenaria* in the U S peanut germplasm collection. *Crop Sci*, 2000, 40: 1168–1171
- [14] Holbrook C C, Wilson D W, Matheron M E. Results from screening the peanut core collection for resistance to preharvest aflatoxin contamination. In: J Robens, J Dorner eds. Proc. Aflatoxin Elimination Workshop, Memphis T N 27–28 Oct. 1997, USDA-ARS, Beltsville M D
- [15] Holbrook C C, Bruniard J, Moore K M, Knauff D A. Evaluation of the Peanut Core Collection for Oil Content. ASA. Madison, WI. Agron Abstr, 1998. p 159
- [16] Upadhyaya H D, Ortiz R, Bramel P J, Singh S. Development of a groundnut core collection using taxonomical, geographical and morphological descriptors. *Genet Resour Crop Evol*, 2003, 50: 139–148
- [17] Upadhyaya H D, Bramel P J, Ortiz R, Singh S. Developing a mini core of peanut for utilization of genetic resources. *Crop Sci*, 2002, 42: 2150–2156
- [18] Upadhyaya H D, Nigam S N, Singh S. Evaluation of groundnut core collection to identify sources of tolerance to low temperature at germination. *Indian J Plant Genet Resour*, 2001, 14: 165–167
- [19] Upadhyaya H D. Phenotypic diversity in groundnut (*A. hypogaea* L.) core collection assessed by morphological and agronomical evaluations. *Genet Resour Crop Evol*, 2003, 50: 539–550
- [20] IBPGR & ICRISAT. Descriptors for Groundnut. Rome: International Board for Plant Genetic Resources and International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, 1992
- [21] Subrahmanyam P, McDonald D. Rust Disease of Groundnut. India: ICRISAT Information Bulletin No. 13, 1983
- [22] McDonald D, Subrahmanyam P, Gibbons R W, Smith D H. Early and Late Leaf Spot of Groundnut. India: ICRISAT Information Bulletin No. 21, 1985
- [23] Mehan V K. Bacterial Wilt of Groundnut. India: ICRISAT Information Bulletin No. 35, 1994
- [24] Sun D-R(孙大容). Peanut Breeding (花生育种学). Beijing: Chinese Agricultural Press, 1998. pp 52–74 (in Chinese)
- [25] Krapovickas A, Gregory W C. Taxonomia del genero *Arachis* (*Leguminosae*). *Bonplandia*, 1994, 8: 1–186