



研究报告  
Article Report

## 辣椒属种间遗传多样性及其亲缘关系的 ISSR 分析

徐小万<sup>✉</sup>, 李颖<sup>✉</sup>, 王恒明<sup>✉</sup>, 徐晓美<sup>✉</sup>, 李涛<sup>✉</sup>, 罗少波<sup>✉</sup>

广东省农科院蔬菜研究所, 广州, 510640

✉ 通讯作者: ly38469@163.com; shaoboluo@163.com; ✉ 作者

分子植物育种, 2013 年, 第 11 卷, 第 24 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2013.11.0024

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放取阅论文。只要对本原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式(中文):

徐小万等, 2013, 辣椒属种间遗传多样性及其亲缘关系的 ISSR 分析, 分子植物育种(online), 11(24): 1174-1180 (doi: 10.5376/mpb.cn.2013.11.0024)

引用格式(英文):

Xu et al., 2013, The Application of ISSR Technology in Genetic Diversity Detection of *Capsicum*, Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding), 11(24): 1174-1180 (doi: 10.5376/mpb.cn.2013.11.0024)

**摘要** 利用 ISSR 标记对一年生辣椒(*Capsicum annuum* L.)和中华辣椒(*Capsicum chinense* Jacquin)2 个栽培种的遗传多样性和遗传结构进行了研究。结果表明: (1)从 44 个引物中筛选出 16 个重复性好、条带清晰的引物, 对 30 份辣椒种质基因组 DNA 进行扩增, 得到 293 个位点, 其中多样性位点 245 个位点, 多样性比例为 83.62%; (2)基于遗传相似性系数的 UPGMA 法聚类分析, 在 0.68 相似水平可以将 30 个辣椒种质分为二群, 编号为 11、12、13、14、15、17 的 6 个辣椒种质为中华辣椒(*Capsicum chinense* Jacquin), 而另外的 24 个材料为一年生辣椒(*Capsicum annuum* L.), 主坐标分析基本上证实了聚类分析的结果; (3)一年生辣椒多样性位点百分率( $P$ )和 Shannon 信息指数( $I$ )(73.04%, 0.3392)均高于中华辣椒(59.39%, 0.3210), 说明中华辣椒遗传多样性较低; (4)2 个栽培种间遗传一致性较大为 0.8579, 种间基因分化系数  $G_{st}$  较小仅为 0.2019, 这可能与一年生辣椒与中华辣椒的可交配性和杂种的可育性有关。

**关键词** 辣椒; 遗传多样性; 亲缘关系; ISSR

## The Application of ISSR Technology in Genetic Diversity Detection of *Capsicum*

Xu Xiaowan<sup>✉</sup>, Li Ying<sup>✉</sup>, Wang Hengming<sup>✉</sup>, Xu Xiaomei<sup>✉</sup>, Li Tao<sup>✉</sup>, Luo Shaobo<sup>✉</sup>

Vegetable Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou, 510640, P.R., China

✉ Corresponding authors, ly38469@163.com; shaoboluo@163.com; ✉ Authors

**Abstract** The genetic diversity and relationship of 30 pepper materials including *Capsicum annuum* L. and *Capsicum chinense* Jacquin were analyzed with ISSR markers. The results showed that 16 primers from 44 ISSR primers for amplified the gene DNA of peppers. Totally 293 ISSR loci including 245 polymorphic loci were produced, with a polymorphism rate of 83.62%. All of the materials could be separated into two groups at about 0.68 similarity value with UPGMA, including a group of *Capsicum chinense* Jacquin from America (N.11, 12, 13, 14, 15, and 17), a group of *Capsicum annuum* L. from America (N.26) and Asia (the other materials of 30). And principal coordinate analysis confirmed the results of clustering analysis basically. However, the percentage of polymorphic loci ( $P$ ) and Shannon information index ( $I$ ) of *Capsicum annuum* L. (73.04%, 0.3392) were much higher than those of *Capsicum chinense* Jacquin (59.39%, 0.3210). We deduced that there was a narrow genetic base for *Capsicum chinense* Jacquin. Nei's genetic identity (0.8579) and the genetic variation ( $G_{st}$ =0.2019) between species of *Capsicum annuum* L. and *Capsicum chinense* Jacquin showed that this may be related with cross-compatibility between the two species and fertility of the  $F_1$  hybrids.

**Keywords** *Capsicum*; Genetic diversity; Genetic relationship; ISSR

### 研究背景

辣椒(*Capsicum* spp.)是一种世界性的蔬菜作物,

辣椒属(*Capsicum*)大约有25个种, 其中5个为栽培种(邹学校, 2009, 科学出版社, pp.9-58), 大多数分布在南美洲, 其中几个栽培种分布在世界各地。由于辣椒适应性强, 风味特别, 营养成分丰富, 用途广泛, 加之其类型多, 能够满足不同消费者的需要。

尽管各辣椒育种或科研团队已收集了较多辣椒种质资源, 但大部分都停留在资源的形态评价及描

收稿日期: 2013 年 06 月 19 日  
接受日期: 2013 年 06 月 24 日  
发表日期: 2013 年 08 月 08 日  
基金项目: 本研究由广东省科技计划项目(2010B020304001, 2011B020303001, 2012B040400007)、广东省农科院院长基金项目(201108)和现代农业产业技术体系建设专项(CARS-25-G-36)共同资助



述阶段(王述彬等, 2001; 陈学军等, 2009)。利用分子标记技术, 如: 如RFLP (Prince et al., 1992)、RAPD (张璐等, 2003; 陈学军等, 2006; Sanatombi et al., 2010; 李永平等, 2011)、AFLP (Lefebvre et al., 2001)、SSR (杜晓华等, 2006; 陈学军等, 2012)、SRAP (杜晓华等, 2006; 周坤华等, 2011; 陈学军等, 2012)和ISSR (杨若林等, 2005; 陈学军等, 2007; 孟金贵等, 2012)开展了部分辣椒种质资源分析研究工作, 取得了较好成效, 但相对滞后于辣椒种质资源的开发和利用。特别是从辣椒种群角度进行种质资源的起源演化、挖掘不同栽培种的有的基因和拓宽一年生辣椒的遗传基础均有十分重要的意义。

本研究以辣椒属的一年生辣椒 (*Capsicum annuum* L.)、中华辣椒(*Capsicum chinense* Jacquin)和一份观赏用辣椒资源(*Capsicum* spp.)共30份辣椒资源为试材, 采用ISSR分子标记技术进行辣椒种质资源的分类鉴定、亲缘关系分析以及不同栽培种遗传结构分析, 为辣椒种质资源的准确鉴定和科学利用提供相关理论基础。

表1 30份辣椒资源16条ISSR引物PCR扩增位点的多样性

Table 1 Polymorphism of loci PCR amplified with 16 ISSR primer among the 30 *Capsicum* materials

引物 Primer	引物序列(5'-3') Sequence (5'-3')	总条带数 No. of total bands	多样性条带数 No. of polymorphic bands	多样性比例(%) Percentage of polymorphic bands (%)
ISSR13	AGAGAGAGAGAGAGAGT	24	22	91.67
ISSR14	GAGAGAGAGAGAGAGAT	21	17	80.95
ISSR15	GAGAGAGAGAGAGAGAA	13	9	69.23
ISSR16	AGAGAGAGAGAGAGAGC	20	16	80
ISSR19	CACACACACACACACAG	13	9	69.23
ISSR26	ACACACACACACACACT	21	15	71.43
ISSR27	ACACACACACACACACC	14	9	64.29
ISSR28	ACACACACACACACACG	15	4	26.67
ISSR33	ATGATGATGATGATGATG	17	14	82.35
ISSR34	CTCCTCCTCCTCCTCCTC	12	11	91.67
ISSR36	GACAGACAGACAGACA	13	9	69.23
ISSR38	GATAGATAGACAGACA	38	38	100
ISSR41	GGAGAGGAGAGGAGA	18	18	100
ISSR42	AGAGTTGGTAGCTCTTGATC	15	15	100
ISSR43	CATGGTGTGGTCATTGTTCCA	15	15	100
ISSR 44	ACTTCCCCACAGGTTAACACA	24	24	100
合计 Total		293	245	
平均 Average		18.31	15.31	83.62

## 1结果与分析

### 1.1 DNA提取与ISSR引物分析

提取得到的DNA经凝胶电泳检测, 带型整齐一致, 无降解现象, 将DNA浓度调整到40 ng/μL 进行ISSR-PCR 反应扩增。从44个ISSR引物中筛选出16个引物(表1)在辣椒材料中可以稳定清晰的扩增出条带。16条ISSR引物在30个辣椒样品中共产生293条带(图1), 多样性条带245条, 多样性位点百分率83.62%, 说明所检测的样品具有较高的遗传多样性。16条ISSR引物的平均多元率(Multiplex ration)为18/引物, 多样带多元率为15/引物。

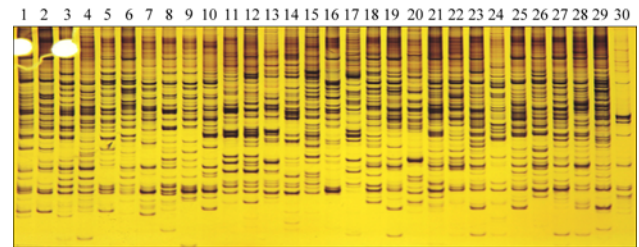


图1 引物38在30个辣椒材料中的ISSR-PCR扩增电泳图谱

Figure 1 ISSR-PCR amplification patterns of 30 of *Capsicum* spp. using primer 38

## 1.2 聚类分析

基于遗传相似性系数的 UPGMA 法聚类分析结果表明, 30 个辣椒种质的遗传相似性系数在 0.64-0.89 之间, 从图 2 可知, 遗传相似性系数约在 0.68 时, 可以把 30 个辣椒种质资源分为二个群, 编号 11、12、13、14、15、17 的 6 个辣椒种质归为第 I 类, 6 个辣椒种质为中华辣椒(*Capsicum chinense* Jacquin); 而另外的 24 个材料归为第 II 类, 这 24 个种质为一年生辣椒(*Capsicum annuum* L.)。

从图 2 可知, 这 24 个材料, 又可分为 4 个聚类群, 1-10 为第 1 个聚类群, 1-8 从中国广东收集, 而材料 8 从中国重庆引进, 为观赏辣椒, 材料编号为 9、10 的 2 个材料为自创; 材料编号为 18、19、21、23、24、26、27、28、29、30、22、25 等 12

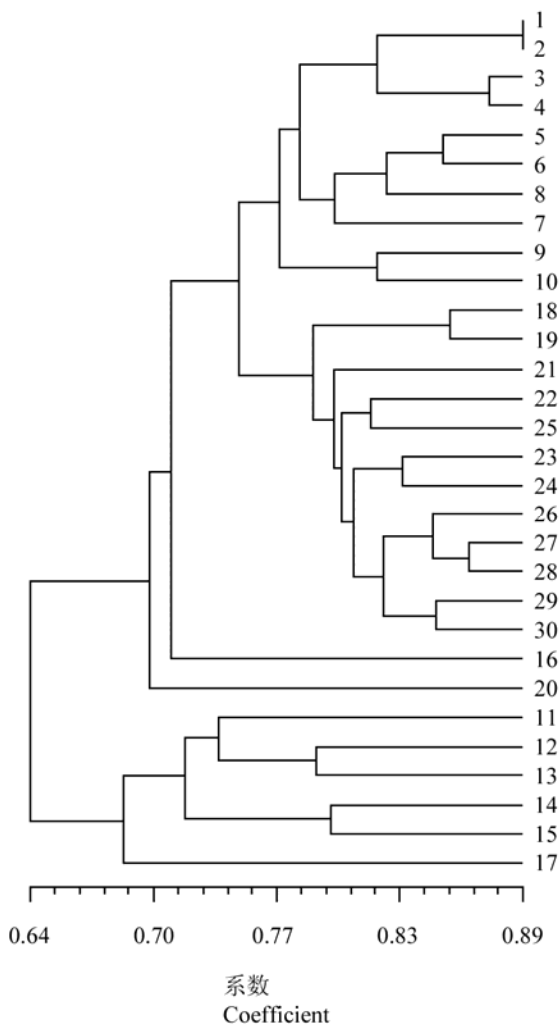


图 2 30 个辣椒材料的 ISSR 聚类分析  
Figure 2 UPGMA analysis of 30 *Capsicum* spp. revealed by ISSR

个材料为第 2 个聚类群; 编号为 16 辣椒资源为第 3 个聚类群; 编号为 20 辣椒资源为第 4 个聚类群; 编号为 18-25 的 8 个材料从 Malaysia 引进, 其中 18、19、21-25 等 7 个材料为第 2 个聚类群, 而编号为 20 的材料却为第 4 聚类群, 从植物的外观形态特征分析, 18、19、21-25 等 7 个材料果实朝向为下, 而编号为 20 的辣椒材料果实朝向向上。另外, 编号为 16 的辣材料引自 Mexico。

## 1.3 主坐标分析

应用 30 份辣椒种质资源 ISSR-PCR 电泳结果进行二维空间主坐标分析 (principal coordinate analysis, PCOA)。第一维(横坐标 1)和第二维(纵坐标 2)主坐标分别代表了 34.54% 和 15.23% 的变异, 前三个主坐标共代表了 58.59% 的变异。PCOA 分析可将 30 个辣椒材料分为 5 个聚类群(图 3; 图 4), 主坐标分析基本上证实了聚类分析的结果。

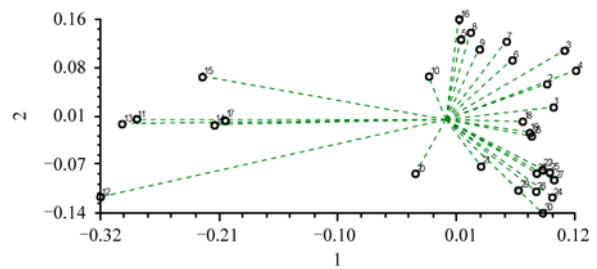


图 3 30 个辣椒材料的 ISSR 标记 PCOA 分析  
Figure 3 Two-dimensional results of PCOA in 30 *Capsicum* spp.

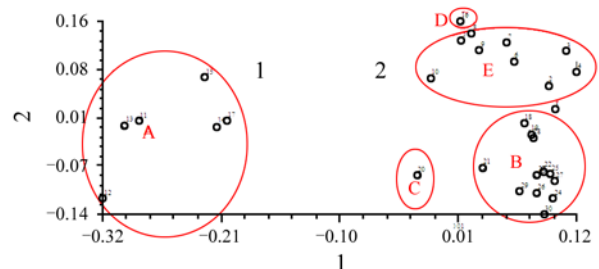


图 4 30 个辣椒材料的 ISSR 标记 PCOA 分析  
Figure 4 Two-dimensional results of PCOA in 30 *Capsicum* spp.

## 1.4 种群遗传多样性和遗传结构分析

16 条 ISSR 引物在一年生辣椒(*Capsicum annuum* L.)和中华辣椒(*Capsicum chinense* Jacquin)2 个辣椒栽培种共 30 份种质扩增的 293 个位点中, 未发现栽培种群间特异性位点。一年生辣椒(*Capsicum annuum* L.)和中华辣椒(*Capsicum chinense* Jacquin)栽



培种平均多态位点比例分别是 73.04%和 59.39%(表 2), Nei's 基因多样性指数( $h$ )和 Shannon 信息指数( $I$ ) 在 2 个栽培种中分别为 0.2229 和 0.2157、0.3392 和 0.3210。由上述参数的比较结果表明, 一年生辣椒的遗传多样性稍高于中华辣椒。

30 份辣椒种质所属的 2 个栽培种间的遗传分化系数( $Gst$ )为 0.2019, 即辣椒的遗传多样性大部分 (79.82%)存在于这 2 个栽培种内, 只有 20.19%存在

于这 2 个栽培种间。Wright 认为, 当基因流  $Nm > 1$  时, 基因流就可以防止遗传漂变引起种间的遗传分化。本研究所得到的辣椒的基因流( $Nm$ )为 1.9767, 大于 1, 2 个辣椒栽培种间不存在明显的遗传分化, 能进行种间基因交换。本研究所选用的这 2 个辣椒栽培种间的遗传距离( $D$ )为 0.1533, 2 个栽培种间遗传一致度( $NGI$ )为 0.8579 (表 2), 这与 Nei's 的遗传分化系数( $Gst$ )值较低相吻合。

表 2 辣椒二个栽培种群 ISSR 的遗传多样性指标

Table 2 Genetic diversity index within populations of *Capsicum* by ISSR

种群 Population	多态位点百 分比(%) $P^*$ (%)	Nei's 基因多 样性指数 $h$	Shannon 信 息指数 $I$	遗传一致性 $NGI$	遗传距离 $D$	基因分化系数 $Gst$	基因流 $Nm$
<i>C. annuum</i>	73.04	0.2229	0.3392	0.8579	0.1533	0.2019	1.9767
<i>C. chinense</i>	59.39	0.2157	0.3210				
<i>Capsicum</i>	83.62	0.2570	0.3936				

注:  $P^*$ : 多样位点百分比;  $h$ : Nei's 基因多样性指数;  $I$ : Shannon 信息指数  $I$ (Lewontin, 1972;  $NGI$ : 遗传一致性;  $D$ : 遗传距离;  $Gst$ : 基因分化系数;  $Nm$ : 基因流

Note:  $P^*$ : Percentage of polymorphism;  $h$ : Nei's (1973) gene diversity;  $I$ : Shannon's Information index (Lewontin, 1972);  $NGI$ : Nei's original measures of genetic identity;  $D$ : Genetic distance;  $Gst$ : Coefficient of gene differentiations;  $Nm$ : Gene flow

## 2 讨论

### 2.1 ISSR 在辣椒种质鉴定中的作用

本研究从最初的 44 个 ISSR 引物中筛选到 16 个稳定性好的多样性引物, 这 16 个引物平均扩增条带数为 18 条, 平均多态条带数为 15 条。杨若林等(2005)、陈学军等(2007)、刘林娅等(2013)采用 ISSR 标记开展辣椒种质资源遗传多样性研究均取得了较好的效果。另外, 从构建的遗传相似系数和分子树状图及两维空间主坐标分析可知, ISSR 标记可以把 30 个辣椒种质分为 2 类, 编号 11、12、13、14、15、17 的 6 个辣椒种质为第 I 类—中华辣椒 (*Capsicum chinense* Jacquin), 而另外的 24 个材料为第 II 类—一年生辣椒 (*Capsicum annuum* L.), 同时编号为 8 的观赏椒被归为第 II 类—一年生辣椒 (*Capsicum annuum* L.)。由此表明, ISSR 标记研究辣椒种质资源鉴定方面, 是一种有效的分子标记。

### 2.2 辣椒的遗传多样性

近年来对辣椒的遗传多样性研究已有大量的报道(陈学军等, 2012), 但对辣椒不同栽培种的遗传多样性研究相对较少(孟金贵等, 2012)。本文通过对一年生辣椒和中华辣椒 2 个辣椒栽培种的 ISSR 分析, 一年生辣椒和中华辣椒的多样性位点百分率分

别为 73.04%和 59.39%, 物种水平上为 83.62%, 说明一年生辣椒遗传多样性水平相对中华辣椒较高, 通过 Shannon 多样性指数的分析同样得出了以上结论。这与前人的研究有所不同, Prince 等(1992; 1995) 研究认为一年生辣椒种内遗传多样性水平较低。本实验所选试材中华辣椒为地方品种, 以自花授粉为主, 因此自交是维持遗传多样性水平较低的原因。另外还可能与检测样本大小及所使用的分子标记不同有关。一年生辣椒 (*Capsicum annuum* L.) 是辣椒属中分化最多、栽培最广的一个种(邹学校, 2009, 科学出版社, pp.9-58), 与长期的自然选择与人工选择中积累了丰富的遗传变异有关。

### 2.3 辣椒的遗传结构

有研究指出, 不同交配类型的物种, 其种间的  $Gst$  存在显著差异(Nybom, 2004)。本文的 2 个辣椒栽培种的基因分化系数  $Gst$  (0.2019)较接近于混交(mixed mating)( $Gst$  为 0.20)类型, 而与自交 (selfing mating) ( $Gst$  为 0.59)和远交(outcrossing mating) ( $Gst$  为 0.22)相差较大。利用 Shannon 多样性指数( $I$ )、基因分化系数( $Gst$ )等遗传参数分析辣椒的遗传结构, 结果表明辣椒的遗传变异主要存在于种内个体间, 2 个栽培种间没有明显的遗传分

化。2 个栽培种间遗传一致性( $NGI$ )较大为 0.8579, 种间基因分化系数( $Gst$ )较小仅为 0.2019, 这可能与一年生辣椒与中华辣椒的可交配性和杂种的可育性有关。

Toquica 等(2003)用 AFLP 标记对美洲亚马逊地区辣椒种质资源进行分析, 发现 5 个栽培种的基因分化系数( $Gst$ )为 0.331, 而陈学军等(2007)对 5 个辣椒栽培种进行 RAPD、ISSR 分析, 其基因分化系数( $Gst$ )分别为 0.2969 和 0.4357。Nybom(2004)研究也认为, 不同分子标记在研究同一批材料时其基因分化系数( $Gst$ )一般也不同。显然, 本研究结果与前人对辣椒种质的研究稍有偏差。这其中可能存在着多种原因, 如试材为辣椒属下的不同栽培种, 取样的有限性及偶然性, 研究方法的不同及实验误差等。要真实的反映出辣椒属的遗传变异还需要进行

更为全面, 更为充分地研究。

### 3 材料与方法

#### 3.1 材料

30 份种质由广东省农业科学院蔬菜研究所辣椒育种与生物技术团队提供, 其中种质编号 1 至 10 以及编号 27 至 30 分别来自中国各省区、编号 18 至 25 引自马来西亚、编号 11 和 16 引自墨西哥、编号 15 引自牙买加、编号 12 和 17 引自秘鲁、编号 13 和 14 来自特立尼达、编号 26 辣椒种质引自美国等地的特色优势辣椒种质资源(表 3)。编号为 1、3、8、26 的 4 个辣椒种质特耐高温多湿; 而编号 8 的辣椒材料为叶、果均为紫色观赏椒, 相关文献报道其为一年生辣椒(*Capsicum annuum* L.)或灌木状辣椒(*Capsicum frutescens* L.)。

表 3 材料来源及类型

Table 3 Materials for study of phylogeny of *Capsicum* spp. from different localities

编号 Number	栽培种类型 Species	原产地 Cultivar origin	编号 Number	栽培种类型 Species	原产地 Cultivar origin
1	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	16	<i>Capsicum annuum</i> L.	Mexico
2	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	17	<i>Capsicum chinense</i>	Peru
3	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	18	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
4	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	19	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
5	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	20	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
6	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	21	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
7	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	22	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
8	<i>Capsicum</i> spp.	重庆, 中国 Chongqing, China	23	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
9	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	24	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
10	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China	25	<i>Capsicum annuum</i> L.	Malaysia
11	<i>Capsicum chinense</i>	Mexico	26	<i>Capsicum annuum</i> L.	USA
12	<i>Capsicum chinense</i>	Peru	27	<i>Capsicum annuum</i> L.	安徽, 中国 Anhui, China
13	<i>Capsicum chinense</i>	Trinidad	28	<i>Capsicum annuum</i> L.	湖南, 中国 Hunan, China
14	<i>Capsicum chinense</i>	Trinidad	29	<i>Capsicum annuum</i> L.	广东, 中国 Guangdong, China
15	<i>Capsicum chinense</i>	Jamaica	30	<i>Capsicum annuum</i> L.	湖南, 中国 Hunan, China



### 3.2 基因组DNA的提取

在苗期采摘无病虫害辣椒嫩叶提取基因组DNA, 提取方法参照 CTAB 法, 试验所用的 *Taq* DNA 聚合酶、缓冲液和 dNTP 均购自上海 Sangon 公司, ISSR 引物(表 1)也由上海 Sangon 公司合成。

### 3.3 ISSR-PCR反应

ISSR反应体系为: 10×PCR buffer 2.0 μL, 25 mmol/L MgCl<sub>2</sub> 1.6 μL, 模板(40 ng/μL) 1.0 μL, 引物(10 μmol/L) 1.0 μL, *Taq*酶(5 U/μL) 0.2 μL, 2.0 mmol/L dNTPs 1.6 μL。加ddH<sub>2</sub>O补足20 μL。ISSR-PCR反应程序为: ①94℃变性 3 min; ②94℃ 30 s, 52℃/54℃ 30 s, 72℃ 1.5 min, 38循环; ③72℃延伸 10 min。④4℃保存。PCR产物在6%的聚丙烯酰胺上电泳, 并进行简单快速的DNA银染。

### 3.4 数据统计与处理

将电泳好染色, 洗好的聚丙烯酰胺凝胶转移到玻璃板上, 在灯箱上读带, 记录下各个引物在辣椒材料中稳定扩增且清晰的条带数目, 相同迁移距离的片段用“1”表示, 无带用“0”表示。将统计好的数据用聚类分析软件 NTsys 2.10e 软件进行聚类分析及主坐标分析。应用 POPGENE 1.32 程序进行数据处理, 并进行下列参数统计: (1)多态位点百分率(*P*); (2)Nei's 基因多样性指数(*h*); (3)Shannon 信息指数(*I*); (4)基因分化系数(*Gst*)和基因流(*Nm*); (5)Nei's 遗传距离(*D*)和遗传一致度(*NGI*)。

### 作者贡献

徐小万、徐晓美是本研究的实验设计和实验研究的执行人; 李涛完成数据分析, 论文初稿的写作; 王恒明参与实验设计, 试验结果分析; 李颖、罗少波是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

### 致谢

本研究由广东省科技计划项目(2010B020304001, 2011B020303001, 2012B040400007)、广东省农科院院长基金项目(201108)和现代农业产业技术体系建设专项(CARS-25-G-36)共同资助。

### 参考文献

Chen X.J., Chen J.F., Geng H., and Lou Q.F., 2006, RAPD analysis of phenogenic relationship in five cultivated *Capsicum* species, *Yuanyi Xuebao* (Acta Horticulturae Sinica), 33(4): 751-756 (陈学军, 陈劲枫, 耿红, 娄群峰,

2006, 辣椒属 5 个栽培种部分种质亲缘关系的 RAPD 分析, *园艺学报*, 33(4): 751-756)

Chen X.J., Cheng Z.F., Chen J.F., Lou Q.F., and Geng H., 2007, Genetic diversity of pepper germplasm with RAPD, ISSR and phenotypic data, *Xibei Zhiwu Xuebao* (Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica), 27(4): 662-670 (陈学军, 程志芳, 陈劲枫, 娄群峰, 耿红, 2007, 辣椒种质遗传多样性的 RAPD 和 ISSR 及其表型数据分析, *西北植物学报*, 27(4): 662-670)

Chen X.J., Fang R., Zhou K.H., Miao N.S., and Wang W.L., 2009, Numerical taxonomy analysis of phenogenic relationship in pepper, *Jiangxi Nongye Xuebao* (Acta Agriculturae Jiangxi), 21(1): 31-34 (陈学军, 方荣, 周坤华, 缪南生, 王悟亮, 2009, 辣椒种质亲缘关系的数量分类学研究, *江西农业学报*, 21(1): 31-34)

Chen X.J., Zhou K.H., Zong H.X., and Fang R., 2012, Genetic diversity of *Capsicum frutescens* in China as revealed by SRAP and SSR markers, *Xibei Zhiwu Xuebao* (Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica), 32(11): 2201-2205 (陈学军, 周坤华, 宗洪霞, 方荣, 2012, 中国灌木辣椒种质遗传多样性的 SRAP 和 SSR 分析, *西北植物学报*, 32(11): 2201-2205)

Du X.H., Gong Z.H., Wang D.Y., and Yin Q.M., 2006, Genetic differences among well-performing inbred lines of hot pepper (*Capsicum annuum* L.), *Xibei Zhiwu Xuebao* (Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica), 26(12): 2445-2452 (杜晓华, 巩振辉, 王得元, 殷秋妙, 2006, 辣椒优良自交系间遗传差异的分子分析, *西北植物学报*, 26(12): 2445-2452)

Lefebvre V., Goffinet B., Chauvet J.C., Caromel B., Signoret P., Brand R., and Palloix A., 2001, Evaluation of genetic distances between pepper inbred lines for cultivar protection purposes: comparison of AFLP, RAPD and phenotypic data, *Theor. Appl. Genet.*, 102(5): 741-750 <http://dx.doi.org/10.1007/s001220051705>

Li Y.P., Lin H., and Wen Q.F., 2011, RAPD analysis of genetic diversity for *Capsicum annuum* L. Germplasm, *Fujian Nongye Xuebao* (Fujian Journal of Agricultural Sciences), 26(5): 747-752 (李永平, 林琚, 温庆放, 2011, 辣椒种质资源的遗传多样性分析, *福建农业学报*, 26(5): 747-752)

Liu L.Y., Dang X.M., Cao Z.M., and Liu W.X., 2013, ISSR analysis on genetic diversity of *Capsicum chinense* Jacquin germplasm resource, *Redai Zuowu Xuebao* (Chinese Journal of Tropical Crops), 34(2): 211-217 (刘林

- 娅, 党选民, 曹振木, 刘维侠, 2013, 黄灯笼辣椒种质资源遗传多样性 ISSR 分析, 热带作物学报, 34(2): 211-217)
- Meng J.G., Zhang Q.Z., Wang S., and Zhang Y.H., 2012, Studies on genetic relationship between *Capsicum frutescens* var. *shuanlaense* and other five cultivated *Capsicum* species, *Yuanyi Xuebao* (*Acta Horticulturae Sinica*), 39(8): 1589-1595 (孟金贵, 张卿哲, 王硕, 张应华, 2012, 涮辣与辣椒属 5 个栽培种亲缘关系的研究, 园艺学报, 39(8): 1589-1595)
- Nybohm H., 2004, Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants, *Mol. Ecol.*, 13(5): 1143-1155  
<http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294X.2004.02141.x>  
PMid:15078452
- Prince J.P., Lackney V.K., Angeles C., Blauth J.R., and Kyle M.M., 1995, A survey of DNA polymorphism within the genus *Capsicum* and the fingerprinting of pepper cultivars, *Genome*, 38(2): 224-231  
<http://dx.doi.org/10.1139/g95-027>  
PMid:7774796
- Prince J.P., Loaiza-Figueroa F., and Tanksley S.D., 1992, Restriction fragment length polymorphism and genetic distance among Mexican accessions of *Capsicum*, *Genome*, 35(5): 726-732  
<http://dx.doi.org/10.1139/g92-112>
- Sanatombi K., Sen-Manidi S., and Sharmc G.J., 2010, DNA profiling of *Capsicum* landraces of manipur, *Scientia Horticulturae*, 124(3): 405-408  
<http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2010.01.006>
- Toquica S.P., Rodríguez F., Martínez E., Duque M.C., and Tohme J., 2003, Molecular characterization by AFLPs of *Capsicum* germplasm from the Amazon department in Colombia, *Genetic Resources and Crop Evolution*, 50(6), 639-647  
<http://dx.doi.org/10.1023/A:1024429320771>
- Wang S.B., Yuan X.H., Zuo X.X., Ma Y.Q., Li H.T., and Yin D.S., 2001, Evaluation of Chinese excellent pepper germplasms, *Jiansu Nongye Xuebao* (*Jiansu Journal of Agricultural Sciences*), 17(4): 244-247 (王述彬, 袁希汉, 邹学校, 马艳青, 李海涛, 印东生, 2001, 中国辣椒优异种质资源评价, 江苏农业学报, 17(4): 244-247)
- Yang R.L., Kong J., Wu X., Deng Z.R., Chen Q., and Liu W.X., 2005, Application of ISSR markers in genetic polymorphism of *Capsicum frutescens* L., *Shanghai Daxue Xuebao* (*Journal of Shanghai University (Natural Science)*), 11(4): 423-426 (杨若林, 孔俊, 吴鑫, 邓志瑞, 陈沁, 刘文轩, 2005, ISSR 标记在辣椒资源遗传多态性分析中的初步应用, 上海大学学报(自然科学版), 11(4): 423-426)
- Zhang L., Yang R.L., Liu W.X., Deng Z.R., and Chen Q., 2003, Genetic similarities among some cultivars of *Capsicum frutescens* L. revealed by RAPD, *Shanghai Daxue Xuebao* (*Journal of Shanghai University (Natural Science)*), 9(5): 433-437, 444 (张璐, 杨若林, 刘文轩, 邓志瑞, 陈沁, 2003, 辣椒部分栽培种遗传相似性的 RAPD 分析, 上海大学学报(自然科学版), 9(5): 433-437, 444)
- Zhou K.H., Fang R., Chen X.J., 2011, SRAP analysis of cultivated species, wild species and progeny from interspecific hybridization in pepper, *Fenzi Zhiwu Yuzhong* (online) (*Molecular Plant Breeding*), 9(29): 1209-1216 (周坤华, 方荣, 陈学军, 2011, 辣椒属栽培种、野生种和种间杂交后代的 SRAP 分析, 分子植物育种(online), 9(29): 1209-1216)