

研究报告

A Letter

辣椒属栽培种、野生种和种间杂交后代的 SRAP 分析

周坤华^{1,2}, 方荣¹, 陈学军¹

1. 江西省农业科学院蔬菜花卉研究所, 南昌, 330200

2. 江西省农科院油料作物重点实验室, 南昌, 330200

✉ 通讯作者: 19889766@163.com; ✉ 作者

分子植物育种, 2011年, 第9卷, 第29篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0029

收稿日期: 2010年12月09日

接受日期: 2011年03月10日

发表日期: 2011年03月15日

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:

周坤华等, 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 Vol.9 No.29 (doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0029)

摘要 以辣椒栽培种、野生种和种间杂交后代为试材, 采用 SRAP 方法探讨其亲缘关系。用筛选的 20 对 SRAP 引物组合对 41 份辣椒材料进行扩增, 共产生 902 个位点, 多态性位点比例 46.24%, 平均每对引物组合扩增位点 45.1 个。41 份材料两两不同种间 Jaccard 相似系数在 0.709~0.982 之间, 平均为 0.889。通过 UPGMA 聚类分析, 以相似系数 0.831 为阈值, 将 41 份试材归为 *C. annuum* + 种间杂交后代、*C. chinense*、*C. frutescens* 和 *C. baccatum* 4 类。种间杂交后代(*C. annuum* × *C. chinense*)与母本的遗传相似系数随自交世代的增加而加大(0.896~0.956), 与父本的相似系数则维持在 0.767~0.824 之间。海南野生 *C. frutescens* 种质与 *C. annuum* 及美洲 *C. annuum* 种质存在较大的扩增片段差异, 并在用引物组合 Me18-Em21 和 Me9-Em17 扩增时, 分别产生 385 bp 和 50 bp 的特异条带, 可作为海南野生灌木辣椒特征性指纹图谱, 为其保护利用提供分子证据。

关键词 辣椒; 野生灌木辣椒; SRAP; 聚类分析

SRAP Analysis of Cultivated Species, Wild Species and Progeny from Interspecific Hybridization in Pepper

Zhou Kunhua^{1,2}, Fang Rong¹, Chen Xuejun¹

1. Vegetable and Flower Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang, 330200, P.R. China

2. Key Laboratory of Oil Crops, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang, 330200, P.R. China

✉ Corresponding author, 19889766@163.com; ✉ Authors

Abstract Cultivated species, wild species and progeny from interspecific hybridization were used to assess the genetic relationships in pepper by SRAP markers. Twenty primers combinations that could be stably amplified were used to amplify the DNA of 41 pepper accessions. Of the 902 sites produced, 46.24% were polymorphic. Each primer combination amplified an average of 45.1 fragments. Jaccard's similarity between pairs of accessions ranged from 0.709 to 0.982 with a mean of 0.889. The results from UPGMA cluster analysis suggested that 41 accessions could be classified into four groups at similarity coefficient 0.831, they are: *C. annuum* and progeny from interspecific hybridization, *C. chinense*, *C. frutescens* and *C. baccatum*. The similarity coefficient between the progeny from interspecific hybridization (*C. annuum* × *C. chinense*) and the female parent increased with the inbred generations (0.896~0.956), while that between the progeny and the male parent kept among 0.767~0.824. Great diversity of amplification bands was observed among wild *C. frutescens* accession from Hainan, China, *C. annuum* and *C. frutescens* accession from America. The 385 bp band and the 50 bp band generated with Me18-Em21 primer combination and Me9-Em17 primer combination respectively in wild *C. frutescens* from Hainan in China, could be used as fingerprint for the protection and utilization.

Keywords Pepper; Wild *C. frutescens*; SRAP; Cluster analysis

研究背景

辣椒(*Capsicum* spp.)是我国的主要果菜之一, 据考证, 我国现有栽培辣椒是明朝末年从国外引入, 在分类上一般属于一年生辣椒(*Capsicum annuum*) (李曙轩, 1986)。 *C. annuum* 也是世界上栽培

最广泛、类型最丰富的种(Pickersgill, 1997), 根据果实生长习性可以进一步分为长椒、圆锥椒、灯笼椒、簇生椒和樱桃椒等5个变种, 但现代分子生物学技术研究表明, *C. annuum* 遗传基础狭窄, 种内遗传差异小(Paran, et al., 1998; Rodriguez, et al., 1999;

陈学军等, 2006)。因此, 开展辣椒属种间遗传资源, 特别是野生辣椒遗传资源利用研究, 在DNA分子水平上明晰其遗传差异, 对于拓展*C. annuum*遗传基础、改良*C. annuum*种质具有重要意义。

我国野生辣椒种质资源主要分布于云南西双版纳和海南等热带地区, 当地俗称“小米椒”, 在分类上属于灌木辣椒(*C. frutescens*) (中国科学院云南植物研究所, 1979; 庄灿然等, 1995)。我国野生灌木辣椒与一年生辣椒(*C. annuum*)及美洲灌木辣椒的亲缘关系一直是人们非常关注的问题, 但长期以来, 对这一重要野生种质资源的研究主要停留在形态描述和表型分析上(邓明华和文锦芬, 2009, 辣椒杂志, 1: 36-37; 陈学军等, 2009), 尚未见在DNA水平上对其遗传多样性进行评价研究的报道。SRAP分子标记(Sequence-related Amplified Polymorphism)是一种基于PCR的新型分子标记技术(Li and Quiros, 2002), 具有操作简便、快速, 多态性丰富, 重复性好以及不需预知物种序列信息等优点, 是研究者首选的DNA标记技术之一。目前, 该技术已在基因定位、遗传图谱构建和遗传多样性研究等诸多领域广泛应用(王建设等, 2007; 陈锋等, 2007; Ferriol, et al.,

2003; 林忠旭等, 2004)。为此, 作者在前期研究基础上(陈学军等, 2006; 2009), 应用SRAP分子标记技术, 对41份辣椒属栽培种不同类型材料、野生灌木辣椒和种间杂交后代进行分析, 旨在探明我国野生灌木辣椒与美洲灌木辣椒亲缘关系, 以及与一年生辣椒(*C. annuum*)遗传差异, 探讨人工选择条件下种间杂交后代亲缘关系的演化, 为辣椒的分类、种间优异基因的利用及新材料创制提供理论参考。

1 结果与分析

1.1 SRAP扩增结果

以B₉₄₃₁和H108基因组DNA进行SRAP引物组合的筛选, 从198对引物组合中筛选出多态性丰富、扩增谱带清晰的引物组合20对。20对引物组合共在902个位点扩增出条带, 扩增条带最多的引物组合是Me8-Em21, 为70条; 最少的是Me10-Em2和Me10-Em8, 仅有28条; 平均每个引物组合扩增位点45.1个。多态性位点385个, 多态性比例为46.24%(图1)。扩增谱带大小在50~2 000 bp之间, 且主要分布在100~700 bp范围。

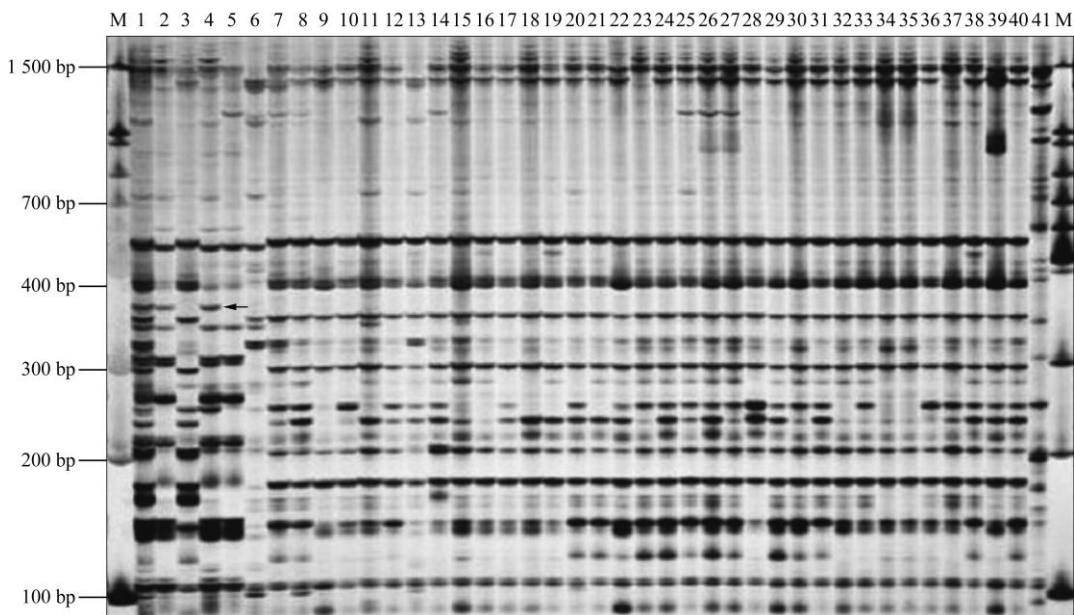


图1 引物组合Me8/Em21的SRAP扩增结果

注: 1-41为种质代号; 箭头所指为野生灌木辣椒特异片段; M为DNA marker

Figure 1 The SRAP amplified profile using the primers combination Me8/Em21

Note: 1-41 are the accession code listed in table 1; The arrow marked specific bands of wild *C. frutescens*; M is DNA marker

1.2 遗传相似性分析

1.2.1 种间及种内遗传相似系数

以902个位点的谱带数据为矩阵, 41份辣椒材料共获得820个遗传相似系数, 其范围在

0.709~0.982之间, 平均为0.889 (表1)。其中, 种质15与种质16遗传相似系数最大, 达到0.982, 种质1与种质41、种质2与种质3遗传相似系数最小, 均为0.709。

表1 辣椒遗传相似系数分析

Table 1 Analysis on the similarity correlation on SRAP in pepper

遗传相似系数总数 Total number	总范围/平均值 Range/mean	<i>C. annuum</i> 范围/平均值 Range/mean in <i>C. annuum</i>	<i>C. frutescens</i> 范围/平均值 Range/mean in <i>C. frutescens</i>	种间范围与平均值 Range/mean among <i>C. specise</i>	种间杂交后代范围/平均值 Range/mean in progeny from interspecific hybridization
820	0.709~0.982/0.889	0.923~0.982/0.944	0.885~0.920/0.902	0.738~0.770/0.755	0.878~0.932/0.908

29份 *C. annuum* 材料遗传相似系数在0.923~0.982之间, 平均0.944。3份 *C. frutescens* 种质遗传相似系数在0.885~0.920之间, 平均为0.902, 其中, 种质2与种4遗传相似系数为0.920, 分别大于种质2与种质5 (0.901)及种质4与种质5 (0.885)遗传相似系数。4个种间遗传相似系数在0.738~0.770之间, 平均为0.755。明显小于 *C. annuum* 及 *C. frutescens* 种内遗传相似系数。种质2、4和5与 *C. annuum* 平均相似系数依次为0.730、0.733和0.750, 说明我国海南野生灌木辣椒种质(种质2, 4)与 *C. annuum* 亲缘关系要远于美洲灌木辣椒(种质5)与 *C. annuum* 亲缘关系。

1.2.2 种间杂交后代遗传相似系数

种间杂种(种质1)与母本遗传相似系数为0.854, 大于其与父本的遗传相似系数(0.786)。6份种间杂交后代遗传相似系数在0.878~0.932之间, 平均为0.908。从表2看到, 不同世代种间杂交后代与母本 (*C. annuum*)的遗传相似系数, 随世代增加而提高; 至F₄代, 种间杂交后代与母本的遗传相似系数平均为0.950, 已超过 *C. annuum* 种间遗传相似系数平均值。而与父本的遗传相似系数, 不同世代间则无明显变化, 处于较低水平。

表2 种间杂交后代与双亲间遗传相似系数

Table 2 The similarity correlation between progeny from interspecific hybridization and their parents

亲本 Parents	种质代号 Code						平均 Mean
	13 (F ₂)	7 (F ₃)	8 (F ₃)	9 (F ₃)	11 (F ₄)	12 (F ₄)	
母本 Female parent	0.896	0.918	0.913	0.923	0.943	0.956	0.925
父本 Male parent	0.824	0.767	0.791	0.806	0.791	0.772	0.792

1.3 野生灌木辣椒的特异扩增片段

野生灌木辣椒种质2和种质4在用引物组合 Me8-Em21和Me9-Em17扩增时, 分别产生1条特异扩增片段, 它们是Me8-Em21/385 bp (图1)和Me9-Em17/50 bp。这2条特异片段都能将海南野生灌木辣椒种质与美洲灌木辣椒种质及其他材料有效区分开来, 可作为海南野生灌木辣椒特征性指纹图谱, 为其鉴定、保持和利用提供分子证据。

1.4 聚类分析

利用SRAP多态性条带所得的遗传相似性矩

阵, 经过聚类分析构建供试材料的亲缘关系树状图(图2)。以相似系数0.831为阈值, 41份材料分为4大群, 即 *C. annuum*+种间杂交材料类群、*C. frutescens*类群、*C. chinense*类群和 *C. baccatum*类群。在 *C. annuum* +种间杂交材料类群中, 包含所有的 *C. annuum* 材料和种间杂交材料; 野生种质2、4与美洲种质5则构成 *C. frutescens* 类群, 种质6和种质41分别聚为 *C. chinense* 类群和 *C. baccatum* 类群。

C. annuum +种间杂交材料类群在相似系数0.907处可分为4组, 第I组包含所有 *C. annuum* 材料

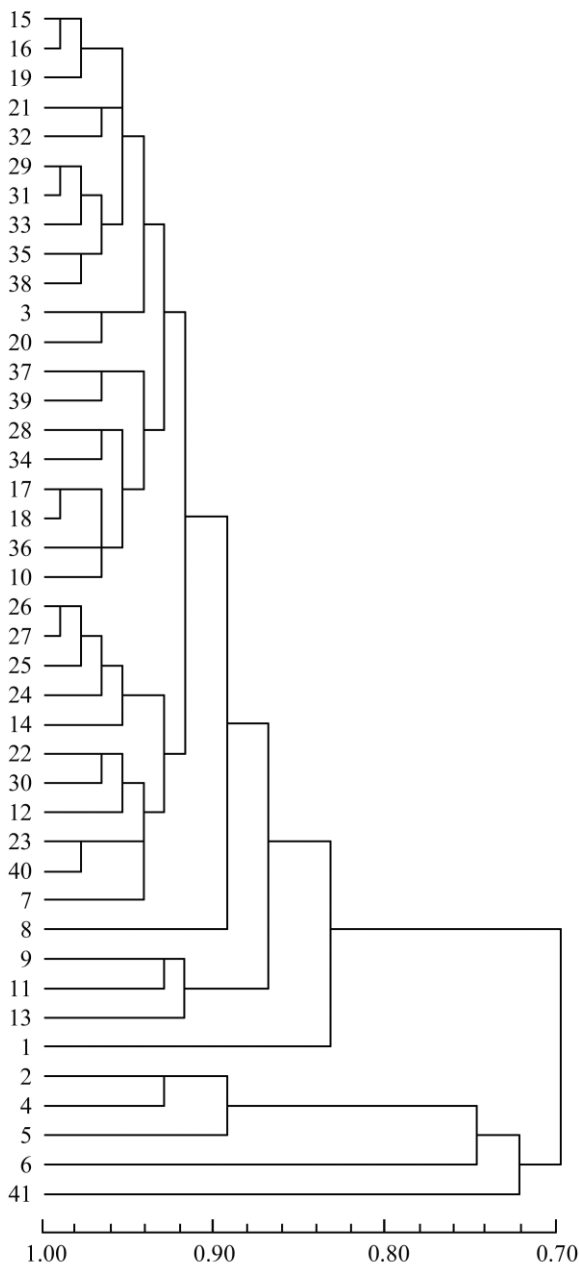


图2 41份辣椒材料SRAP聚类图

Figure 2 Cluster analysis of 41 accessions in pepper based on SRAP data

和种间杂交后代AC3-2-1 (种质7)、AC4-7-3-1 (种质12); 第II组为种间杂交材料AC3-6-8 (种质8); 第III组由种质9、11和13组成, 它们都是源于*C. annuum*×*C. chinense*种间杂交后代, 第IV组为种间杂种B₉₄₃₁×H108。

第I组在相似系数0.921处进一步分为2个亚组, 第1亚组有种质3、10、15、16、17、18、19、

20、21、28、29、31、32、33、34、35、36、37、38和39, 包含了*C. annuum*中的长椒、圆锥椒和簇生椒种质, 如大果形牛角椒(种质15, 16, 19和21)、早熟羊角椒(种质3, 29, 31, 32和33)和线椒(种质17, 18和20)等种质都归于此类。第2亚组有种质7、12、14、22、23、24、25、26、27、30和40, 包含了*C. annuum*中的灯笼椒、樱桃椒、圆锥椒、长椒和2个种间杂交材料, 所有甜椒材料(种质14, 24, 25, 26和27)都归于此类。

2 讨论

基于SRAP技术, 本研究对41份不同类型辣椒材料进行了分析, 扩增片段的多态性比例高达46.24%, 材料间遗传相似系数变幅从0.709~0.982之间, 平均为0.889; 其中, *C. annuum*材料之间遗传相似系数在0.923~0.982之间, 平均0.944, 显著高于41份材料的变幅及总均值, 说明辣椒属种间变异大于种内变异, *C. annuum*遗传基础狭窄, 这与基于RAPD和AFLP技术的研究结果是一致的(Paran, et al., 1998; Rodriguez, et al., 1999; 陈学军等, 2006)。

在供试的29份*C. annuum*材料中, 一部分形态和生物学性状类似的种质首先聚在一起, 如种质14、15和16均为大果、中熟牛角椒品种, 种质24、25、26和27均为甜椒品种。但总的来看, 基于SRAP标记的分子聚类与*C. annuum*形态分类并不对应, 如第1小组和第2小组均有长椒和圆锥椒材料。其原因一方面可能是辣椒为常异交自花授粉作物, *C. annuum*不同亚种及不同品种之间容易因天然杂交而产生基因转移现象; 另一方面, 人工引种打破了地理隔离的界限, 强大的人工选择压力, 使品种间基因转移和交换过程加快, 而一些稀有变异类型也可能在品种改良过程中丢失。

海南野生灌木辣椒植株高大、叶阔卵形, 花冠绿白色, 果实单生或双生, 果顶直立向上, 纺锤状, 晚熟, 味香辣, 当地素有采食习惯。本研究结果显示: 海南野生灌木辣椒具有美洲同类种质所没有的特异条带, 它们之间的遗传相似系数平均为0.893, 远低于*C. annuum*材料间的遗传相似系数, 说明海南野生灌木辣椒与美洲灌木辣椒存在较大的遗传差异。此外, 海南野生灌木辣椒与*C. annuum*遗传相似系数平均为0.732, 要小于美洲灌木辣椒

种质与 *C. annuum* 遗传相似系数(0.750), 表明海南野生灌木辣椒与 *C. annuum* 亲缘关系要稍远于美洲灌木辣椒与 *C. annuum* 亲缘关系。我国海南地区气候条件和生态环境与中南美洲类似, 可能是因为地理隔离或起源地的不同, 才导致海南野生灌木辣椒与美洲灌木辣椒有较大的 SRAP 扩增位点差异。

种间杂交是实现基因转移的重要途径, 本研究对辣椒种间杂交材料进行了 SRAP 分析, 结果显示, 随着自交世代的增加, 种间杂交材料与其母系亲本 (*C. annuum*) 遗传相似系数越来越大, 至 F_4 代, 遗传相似系数已达 0.943~0.956, 达到 *C. annuum* 种内亲缘关系水平。而与父系亲本 (*C. chinense*) 相似系数则无显著变化, 仍处于较低水平。这可能是因为人工选择多倾向于选择综合性状优良的单株进行自交留种, 而 *C. annuum* 已长期人工驯化栽培, 相比于其他栽培种或野生种, *C. annuum* 具有更广的适应性和更佳的商品性, 因此, 人工选择结果使种间杂交后代迅速向 *C. annuum* 遗传背景转化。已有研究表明, *C. chinense* 和 *C. frutescens* 具有抗多种病害的有利性状 (Monma and Sakata, 1997; Bosland, 2000; Souza and Cafe Filho, 2003; Khaderk et al., 2007), 因此, 通过种间杂交途径可以将 *C. chinense* 或 *C. frutescens* 抗病基因转移至 *C. annuum* 中, 从而拓展 *C. annuum* 遗传基础, 创新辣椒种质。

3 材料与方法

3.1 供试材料

选取有代表性的辣椒材料共 41 份 (表 3), 其中 *C. annuum* 材料 29 份, 分属于长椒、圆锥椒、灯笼椒、簇生椒和樱桃椒等 5 个变种; *C. frutescens* 种质 3 份, 含中国海南野生种质 2 份, 美国种质 1 份; *C. chinense* 和 *C. baccatum* 各 1 份; 种间杂种 *C. annuum* × *C. frutescens* (F_1) 1 份, 种间杂交后代 *C.*

annuum × *C. chinense* (F_2 ~ F_4) 6 份。

2009 年 3 月 16 日播种育苗, 4 月 25 日定植, 每个材料定植 20 株。SRAP 试验于 2009 年 6~11 月在江西省农科院油料作物重点实验室进行。

3.2 DNA 提取

在辣椒生长盛期采摘植株嫩叶, 采用改良 CTAB 法 (Murry and Thompon, 1980) 提取基因组 DNA。用 UV-1240 型紫外分光光度计检测 DNA 溶液浓度与纯度, 并将其稀释为 50 ng/μl, -20°C 保存备用。

3.3 引物组合筛选与反应体系

以材料 B₉₄₃₁ 和 H108 基因组 DNA 为模板, 筛选 SRAP 引物组合。从 198 对引物组合中筛选出多态性好、扩增条带稳定的引物组合 20 对进行本试验分析。PCR 反应体系参照本试验室优化的 10 μL 体系进行 (周坤华等, 2010), 其中 Taq 酶 0.75U、Mg²⁺ 0.6 mmol/L、dNTPs 0.2 mmol/L、引物 0.8 μmol/L、模板 DNA 50 ng。PCR 反应在 Eppendorf 公司的 PCR 仪中进行, 扩增程序为: 94°C 5 min; 94°C 1 min, 35°C 1 min, 72°C 1 min, 5 个循环; 94°C 1 min, 50°C 1 min, 72°C 1 min, 35 个循环; 72°C 10 min, 4°C 保存。

PCR 产物采用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶 (7 mol/L) 尿素电泳, 电泳缓冲液为 1 × TBE, 70w 恒功率电泳 1.5 小时。银染法 (许绍斌等, 2002) 染色显影, 在荧光灯上观察分析条带。

3.4 数据统计分析

将电泳图谱上清晰的条带记为“1”, 同一位置没有条带记为“0”, 获得数据矩阵。用 Ntsys2.0 软件计算遗传相似系数并进行聚类分析, 遗传相似系数 (genetic similarity, GS) 以 Jaccard 系数表示, UPGMA 方法聚类, 得到亲缘关系树状图。

表 3 41 份辣椒材料代号及来源

Table 3 The 41 pepper accessions codes and origin

代号 code	材料 Accession	种类 Specise	来源 Origin
1	B ₉₄₃₁ ×H108 (F ₁)	<i>C. annuum</i> × wild <i>C. frutescens</i>	中国江西 Jiangxi, China
2	H108	wild <i>C. frutescens</i>	中国海南 Hainan, China
3	B ₉₄₃₁	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国江西 Jiangxi, China
4	H101	wild <i>C. frutescens</i>	中国海南 Hainan, China
5	PT439527	<i>C. frutescens</i>	美国 USA#
6	PI439487	<i>C. chinense</i>	美国 USA#
7	AC3-2-1 (F ₃)	progeny from <i>C. annuum</i> × <i>C. chinense</i>	中国江西 Jiangxi, China
8	AC3-6-8 (F ₃)	progeny from <i>C. annuum</i> × <i>C. chinense</i>	中国江西 Jiangxi, China
9	AC3-15-4 (F ₃)	progeny from <i>C. annuum</i> × <i>C. chinense</i>	中国江西 Jiangxi, China
10	B9-5	<i>C. annuum. var. conoides</i>	中国贵州 Guizhou, China
11	AC4-2-1-1 (F ₄)	progeny from <i>C. annuum</i> × <i>C. chinense</i>	中国江西 Jiangxi, China
12	AC4-7-3-2 (F ₄)	progeny from <i>C. annuum</i> × <i>C. chinense</i>	中国江西 Jiangxi, China
13	AC2-3 (F ₂)	progeny from <i>C. annuum</i> × <i>C. chinense</i>	中国江西 Jiangxi, China
14	黄灯笼 Huangdenglong	<i>C. annuum. var. grossum</i>	中国江苏 Jiangsu, China
15	湘潭晚椒 Xiangtan Wanjiao	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国湖南 Hunan, China
16	牛角椒 A Niujiuojia A	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国江西 Jiangxi, China
17	二金条 Erjintiao	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国四川 Sichuan, China
18	长线椒 Changxianjiao	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国江西 Jiangxi, China
19	202 牛角椒 Niujiuojia 202	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国湖南 Hunan, China
20	8819 线椒 8819 Xianjiao	<i>C. annuum. Var. fascicutatum</i> Stur	中国陕西 Shanxi, China
21	大牛角 Daniujiuojiao	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国江西 Jiangxi, China
22	PI264281	<i>C. annuum. var. conoides</i>	美国 USA#

续表 3

Continuing table 3

代号 code	材料 Accession	种类 Specise	来源 Origin
23	PI592815	<i>C. annuum. var. cerasiforme</i>	美国 USA#
24	黄皮甜椒 A Huangpi tianjiao A	<i>C. annuum. var. grossum</i>	中国北京 Beijing, China
25	湘甜 2 号 Xiangtian No. 2	<i>C. annuum. var. grossum</i>	中国湖南 Hunan, China
26	哈椒 1 号 Hajiao No. 1	<i>C. annuum. var. grossum</i>	中国黑龙江 Heilongjiang, China
27	黄皮甜椒 B Huangpi tianjiao B	<i>C. annuum. var. grossum</i>	中国北京 Beijing, China
28	耐湿椒 Naishijiao	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国江西 Jiangxi, China
29	鸡爪椒 Jizhuajiao	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国浙江 Zhejiang, China
30	砧木 3 号 Zhenmu No. 3	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国山东 Shandong, China
31	特早 B21-1 Tezao B21-1	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国江西 Jiangxi, China
32	早熟 GX Zaoshui GX	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国湖南 Hunan, China
33	伏地尖 Fudijian	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国湖南 Hunan, China
34	W101	<i>C. annuum. var. longum</i>	中国广东 Guangdong, China
35	三樱椒 Sanyingjiao	<i>C. annuum. var. fasciculatum</i>	日本 Japan
36	G1042	<i>C. annuum. var. conoides</i>	中国广东 Guangdong, China
37	赣南紫椒 Gannan Zijiao	<i>C. annuum. var. conoides</i>	中国江西 Jiangxi, China
38	簇生朝天椒 Cusheng Chaotianjiao	<i>C. annuum. var. fasciculatum</i>	中国贵州 Guizhou, China
39	朝天椒 Chaotianjiao	<i>C. annuum. var. fasciculatum</i>	日本 Japan
40	紫晶朝天椒 Zijing Chaotianjiao	<i>C. annuum. var. conoides</i>	中国北京 Beijing, China
41	PI241679	<i>C. baccatum</i>	智利 Chile#

注: #引自美国国家种质资源实验室, 其它材料来自江西省农业科学院蔬菜花卉研究所

Note: # Introduced from National Germplasm Resources Laboratory, USA, and the other accessions provided by Vegetable and Flower Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences

作者贡献

周坤华、方荣是本研究的实验设计和实验研究的执行人;
周坤华完成数据分析, 论文初稿的写作; 方荣参与论文修改;
陈学军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

本研究由国家自然科学基金项目(30860173)和(31060203)

资助。

参考文献

- Bosland P.W., 2000, Sources of curly top virus resistance in *Capsicum*, HortScience, 35(7): 1321-1322
- Chen F., Zhang J.F., Chen S., Gu H., and Qi C.K., 2007, SRAP markers linked to recessive genic male sterile gene in rapeseed (*Brassica napus* L.), Jiangsu Nongye Xuebao (Jiangsu J. Agr. Sci.), 23(4): 283-288 (陈锋, 张洁夫, 陈松, 顾慧, 戚存扣, 2007, 甘蓝型油菜隐性核不育基因的 SRAP 标记, 江苏农业学报, 23(4): 283-288)
- 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 Horticulturiae 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., 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量学研究, 江西农业学报, 21(1): 31-34)
- Ferriol M., Pico B., and Nuez F., 2003, Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita* pepo using SRAP and AFLP markers, Theor. Appl. Genet., 107: 271-282
- Khaderk M.A., Anandhi K., Umamaheshwaran K., and Kumar V., 2007, Response of bird pepper (*Capsicum frutescens* L.) genotypes to leaf curl virus, XVI international plant protection congress, 2007: 714-715
- Li G., and Quiros C.F., 2001, Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica, Theor. Appl. Genet., 103: 455-461
- Li S.X., 1986, Vegetable cultivation, China Agricultural Press, Beijing, China, pp. 227-230 (李曙轩, 1986, 蔬菜栽培学各论, 中国农业出版社, 中国, 北京, pp. 227-230)
- Lin Z. X., Zhang X.L., and Nie Y.C., 2004, Evaluation of application of a new molecular marker SRAP analysis of F₂ segregation population and genetic diversity in cotton, Yichuan Xuebao (Acta Genetica Sinica), 31(6): 622-626 (林忠旭, 张献龙, 聂以春, 2004, 新型标记 SRAP 在棉花 F₂ 分离群体及遗传多样性评价中的适用性分析, 遗传学报, 2004, 31 (6): 622-626)
- Monma S., and Sakata Y., 1997, Screening of *Capsicum* accessions for resistance to cucumber mosaic virus, Journal of the Japanese Society for Horticultural Science, 65(4): 769-776
- Murry H.G., and Thompon W.F., 1980, Rapid isolation of higher weight DNA. Nucleic Acid. Res., 8: 4321
- Paran I., Aftergoot E., and Shiffriss C., 1998, Variation in *Capsicum annuum* revealed by RAPD and AFLP markers., Euphytica, 99: 167-174
- Pickersgill B., 1997, Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp., Euphytica, 96: 129-133
- Rodriguez J.M., Berke T., Engle L., and Nienhuis J., 1999, Variation among and within *Capsicum* species revealed by RAPD markers, Theor. Appl. Genet., 99: 147- 56
- Souza V.L., and Cafe Filho A.C., 2003, Resistance to *Leveillula taurica* in the genus *capsicum*. Plant Pathology, 52(5): 613-619
- Wang J.S., Yao J.C., Liu L., Wang Y.J., and Li W., 2007, Construction of a molecular genetic map for melon (*Cucumis melo* L.) based on SRAP, Yuanyi Xuebao (Acta Horticulturiae Sinica), 34(1): 135-140 (王建设, 姚建春, 刘玲, 王永健, 李唯, 2007, 利用中国香瓜与哈密瓜的 F₂ 群体构建 SRAP 连锁遗传图谱, 园艺学报, 34(1): 135-140)
- Xu S.B., Tao Y.F., Yang Z.Q., and Chu J.Y., 2002, A Simple and rapid methods used for silver staining and gel preservation, Yichuan (Hereditas), 24(3): 335-336 (许绍斌, 陶玉芬, 杨昭庆, 褚嘉祐, 2002, 简单快速的 DNA 银染和胶保存方法, 遗传, 24 (3): 335-336)
- Yunnan Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, 1979, Flora of Yunnan, volume 2, Science Press, Beijing, China, pp.561 (中国科学院云南植物研究所, 1979, 云南植物志, 第二卷, 科学出版社, 中国, 北京, pp.561)
- Zhou K.H., Fang R., Chen X.J., Miao N.S., and Wang W.L., 2010, Optimization of SRAP-PCR system in pepper using orthogonal design and selection of primers, Jiangxi Nongye Daxue Xuebao (Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis), 32(3): 0595-0600 (周坤华, 方荣, 陈学军, 缪南生, 王悟亮, 2010, 正交设计优化辣椒 SRAP-PCR 反应体系及引物筛选, 江西农业大学学报, 32(3): 0595-0600)
- Zhuang C.R., Lv J.D., and Liang Y.Q., 1995, Chinese chilli. China Agricultural Scientific and Technical Press, Beijing, China, pp.13-24 (庄灿然, 吕金殿, 梁耀琦, 1995, 中国干制辣椒, 中国农业科技出版社, 中国, 北京, pp.13-24)