

## 研究报告

## Research Report

# 基于 ISSR 分子标记的皱皮木瓜遗传多样性分析

蒋小刚<sup>1,2</sup> 林先明<sup>1,2</sup> 张美德<sup>1,2</sup> 王华<sup>1,2</sup> 郭坤元<sup>1,2\*</sup>

1 湖北省农业科学院中药材研究所, 国家中药材产业技术体系恩施综合试验站, 恩施, 445000; 2 湖北省农业科技创新中心中药材分中心, 恩施 445000

\* 通信作者, gtdrenhe@163.com

**摘要** 为了研究不同产地皱皮木瓜遗传多样性和亲缘性关系, 本研究利用 10 个 ISSR 多态性引物对 12 份全国皱皮木瓜主产区的木瓜种质资源进行多态性和聚类分析, 结果显示, 各引物多态性百分率范围为 65%~100%, 皱皮木瓜种质资源的遗传相似系数在 0.505 7~0.862 1 之间, 各种质间遗传信息较为丰富, 聚类分析将 12 份种质划分为 3 个组, 第 1 组又分为 2 个亚组, 其中 M4 (湖南省桑植县 -1) 和 M7 (湖南省桑植县 -2) 亲缘关系最近, M1 (云南省洱源县) 和 M10 (湖北省郧西县) 亲缘关系最远。以上结果表明 12 份全国皱皮木瓜主产区的木瓜种质资源具有较高的遗传多样性。

**关键词** 皱皮木瓜, ISSR 分子标记, 遗传多样性, 亲缘关系

## Genetic Diversity Analysis of *Chaenomeles Speciosa* (Sweet) Nakai Based on ISSR Molecular Markers

Jiang Xiaogang<sup>1,2</sup> Lin Xianming<sup>1,2</sup> Zhang Meide<sup>1,2</sup> Wang Hua<sup>1,2</sup> Guo Kunyuan<sup>1,2\*</sup>

1 Institute of Chinese Medicinal Materials, Hubei Academy of Agricultural Sciences, National Traditional Chinese Medicine Industry Technology System Enshi Comprehensive Test Station, Enshi, 445000; 2 Hubei Agricultural Science And Technology Innovation Center Chinese Medicinal Materials Sub-Center, Enshi, 445000

\* Corresponding author, gtdrenhe@163.com

DOI: 10.5376/mpb.cn.2020.18.0014

**Abstract** In order to study the genetic diversity and genetic relationship of *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai from different producing areas, 10 ISSR polymorphic primers were used in the polymorphism and cluster analysis of 12 *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai germplasm resources in the main producing areas. The results showed that the percentage of polymorphism of each primer ranged from 65% to 100%, and the genetic similarity coefficient of *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai germplasm resources ranged from 0.505 7 to 0.862 1. The genetic information of various interstitials was abundant. Cluster analysis divided 12 accessions into 3 groups, and the first group was divided into 2 subgroups. Among them, the relationship of M4 (Sangzhi County-1, Hunan Province) and M7 (Sangzhi County-2, Hunan Province) was closest, the relationship of M1 (Eryuan County, Yunnan Province) and M10 (Yunxi County, Hubei Province) was farthest. These results indicate that there is a high genetic diversity of 12 *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai germplasm resources in the main producing areas of *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai in China.

**Keywords** *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai, ISSR molecular marker, genetic diversity, genetic relationship

本文首次发表在《分子与植物育种》上, 现依据版权所有人授权的许可协议, 采用 Creative Commons Attribution License, 协议对其进行授权, 再次发表与传播

收稿日期: 2020 年 5 月 29 日; 接受日期: 2020 年 6 月 4 日; 发表日期: 2020 年 6 月 11 日

引用格式: 蒋小刚, 林先明, 张美德, 王华, 郭坤元, 2020, 基于 ISSR 分子标记的皱皮木瓜遗传多样性分析, 分子植物育种(网络版), 18(14): 1-8 (doi: 10.5376/mpb.cn.2020.18.0014) (Jiang X.G., Lin X.M., Zhang M.D., Wang H., and Guo K.Y., 2020, Genetic diversity analysis of *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai based on ISSR molecular markers, Fengzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding (online)), 18(14): 1-8 (doi: 10.5376/mpb.cn.2020.18.0014))

皱皮木瓜 *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai, 又名贴梗海棠、贴梗木瓜等, 属于蔷薇科木瓜属植物, 以干燥熟果实入药, 富含苹果酸、酒石酸、枸橼酸等大量有机酸, 还含有过氧化氢酶、鞣质、果胶、黄酮类等物质 (Ros et al., 2004; Du et al., 2013; Miao et al., 2016; Zhang et al., 2016; 张明发和沈雅琴, 2018)。皱皮木瓜原产于我国西南部, 随着不断的变迁, 现湖北、四川、安徽、山东、浙江、陕西、云南等省均有种植, 已形成资丘木瓜、宣木瓜和川木瓜等多个木瓜主产区 (王明明等, 2009; 杨松杰, 2011; Shao et al., 2017)。皱皮木瓜味酸, 性温, 具有很高的药用价值和营养价值 (Xie et al., 2015; 李聪等, 2018; 朱夏雨等, 2019)。

皱皮木瓜在我国种植历史悠久, 种植面积广阔, 具有很大的开发潜力, 但是由于目前木瓜属植物生药性状较为相似, 市场上混伪品较多, 药材质量极不稳定, 这给物种鉴定及安全用药带来了较大的不便, 因此对木瓜属药用植物进行快速准确的鉴定就显得尤为重要和迫切。本研究选取了国内 12 个皱皮木瓜主产区的成熟皱皮木瓜作为实验材料, 提取它们基因组 DNA, 在获得适宜的 DNA 提取方法及 ISSR-PCR 优化扩增体系基础上, 筛选适宜的引物对这 12 种木瓜的基因组 DNA 进行 PCR 扩增, 希望通过这些研究阐明 12 个皱皮木瓜资源的遗传多样性和亲缘关系, 为后期木瓜属药用资源的鉴别分类提供一定研究基础。

## 1 结果与分析

### 1.1 基因组 DNA 提取与检测

提取的 12 份皱皮木瓜种质基因组 DNA 条带清晰、无拖尾, 用中药材通用条形码 ITS2 引物扩增各基因组 DNA, 各条带明亮清晰, 条带大小基本一致 (图 1; 图 2), 以上结果表明提取的皱皮木瓜基因组 DNA 质量较高, 可用于后续 ISSR 遗传多样性分析。

### 1.2 ISSR 引物扩增多态性

用优化的 ISSR-PCR 体系从 100 条 ISSR 引物中筛选出 10 条多态性引物用于皱皮木瓜遗传多样性分析 (图 3; 表 1), 10 条引物在 12 个样本中扩增出 511 条条带, 其中多态性条带数为 355, 多态性条带百分率为 75.3%; 共扩增出 87 个位点, 其中多态性位点数为 74, 多态性位点百分率为 85%。各引物多态性百分率范围为 63%~100%, 其中引物 U873 扩增位点数和多态性位点数最多 (都为 16 条), 引物 U847、



图 1 12 份皱皮木瓜基因组 DNA 电泳图

注: M: DL2000 DNA Marker; 1~12: 12 份皱皮木瓜基因组 DNA  
Figure 1 Twelve genomic DNA electrophoretogram of *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai

Note: M: DL2000 DNA Marker; 1~12: Twelve genomic DNA of *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai

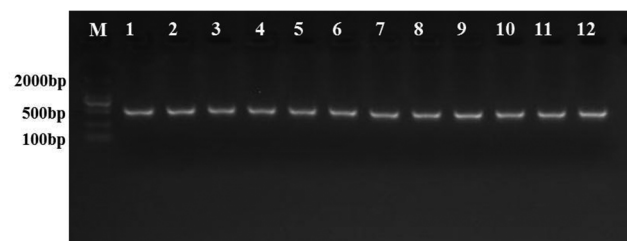


图 2 12 份皱皮木瓜 ITS2 扩增结果

注: M: DL2000 DNA Marker; 1~12: 12 份 ITS2 扩增结果  
Figure 2 Twelve ITS2 amplification results of *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai

Note: M: DL2000 DNA Marker; 1~12: Twelve ITS2 amplification results

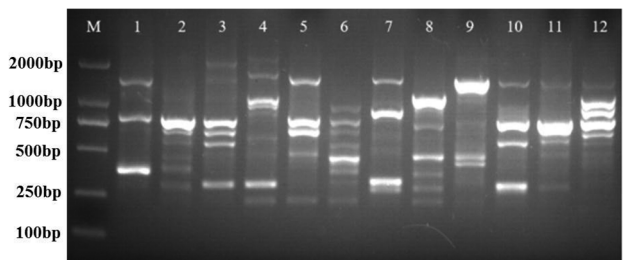


图 3 引物 U873 对 12 份皱皮木瓜资源的扩增结果

注: M: DL2000 DNA Marker; 1~12: 12 份皱皮木瓜资源的扩增结果

Figure 3 Amplification results of twelve *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai resources by primer U873

Note: M: DL2000 DNA Marker; 1~12: Amplification results of twelve *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai resources

U848、U850、U858、U873 多态性条带和多态性位点百分率最高, 都为 100%。扩增结果表明 12 个产地的皱皮木瓜基因型都不同, 且具有丰富的遗传多样性。

### 1.3 遗传相似性和遗传距离分析

用 NTSYS-pc2.10e 软件对不同产地皱皮木瓜种质资源之间的遗传相似性系数 (GS) 和遗传距离 (GD)

表 1 多态性 ISSR 引物信息及扩增情况

Table 1 Polymorphism ISSR primer information and amplification

多态性引物名称 Polymorphic primer names	序列 Sequence	扩增条带数 Amplified bands number	多态性条带数 Polymorphic bands number	扩增位点数 Amplification locus	多态性位点数 Polymorphic locus	多态性位点百分率(%) Percentage of polymorphic locus (%)	条带大小(bp) Stripe size (bp)
U808	(Ag) <sub>8</sub> C	61	37	9	7	78	250~2 000
U810	(gA) <sub>8</sub> T	76	40	9	6	67	150~1 500
U812	(gA) <sub>8</sub> A	61	25	8	5	63	0~1 000
U842	(gA) <sub>8</sub> Yg	60	24	8	5	63	100~2 000
U847	(CA) <sub>8</sub> RC	29	29	7	7	100	500~2 500
U848	(CA) <sub>8</sub> Rg	57	57	11	11	100	100~2 000
U850	(gT) <sub>8</sub> YC	31	31	7	7	100	500~2 500
U858	(Tg) <sub>8</sub> Rg	19	19	5	5	100	100~2 000
U873	(gACA) <sub>4</sub> Ggg	60	60	16	16	100	100~2 500
U881	(Tgggg) <sub>2</sub> Tg	57	33	7	5	71	0~2 500
总数	-	511	355	87	74	-	-
SUM							
平均值	-	51.1	35.5	7.25	6.17	85	-
Average							

进行分析,12 份皱皮木瓜种质 *GS* 值范围为 0.505 7~0.862 1,平均 *GS* 值为 0.713 7,变幅为 0.356 4,大部分种质的 *GS* 值在 0.750 0~0.820 0 之间,其中 *GS* 最大值和 *GD* 最小值在 M4 和 M7 之间,分别为 0.862 1 和 1.463 5,说明 M4 和 M7 之间的遗传相似程度最高,亲缘关系最近;M1 和 M10 之间的 *GS* 值最小,*GD* 最大,表明两者间的遗传相似程度最低,亲缘关

系最远(表 2)。

#### 1.4 聚类分析

用 NTSYS-pc2.10e 软件对 12 份皱皮木瓜材料进行聚类分析(图 4),系统聚类遗传一致度范围为 0.56~0.86,平均值为 0.71,因此可将 12 份材料由上至下划分为 3 组,第一组又可划分为两个亚组,第一亚组包括 M1、M2、M3、M6,第二亚组包括 M4、M7、

表 2 12 份皱皮木瓜材料遗传相似系数和遗传距离

Table 2 Genetic similarity coefficient and genetic distance of twelve *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai materials

编号 Number	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	M9	M10	M11	M12
M1	-	2.2189	2.1438	2.5639	2.6204	2.5639	2.3366	2.2562	3.0538	7.5495	4.0356	2.5639
M2	0.8161	-	1.7741	2.4581	2.7929	2.1682	2.8370	3.0643	3.5542	6.5839	3.8214	2.7566
M3	0.8161	0.8391	-	2.4008	3.0255	2.6907	2.7619	3.2969	4.1505	6.3720	3.7150	2.4008
M4	0.7816	0.7816	0.7816	-	2.5126	2.8030	1.4635	2.5131	2.8814	5.6506	3.1820	1.6908
M5	0.7931	0.7701	0.7471	0.7816	-	2.5126	2.9105	2.2141	2.2925	6.3400	3.5774	1.9242
M6	0.7816	0.8046	0.7586	0.7471	0.7816	-	2.8742	3.1015	2.8814	6.4844	4.8809	2.8030
M7	0.8046	0.7586	0.7586	0.8621	0.7586	0.7471	-	2.0041	2.3366	5.0310	2.9546	2.0041
M8	0.8046	0.7356	0.7126	0.7701	0.8046	0.7241	0.8161	-	2.5639	6.4844	3.8273	2.5131
M9	0.7701	0.7241	0.6782	0.7586	0.8161	0.7586	0.8046	0.7816	-	6.0835	4.0356	2.5639
M10	0.5057	0.5287	0.5287	0.5632	0.5517	0.5172	0.6092	0.5172	0.5747	-	4.6536	4.8809
M11	0.6897	0.6897	0.6897	0.7241	0.7126	0.6092	0.7471	0.6782	0.6897	0.6322	-	2.8742
M12	0.7816	0.7586	0.7816	0.8391	0.8276	0.7471	0.8161	0.7701	0.7816	0.6092	0.7471	-

注: M1~M12 材料编号见表 3; 表格对角线上方表示遗传距离, 对角线下方表示遗传相似系数

Note: M1-M12 materials coding name are are shown in Table 3, Genetic distance (above diagonal) and genetic similarity coefficient (below diagonal)

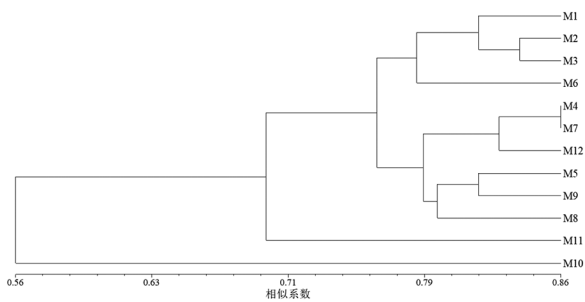


图 4 12 份皱皮木瓜聚类分析

注: M1: 云南省洱源县; M2: 云南省云县; M3: 重庆市纂江县; M4: 湖南省桑植县 -1; M5: 山东省河东区 -1; M6: 四川省宣汉县; M7: 湖南省桑植县 -2; M8: 贵州省正安县; M9: 山东省河东区 -2; M10: 湖北省郧西县; M11: 陕西省洋县; M12: 安徽省宣城市

Figure 4 Cluster map of twelve *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai resources

Note: M1: Eryuan County, Yunnan Province; M2: Yun County, Yunnan Province; M3: Chongjiang County, Chongqing City; M4: Sangzhi County, Hunan Province (1); M5: Hedong District, Shandong Province (1); M6: Xuanhan County, Sichuan Province; M7: Sangzhi County, Hunan Province (2); M8: Zheng'an County, Guizhou Province; M9: Hedong District, Shandong Province (2); M10: Yunxi County, Hubei Province; M11: Yang County, Shanxi Province; M12: Xuancheng, Anhui Province

M12、M5、M9、M8, 第二组为 M11, 第三组为 M10。

## 2 讨论

研究木瓜属种质资源遗传多样性, 对于解决种源混杂问题, 建立品种分类体系, 及进一步的育种研究非常重要(王明明等, 2010)。新型分子标记技术相比传统的形态、细胞学、生化标记技术, 具有标记数量较多、多态性较高, 易检测的优势。比如 ISSR 分子标记技术, 已被应用在多个物种如植物、微生物等的遗传多样性分析中, 而对于木瓜属遗传多样性研究的报道较少, 王明明等(2010)通过 SRAP 分子标记技术将 32 份木瓜栽培材料划分为毛叶木瓜种系、西藏木瓜、皱皮木瓜种系、日本木瓜种系 4 个类群, 通过揭示 4 个种系间的亲缘关系, 发现皱皮木瓜种系分化程度较高。夏永秀等(2010)基于 21 份西藏木瓜属种质材料筛选了 28 对条带清晰、多态性丰富的引物, 为遗传多样性分析奠定基础。目前对皱皮木瓜的研究多集中在利用品质性状评价方法间接揭示皱皮木瓜种系的差异, 发现不同产地皱皮木瓜的有机酸、黄酮、多酚、多糖等含量存在着显著差异(陈亚楠等, 2019), 这些研究为利用分子标记技术揭示皱皮木瓜遗传多

样性提供了依据。

本研究采用 ISSR 分子标记技术对 12 份全国皱皮木瓜资源进行了遗传多样性和亲缘关系分析。多态性 ISSR 引物扩增发现, 引物 U847、U848、U850、U858、U873 多态性条带数和位点数百分率都达到 100%, 各引物百分率  $\geq 63\%$ , 表明 12 份皱皮木瓜具有较丰富的遗传信息。遗传相似性分析发现, 12 份皱皮木瓜种质资源 GS 值范围为 0.505 7~0.862 1, 平均 GS 值为 0.713 7, 表明了 12 份皱皮木瓜资源存在一定遗传差异, 这与陈亚楠等(2019)通过品质性状评价方法揭示不同产地皱皮木瓜的差异相互验证, 研究表明地理分布与亲缘关系具有相关性, 相近地理位置种质倾向聚为一类(Wilson et al., 2001)。本研究将 12 份皱皮木瓜种质资源从上至下划分成 3 组, 第 1 组包括 2 个亚组, 其中 M4 (湖南省桑植县 -1)和 M7 (湖南省桑植县 -2)亲缘关系最近, M1 (云南省洱源县)和 M10 (湖北省郧西县)亲缘关系最远, 进一步分析发现, M1 (云南省洱源县)和 M2 (云南省云县)、M4 (湖南省桑植县 -1)和 M7 (湖南省桑植县 -2)、M5 (山东省河东区 -1)和 M8 (贵州省正安县)分别聚类到一起, 表明产地越近的木瓜品种, 亲缘关系往往更近, 这也进一步证实了本研究结果的可靠性, 以上研究将为皱皮木瓜种质资源鉴定及筛选提供一定基础。

## 3 材料与方法

### 3.1 供试材料

试验材料包括湖北、湖南、安徽等 12 个皱皮木瓜主产地的木瓜样品, 样品编号、产地、地理位置等信息(表 3)。

### 3.2 基因组 DNA 提取及检测

采用新型植物基因组 DNA 试剂盒(北京天根生物科技有限公司)提取新鲜皱皮木瓜果实的基因组 DNA, 用分光光度法和琼脂糖电泳检测 DNA 的浓度和质量, 保存于  $-20^{\circ}\text{C}$  备用。用中药材通用条形码 ITS2 引物(F: 5'-ATGCGATACTTGGTGTGAAT-3'; R: 5'-GACGCTTCTCCAGACTACAAT-3')检测 DNA 是否存在 PCR 反应抑制物。

### 3.3 多态性 ISSR 引物筛选和扩增

本研究所用引物由上海英俊公司合成, 选取两个产地木瓜 DNA 模板, 通过优化的 ISSR-PCR 体系筛选了 10 条多态性好、重复性好、且条带清晰的 ISSR 引物, 优化的  $20\ \mu\text{L}$  PCR 体系为: 模板 DNA 50 ng,

表 3 12 份皱皮木瓜信息

Table 3 The information of twelve *Chaenomeles speciosa* (Sweet) Nakai resources

编号 Number	产地 Producing area	地理位置 Geographic location
M1	云南省洱源县 Eryuan County, Yunnan Province	东经 99°57'3.17", 北纬 26°06'40.07" East longitude 99°57'3.17", North latitude 26°06'40.07"
M2	云南省云县 Yun County, Yunnan Province	东经 100°07'52.00", 北纬 24°26'40.56" East longitude 100°07'52.00", North latitude 24°26'40.56"
M3	重庆市纂江县 Chongjiang County, Chongqing City	东经 106°40'36.98", 北纬 28°36'26.57" East longitude 106°40'36.98", North latitude 28°36'26.57"
M4	湖南省桑植县 -1 Sangzhi County, Hunan Province(1)	东经 110°09'51.41", 北纬 29°23'58.96" East longitude 110°09'51.41", North latitude 29°23'58.96"
M5	山东省河东区 -1 Hedong District, Shandong Province (1)	东经 118°21'23.26", 北纬 35°06'16.74" East longitude 118°21'23.26", North latitude 35°06'16.74"
M6	四川省宣汉县 Xuanhan County, Sichuan Province	东经 108°08'34.04", 北纬 31°26'39.91" East longitude 108°08'34.04", North latitude 31°26'39.91"
M7	湖南省桑植县 -2 Sangzhi County, Hunan Province(2)	东经 110°09'51.41", 北纬 29°23'58.96" East longitude 110°09'51.41", North latitude 29°23'58.96"
M8	贵州省正安县 Zheng'an County, Guizhou Province	东经 107°26'38.47", 北纬 28°33'0.40" East longitude 107°26'38.47", North latitude 28°33'0.40"
M9	山东省河东区 -2 Hedong District, Shandong Province (2)	东经 118°21'23.26", 北纬 35°06'16.74" East longitude 118°21'23.26", North latitude 35°06'16.74"
M10	湖北省郧西县 Yunxi County, Hubei Province	东经 110°04'16.08", 北纬 32°09'12.29" East longitude 110°04'16.08", North latitude 32°09'12.29"
M11	陕西省洋县 Yang County, Shanxi Province	东经 107°32'44.34", 北纬 33°13'21.90" East longitude 107°32'44.34", North latitude 33°13'21.90"
M12	安徽省宣城市 Xuancheng, Anhui Province	东经 118°45'31.18", 北纬 30°56'26.81" East longitude 118°45'31.18", North latitude 30°56'26.81"

2×Taq mix 10 μL, 2.5 μmol/L 引物 2 μL, ddH<sub>2</sub>O 7 μL。

### 3.4 数据处理

在胶图上同一水平位置, 有条带的记为 1, 无条带的记为 0, 用 Excel 软件对数据进行整理, 采用 NTSYS-pc2.1 软件计算遗传相似系数(GS)和遗传距离(GD), 基于遗传相似系数矩阵, 利用 UPGMA 法进行聚类分析。

### 作者贡献

蒋小刚是本研究的执行人, 完成论文初稿的写作; 林先明和张美德协助完成实验; 王华协助完成数据分析处理; 郭坤元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

本研究由国家现代农业产业技术体系建设专项

(CARS-21)、第三批“湖北省青年英才开发计划”项目、湖北省技术创新专项(鄂西民族专项 2019AKB-092)和恩施州科技计划研究与开发项目(D20180016)共同资助。

### 参考文献

- Chen Y.N., Mao Y.Z., Ran H., and Liu S.R., 2019, Detection and differential analysis of fruit organic acids among different local wrinkled papaya varieties (*Chaenomeles speciosa*) by GC-MS, *Guoshu Xuebao* (Journal of Fruit Science), 36(9): 1171-1184 (陈亚楠, 毛运芝, 冉慧, 刘世尧, 2019, 不同地方品种皱皮木瓜有机酸检测与差异分析, *果树学报*, 36(9): 1171-1184)
- Du H., Wu J., Li H., Zhong P.X., Xu Y.J., Li C.H., Ji K.X., and Wang L.S., 2013, Polyphenols and triterpenes from *Chaenomeles* fruits: Chemical analysis and antioxidant activities assessment, *Food Chem.*, 141(4): 4260-4268
- Li C., Xiong H.R., Peng X.M., Wei C.L., Duan L., She H.Y., Zhang C.C., Yuan D., and Liu C.Q., 2018, Protective effects

- of active components extracted from *Chaenomeles Speciosa* on non-alcoholic fatty liver disease, *Xiandai Shipin Keji (Modern Food Science and Technology)*, 34(7): 28-34 (李聪, 熊海容, 彭晓蔓, 魏承亮, 段丽, 余慧宇, 张长城, 袁丁, 刘朝奇, 2018, 木瓜提取物对小鼠脂肪肝的保护作用, *现代食品科技*, 34(7): 28-34)
- Miao J., Zhao C.C., Li X., Chen X.T., Mao X.H., Huang H.H., Wang T.T., and Gao W.Y., 2016, Chemical composition and bioactivities of two common *Chaenomeles* fruits in China: *Chaenomeles speciosa* and *Chaenomeles sinensis*, *J. Food Sci.*, 81(8): 2049-2058
- Ros J.M., Laencina J., Hellin P., Jordan M.J., and Vila R., 2004, Rumpunen K. Characterization of juice in fruits of different *Chaenomeles* species, *LWT-Food Sci. Technol.*, 37(3): 301-307
- Shao W.H., Li Y.J., Diao S.F., Jiang J.M., and Dong R.X., 2017, Rapid classification of Chinese quince (*Chaenomeles speciosa* Nakai.) fruit provenance by near-infrared spectroscopy and multivariate calibration, *Anal. Bioanal. Chem.*, 409(1): 115-120
- Wang M.M., Cheng H.B., Wang J.H., Song Z.Q., and Li S.B., 2010, Genetic relationship of *chaenomeles* cultivars revealed by SRAP analysis, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 43(3): 542-551 (王明明, 陈化榜, 王建华, 宋振巧, 李圣波, 2010, 木瓜属品种亲缘关系的 SRAP 分析, *中国农业科学*, 43(3): 542-551)
- Wang M.M., Wang J.H., Song Z.Q., Li S.B., Qu Y., and Liu J., 2009, Studies on numerical classification of *chaenomeles* cultivars, *Yuanyi Xuebao (Acta Horticulturae Sinica)*, 36(5): 701-710 (王明明, 王建华, 宋振巧, 李圣波, 曲燕, 刘静, 2009, 木瓜属品种资源的数量分类研究, *园艺学报*, 36(5): 701-710)
- Wilson B.L., Kitzmiller J., Rolle W., and Hipkins V.D., 2001, Isozyme variation and its environmental correlates in *Elymus glaucus* from the Californial Floristic Province, *Canadian J. Botany*, 79(2): 139-153
- Xie X.F., Zou G.L., and Li C.H., 2015, Antitumor and immunomodulatory activities of a water-soluble polysaccharide from *Chaenomeles speciosa*, *Carbohydr. Polym.*, 132: 323-329
- Xia Y.X., Zeng X.L., Liao M.A., Pan G.T., Gong J.H., and Ci R. Z.G., 2010, Application of SRAP in germplasm research of *Chaenomeles* in Tibet, *Guoshu Xuebao (Journal of Fruit Science)*, 27(6): 1014-1018 (夏永秀, 曾秀丽, 廖明安, 潘光堂, 龚君华, 次仁卓嘎, 2010, SRAP 在西藏木瓜属种质资源研究中的应用, *果树学报*, 27(6): 1014-1018)
- Yang S.J., 2011, Research Advances on Plant Germplasm Resources of *Chaenomeles*, *Hubei Nongye Kexue (Hubei Agricultural Sciences)*, 50(20): 4116-4150 (杨松杰, 2011, 木瓜属植物种质资源研究进展, *湖北农业科学*, 50(20): 4116-4150)
- Zhang M.F., and Shen Y.Q., 2017, Research advance on pharmacokinetics of oleanolic acid, *Yaowu Pingjia Yanjiu (Drug Evaluation Research)*, 40(11): 1664-1670 (张明发, 沈雅琴, 2017, 齐墩果酸的药动学研究进展, *药物评价研究*, 40(11): 1664-1670)
- Zhang L., Cheng Y.X., Liu A.L., Wang H.D., Wang Y.L., and Du G.H., 2010, Anti-oxidant, anti-inflammatory and anti-influenza properties of components from *Chaenomeles speciosa*, *Molecules*, 15(11): 8507-8517
- Zhu X.Y., Chen L., Li X., and Mo K.J., 2019, Study on bacteriostasis and application of Papaya, *Hubei Minzu Xueyuan Xuebao (Journal of Hubei University for Nationalities (Natural Science Edition))*, 37(1): 19-25 (朱夏雨, 陈露, 李翔, 莫开菊, 2019, 皱皮木瓜的抑菌及其食用性能研究, *湖北民族学院学报(自然科学版)*, 37(1): 19-25)