

研究报告

A Letter

13 个国兰品种遗传关系的 SRAP 分析

何俊蓉¹, 蒋彧¹, 孙淑霞¹, 刘菲^{1,2}, 叶兰香¹, 王海娥¹, 卓碧萍¹

1.四川省农业科学院园艺所, 成都, 610066

2.西南交通大学, 成都, 610031

✉ 通讯作者: junrh@126.com; ✉ 作者

分子植物育种, 2011 年, 第 9 卷, 第 86 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0086

收稿日期: 2011 年 05 月 20 日

接受日期: 2011 年 06 月 24 日

发表日期: 2011 年 06 月 29 日

这是一篇采用 Creative Commons Attribution License 进行授权的开放获取论文。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:

何俊蓉等, 2011, 13 个国兰品种遗传关系的 SRAP 分析, 分子植物育种 Vol.9 No.86 (doi: 10.5376/mpb.cn.2011.09.0086)

摘要 本研究利用 64 对 SRAP 引物对国兰 13 个品种进行遗传亲缘关系分析。从 64 对引物中筛选出 57 对多态性高的引物, 共产生 746 条扩增带, 其中有 738 个多态性位点, 总的位点多态性比率为 98.9%, 平均每对引物组合产生的位点数为 13 个位点; 采用 ntsyspc2.02 软件对国兰 13 样品的 SRAP 扩增结果进行统计分析, 国兰样品间的相似性系数分布在 0.625~0.831 之间; 利用 UPMGA 类平均聚类法对遗传相似系数进行分析并构建系统树, 聚类结果与传统分类基本一致, 初步证明利用 SRAP 分子标记技术对国兰进行亲缘关系分析的可靠性。

关键词 国兰; SRAP; 遗传多样性

Genetic Relationships Analysis of 13 Cultivars of Chinese Cymbidium Based on SRAP Molecular Markers

He Junrong¹, Jiang Yu¹, Sun Shuxia¹, Liu Fei^{1,2}, Ye Lanxiang¹, Wang Hai'e¹, Zhou Biping¹

1. Institute of Horticulture, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu, 610066, P.R. China

2. China Southwest Jiaotong University, Chengdu, 610031, P.R. China

✉ Corresponding author, junrh@126.com; ✉ Authors

Abstract This research analyzed the genetic diversity of the 13 Chinese *Cymbidium* samples through 64 SRAP primer pairs. 746 bands were generated by selected 57 highly polymorphic primer pairs, with each primer combination generated average 13 bands, and 738 polymorphic bands were detected, accounting for 98.9% of the total. The similarity coefficient between samples distributed between 0.625-0.831 with software ntsyspc2.02. Meanwhile, we calculated the genetic similarity coefficient by NTSYS-pc and constructed the dendrogram by UPMGA. The clustering results are basically consistent with the traditional classification, the preliminary proof proved that it was reliable to analyze the genetic relationship of China orchid with SRAP molecular markers.

Keywords Chinese *Cymbidium*; SRAP; Genetic diversity

研究背景

SRAP 又称为基于序列扩增多态性(Sequence Based Amplified Polymorphism, SBAP)是由美国加州大学蔬菜系 Li 和 Quiros 博士于 2001 年正式提出的一种基于 PCR 的新型分子标记技术(Li and Quiros, 2001)。该标记采用一对引物对开放阅读框(ORFs)进行扩增, 上下游引物分别针对基因外显子中 GC 含量丰富和启动子、内含子中 AT 含量丰富的区域进行扩增。因不同个体的内含子、启动子与间隔区长度不等而产生多态性(张彤等, 2009)。

SRAP 标记具有简便、稳定、中等产率、不需预知物种的序列信息的特点, 近年来已应用于植物遗传多样性分析、种质鉴定、遗传图谱构建、目的基因寻找及其定位和比较基因组学研究(Ferriol et al., 2004; Budak et al., 2004; Li et al., 2003; Fu et al., 2007), 尤其在蔬菜(朱坚等, 2007; 王惠哲等, 2009; 雷剑和柳俊, 2006; 吴红等, 2009)、水果(马明等, 2007; 咎逢刚等, 2009; 曾柏全等, 2008)、农作物(武志朴等, 2005; 吴洁等, 2005; 徐进等, 2008; 秦贺兰等, 2010; 林忠旭等, 2004)以及药用植物(齐树杰等,

2009; 杨向晖等, 2009; 王长林等, 2009; 俞旭平等, 2009, 中草药, 40: 243-245)中得到应用。

国兰, 兰科(Orchidaceae)兰属(*Cymbidium*)植物, 被列为中国十大名花之首。国兰花色素淡, 清雅不艳, 享有‘天下第一香’的美誉, 且具有独特的内涵与意境, 具有极高的观赏价值。兰科植物杂交范围很宽, 种间, 甚至属间亦能杂交; 且变异性很大, 中间类型多, 种的界限不清楚, 为兰花品种的研究带来困难。本文应用 SRAP 技术比较国兰品种

间的遗传关系, 试图进一步探明其品种鉴定及其分类依据。

1 结果与分析

1.1 国兰 SRAP 引物扩增多态性分析

在64对引物组合中(表1), 有57对可以对国兰14样品扩增出较多特异性条带(图1)。57对引物共扩增出746条带, 其中有738个多态性位点, 总的位点多态性比率为98.9%, 平均每对引物组合产生的位点数为13个位点。

表1 研究采用的引物序列及组合

Table 1 Study used a Primer sequences and combinations

| 正向引物 Forward primer | 反向引物 Reverse primer |
|------------------------|------------------------|
| me1 TGAGTCCAAACCGGAAG | em1 GACTGCGTACGAATTGTC |
| me2 TGAGTCCAAACCGGATA | em2 GACTGCGTACGAATTCTG |
| me3 TGAGTCCAAACCGGTAA | em3 GACTGCGTACGAATTCCA |
| me4 TGAGTCCAAACCGGAAT | em4 GACTGCGTACGAATTCCG |
| me5 TGAGTCCAAACCGGAGG | em5 GACTGCGTACGAATTAAC |
| me6 TGAGTCCAAACCGGTGT | em6 GACTGCGTACGAATTGCC |
| me7 CTGGCGAACTCCGGATG | em7 GACTGCGTACGAATTGAG |
| me8 GGTGAACGCTCCGGAAG | em8 GACTGCGTACGAATTTGC |

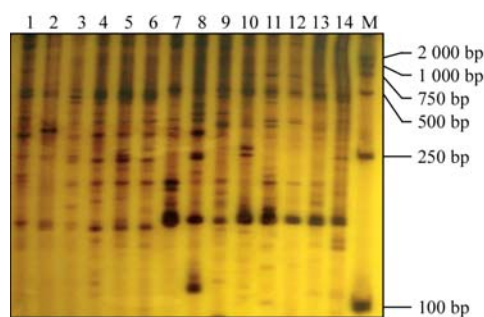


图1 引物 me7/em7 对国兰 14 样品的 SRAP 扩增电泳图

Figure 1 The SRAP amplified band patterns of 14 Chinese *Cymbidium* samples by the primer pair me7/em7

注: M: DL2000, maker; 1: 金边墨兰; 2: 墨兰(不是素心); 3: 皇冠蝶; 4: 隆昌素; 5: 叶艺隆昌素; 6: 隆昌素根状茎; 7: 宋梅; 8: 蕙兰; 9: 建兰三星蝶; 10: 龙泉荷; 11: 余蝴蝶; 12: 翠盖荷; 13: 张荷素; 14: 17 号

Note: M: DL2000, maker; 1: *Cymbidium sinense* with golden edge; 2: *Cymbidium sinense*; 3: Huangguandie; 4: Longchangsus; 5: Longchangsus with golden edge; 6: Rhizome with Longchangsus; 7: Songmei (L); 8: Huilan; 9: Sanxingdie; 10: Longquanhe; 11: Yuhudie; 12: Cuigai; 13: Zhanghesu; 14: Number 17

1.2 国兰品种间相似性分析

采用ntsyspc2.02软件对国兰14样品的SRAP扩增结果进行统计分析, 得出其相似性系数矩阵表, 见表2。其中, 国兰样品间的相似性系数分布在0.625~0.831之间。皇冠蝶与隆昌素试管苗之间的相似性系数最大(0.831), 表明两者之间的遗传距离最近; 叶艺隆昌素与龙泉荷之间的相似性系数最小(0.625), 其亲缘关系最远。

1.3 国兰样品的 SRAP 聚类分析

利用ntsyspc2.02软件进行数据分析, 选用UPGMA法生成聚类分析树状图(图2)。由图可知, 蕙兰、春兰、春剑、墨兰、建兰的遗传距离都相距较远。金边墨兰与墨兰在0.803处聚类; 春剑里除了叶艺隆昌素外聚为一群; 余蝴蝶、翠盖荷及张荷素聚合, 龙泉荷和宋梅则是单独一支。

表 2 供试材料的相似性系数矩阵

Table 2 Similarity coefficients matrix of the tested simples

| 序号 No. | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 |
|-----------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| 1 | 1.000 | | | | | | | | | | | | | |
| 2 | 0.803 | 1.000 | | | | | | | | | | | | |
| 3 | 0.818 | 0.795 | 1.000 | | | | | | | | | | | |
| 4 | 0.772 | 0.782 | 0.831 | 1.000 | | | | | | | | | | |
| 5 | 0.669 | 0.692 | 0.714 | 0.765 | 1.000 | | | | | | | | | |
| 6 | 0.749 | 0.740 | 0.792 | 0.808 | 0.753 | 1.000 | | | | | | | | |
| 7 | 0.670 | 0.685 | 0.716 | 0.708 | 0.650 | 0.690 | 1.000 | | | | | | | |
| 8 | 0.666 | 0.676 | 0.696 | 0.685 | 0.630 | 0.662 | 0.653 | 1.000 | | | | | | |
| 9 | 0.745 | 0.733 | 0.761 | 0.756 | 0.650 | 0.741 | 0.694 | 0.669 | 1.000 | | | | | |
| 10 | 0.725 | 0.708 | 0.755 | 0.728 | 0.625 | 0.710 | 0.698 | 0.643 | 0.714 | 1.000 | | | | |
| 11 | 0.784 | 0.756 | 0.795 | 0.781 | 0.654 | 0.751 | 0.704 | 0.684 | 0.760 | 0.764 | 1.000 | | | |
| 12 | 0.771 | 0.767 | 0.795 | 0.787 | 0.676 | 0.745 | 0.739 | 0.678 | 0.760 | 0.780 | 0.815 | 1.000 | | |
| 13 | 0.753 | 0.757 | 0.786 | 0.767 | 0.658 | 0.731 | 0.710 | 0.658 | 0.740 | 0.747 | 0.776 | 0.782 | 1.000 | |
| 14 | 0.670 | 0.688 | 0.721 | 0.689 | 0.631 | 0.669 | 0.681 | 0.647 | 0.670 | 0.698 | 0.720 | 0.739 | 0.753 | 1.000 |

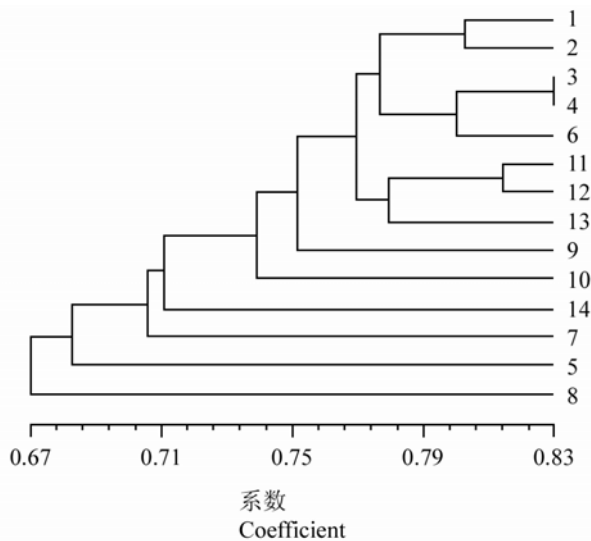


图 2 14 国兰样品的聚类分析图

注: 1:金边墨兰; 2: 墨兰 3: 皇冠蝶; 4: 隆昌素 6: 隆昌素根状茎; 11: 余蝴蝶; 12: 翠盖荷; 13: 张荷素; 9: 建兰三星蝶; 10: 龙泉荷; 14: 17 号; 7: 宋梅; 5: 叶艺隆昌素; 8: 蕙兰

Figure 2 The dendrogram of phylogenetic relationship of 14 simples of *Chinese Cymbidium*

Note: 1: *Cymbidium sinense* with golden edge; 2: *Cymbidium sinense*; 3: Huangguandie; 4: Longchangsu; 6: Rhizome with Longchangsu; 11: Yuhudie; 12: Cuigai; 13: Zhanghesu; 9: Sanxingdie; 10: Longquanhe; 14: Shiqihao; 7: Songmei(L); 5: Longchangsu with golden edge; 8: *Cymbidium faberi* "Shengcao"

2讨论

SRAP是新一代基于PCR的分子标记系统,该技术通过独特的双引物设计对基因的ORFs (Open reading frames)的特定区域进行扩增,对基因相对较少的着丝粒和端粒附近区域的扩增较少。SRAP图谱具有多态性高、重复性好、操作简便、引物具有通用性、在基因组中分布均匀等特点,且双向引物可两两搭配组合,降低引物成本,使得SRAP标记更加经济实用。

实验采用13样品进行SRAP分析的聚类结果中,春剑品种中除了叶艺隆昌素聚为一类,叶艺隆昌素是四川省农业科学院园艺研究所培育的隆昌素变异品种,其叶片布满金色丝线,通体黄绿色,目前尚未开花,隆昌素金边的叶片叶绿体如何发生变异的原理尚未了解。春兰中余蝴蝶、翠盖荷、张荷素的亲缘关系较近,向建兰三星蝶、龙泉荷、17号杂交苗和宋梅靠拢。17号杂交苗由两个春兰品种杂交而来,与聚类分析结果吻合。

试验中,选取的实验材料类型包括有激素处理过的试管苗,田间苗,杂交试管苗以及兰花的根状茎。结果表明试管苗、根状茎亦可作为提取植物基因组的材料,这为某些名贵兰花品种的基因提取提

供另一途径。实验结果显示, 聚类结果与形态学分类基本符合, 与花朵特征并未连锁聚类。本研究初步证明利用 SRAP 分子标记技术对国兰进行亲缘关系分析的可靠性

3 实验材料与方法

3.1 供试材料

表3供试材料及其花朵特征

Table 3 The chinese *Cymbidium* cultivars and their characteristics of the flowers used in this study

| 序号 Code | 中文名 Chinese name | 学名 Scientific name | 种类 Species | 花朵特征 Characteristics of the flowers |
|------------|--|--------------------------|--|---|
| 1 | 金边墨兰 <i>Cymbidium sinense</i> with golden edge | Molanjinbian | 墨兰 <i>Cymbidium sinense</i> | 竹叶瓣; 花瓣和萼片紫红色, 蕊柱和唇瓣杂色 Petal like baboo; petal and sepal purple; gynostemium and labellum variegated |
| 2 | 墨兰(不是素心) <i>Cymbidium sinense</i> | Molan | 墨兰 <i>Cymbidium sinense</i> | 竹叶瓣; 花瓣和萼片暗紫色, 蕊柱和唇瓣杂色 Petal like baboo; petal and sepal purple; gynostemium and labellum variegated |
| 3 | 皇冠蝶 Huangguandie | Huangguandie | 春剑 <i>Cymbidium longibracteatum</i> | 副瓣蝶化; 花瓣和萼片杂色, 蕊柱和唇瓣杂色 Lateral sepal butterfied; petal and sepal variegated; gynostemium and labellum variegated |
| 4 | 隆昌素 Longchangsu | Longchangsu | 春剑 <i>Cymbidium longibracteatum</i> | 水仙瓣; 花瓣和萼片绿色, 蕊柱和唇瓣纯净无杂色 Petal like narcissus; petal and sepal green; gynostemium and labellum pure |
| 5 | 叶艺隆昌素 Longchangsu golden edge | Longchangsu with an | 春剑 <i>Cymbidium longibracteatum</i> | 无花 No flowers |
| 6 | 隆昌素根状茎 Rhizome Longchangsu | Longchangsu with | 春剑 <i>Cymbidium longibracteatum</i> | 水仙瓣; 花瓣和萼片绿色, 蕊柱和唇瓣纯净无杂色 Petal like narcissus; petal and sepal green; gynostemium and labellum pure |
| 7 | 宋梅 Songmei(L) | Songmei | 春兰 <i>Cymbidium goeringii</i> | 无花 No flowers |
| 8 | 蕙兰 <i>Cymbidium faberi</i> “Shengcao” | Huilanshengcao faberi | 蕙兰 <i>Cymbidium faberi</i> | 无花 No flowers |
| 9 | 建兰三星蝶 Sanxingdie | Sanxingdie | 建兰 <i>Cymbidium ensifolium</i> | 花瓣蝶化; 花瓣和萼片浅绿色, 蕊柱和唇瓣杂色 Petal butterfied; petal and sepal green; gynostemium and labellum variegated |
| 10 | 龙泉荷 Longquanhe | Longquanhe | 春兰 <i>Cymbidium goeringii</i> | 荷瓣; 花瓣和萼片绿色, 蕊柱和唇瓣杂色 Petal like water lily; petal and sepal green; gynostemium and labellum variegated |

供试样品 14 个, 包括 13 个国兰品种和一个国兰品种的根状茎, 取至四川省农业科学院园艺所(表 3), 取样品新鲜幼嫩叶片 2~3 片, 趁鲜提取 DNA。

3.2 DNA 的提取

取 14 个样品嫩叶, 采用改良后的 CTAB 法提取样品基因组 DNA 并检测质量(唐效蓉等, 2006)。

续表 3

Continuing table 3

| 序号 Code | 中文名 Chinese name | 学名 Scientific name | 种类 Species | 花朵特征 Characteristics of the flowers |
|------------|---------------------|-----------------------|---------------------------|---|
| 11 | 余蝴蝶 Yuhudie | Yuhudie | 春兰 Cymbidium goeringii | 绿色多瓣奇花; 花瓣和萼片绿色, 蕊柱和唇瓣杂色 Green, much disc; wonderful; petal and sepal green; gynostemium and labellum variegated |
| 12 | 翠盖荷 Cuigai | Cuigai | 春兰 Cymbidium goeringii | 荷瓣; 花瓣和萼片绿色, 蕊柱和唇瓣杂色 Petal like water lily; petal and sepal green; gynostemium and labellum variegated |
| 13 | 张荷素 Zhanghesu | Zhanghesu | 春兰 Cymbidium goeringii | 荷瓣; 花瓣和萼片绿色, 蕊柱和唇瓣纯净无杂色 Petal like water lily; petal and sepal green; gynostemium and labellum pure |
| 14 | 17 号 Shiqihao | Shiqihao | 杂交 Hybrid | 无花 No flowers |

3.3 SRAP 反应

反应体系为 25 μ L, 其中模版 100 μ g, dNTPs 0.25 mmol/L, 引物 0.3 μ mol/L, Mg^{2+} 2 mmol/L, *Taq* 酶 1 U, 不足部分用 ddH₂O 补充。PCR 扩增程序为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 50 $^{\circ}$ C 复性 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 2 min, 44 个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min, 4 $^{\circ}$ C 保存。扩增产物用 6% PAGE 胶分离, 上样前用小的注射器反复清洗点样孔。点样后, 先用 200 V 电压预电泳 20 min, 然后用 300 V 恒压电泳至二甲苯青条带泳至胶约 1/2 处, 电泳过程中确保胶板温度不高于 50 $^{\circ}$ C 以免玻璃板破裂。电泳后将清洗后的胶置于硝酸银染色液中染色, 再把清洗后的胶放入预冷的显影液中显影, 然后拍照、保存。

3.4 数据分析

采用 Jaccardps 相似系数, 使用 NTSYS 软件, 非加权组平均法(UPGMA)进行聚类分析。相似系数计算公式为: $S_{ij} = a/(a+b+c)$, 其中 a 表示两份样品共有带数, b 表示 i 样品特有的条带数, c 表示 j 样品特有的条带数。

作者贡献

何俊蓉是项目的构思者及负责人, 指导实验设计、数据分析、论文的修改; 蒋戡、刘菲、叶兰香是本研究的实验设计、实验研究的执行人及完成数据分析、论文的撰写; 孙淑霞参与实验设计、实验结果分析, 王海娥、卓碧萍参与实验设计。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究四川省科技支撑计划(09ZC1745)、“十二五”四川省财政基因工程特色花卉项目、草本花卉新品种选育资助。

参考文献

- Budak H., Shearman R.C., Parmaksiz I., Gaussoin R.E., Riordan T.P., and Dweikat I., 2004, Molecular characterization of Buffalograss germplasm using sequence related amplified polymorphism markers, *Theor. Appl. Genet.*, 108(2): 328-334
- Ferriol M., Pico B., Fernández de Córdova P., and Nuez F., 2004, Molecular diversity of a germplasm collection of squash (*Cucurbita moschata*) determined by SRAP and AFLP markers, *Crop Science Society of America*, 44(2): 653-664
- Fu F.Y., Liu L.Z., Chai Y.R., Chen L., Yang T., Jin M.Y., Ma A.F., Yan X.Y., Zhang Z.S., and Li J.N., 2007, Localization of QTLs for seed color using recombinant inbred lines of *Brassica napus* in different environment, *Genome*, 50(9): 840-854
- Lei J., and Liu J., 2006, Identification of a SRAP marker linked to bacterial wilt resistance in diploid potato, *Zhongguo Malingshu (Chinese Potato Journal)*, 20(3): 150-153(雷剑, 柳俊, 2006, 一个与马铃薯青枯病抗性连锁的 SRAP 标记筛选, *中国马铃薯*, 20(3): 150-153)
- 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(2-3): 455-461
- Li G., Gao M., Yang B., and Quiros C.F., 2003, Gene for gene alignment between the *Brassica* and *Arabidopsis* genomes by direct transcript to me mapping, *Theor. Appl. Genet.*, 107(1): 168-180
- Lin Z.X., Zhang X.L., and Nie Y.C., 2004, Evaluation of application of a new molecular marker SRAP on 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*, 31(6): 622-626)
- Ma M., Yang K.Q., Liu X.J., Sun M.G., and Guo Q.R., 2007, Establishment of SRAP marker reaction system in WALNUT, *Shandong Nongye Daxue Xuebao (Journal of Shandong Agricultural University (Natural Science Edition))*, 38(2): 189-192 (马明, 杨克强, 刘晓菊, 孙明高, 郭起荣, 2007, 核桃(*Juglans regia*) SRAP 标记反应体系建立的研究, *山东农业大学学报(自然科学版)*, 38(2): 189-192)
- Qi S.J., Shen D., Li Y., Zhang Q.D., and Li Q.D., 2009, Establishment and Optimization of SRAP Reaction System in *Glehnia littoralis*, *Zhongguo Nongxue Tongbao (Chinese Agricultural Science Bulletin)*, 25(24): 73-77 (齐树杰, 沈镒, 李颖, 张钦德, 李庆典, 2009, 北沙参 SRAP 分子标记体系的建立与优化, *中国农学通报*, 25(24): 73-77)
- Qin H.L., Cao J., Yao S.C., Zhang X.X., 2010, SRAP identification of pink flower sport from chrysanthemum with small flowers, *Northern Horticulture*, 2: 111-113 (秦贺兰, 曹靖, 姚士才, 张西西, 2010, 小菊花色芽变品系的 SRAP 鉴定, *北方园艺*, 2: 111-113)
- Tang X.R., Shen X.B., Chen M.G., Li W.P., Yang J., Yi H., and Gong Y.Z., 2006, The DNA extraction of needle of *Pinus massoniana*, *Hunan Linye Keji (Hunan Forestry Science and Technology)*, 33(5): 1-4 (唐效蓉, 申响保, 陈明皋, 李午平, 杨骏, 易宏, 龚玉子, 2010, 马尾松针叶 DNA 抽提, *湖南林业科技*, 33(5): 1-4)
- Wang C.L., Guo Q.S., and Wu Y.M., 2009, Genetic diversity of *Changium smyrnioides* based on SRAP, *Zhongguo Zhongyao Zazhi (China Journal of Chinese Materia Medica)*, 34(24): 3180-3183 (王长林, 郭巧生, 武玉妹, 2009, 明党参遗传多样性的 SRAP 分子标记, *中国中药杂志*, 34(24): 3180-3183)
- Wang H.Z., Li S.J., and Guan W., 2009, Analysis on the genetic relationship of four types of cucumber germplasms by SRAP markers, *Shengwu Jishu Tongbao (Biotechnology Bulletin)*, 12:76-79 (王惠哲, 李淑菊, 管炜, 2009, 应用 SRAP 标记分析黄瓜的遗传差异, *生物技术通报*, 12: 76-79)
- Wu H., Lin Q., Lei K.R., Chen X., Jiang X.Y., and Tao W.L., 2009, Establishment and optimization of SRAP-PCR amplification system in loofah, *Zhongguo Nongxue Tongbao (Chinese Agricultural Science Bulletin)*, 25(04): 30-34 (吴红, 林清, 雷开荣, 陈旭, 蒋晓英, 陶伟林, 2009, 丝瓜 SRAP-PCR 体系建立与优化, *中国农学通报*, 25(04): 30-34)
- Wu J., Tan W.F., He J.R., Pu Z.G., Wang D.Y., Zhang Z.S., Zhang F.F., and Yan W.Z., 2005, Construct on of SRAP linkage map and QTL mapping for starch content in sweet potato, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 3(6): 841-845 (吴洁, 谭文芳, 何俊蓉, 蒲志刚, 王大一, 张正圣, 詹付凤, 阎文昭, 2005, 甘薯 SRAP 连锁图构建淀粉含量 QTL 检测, *分子植物育种*, 3(6): 841-845)
- Wu Z.P., Yang W.X., Liu D.Q., and Zhang T., 2005, Establishment of SRAP technique system in wheat genome, *Hebei Nongye Daxue Xuebao (Journal of Agricultural University of Hebei)*, 28(3): 66-69 (武志朴, 杨文香, 刘大群, 张汀, 2005, 小麦基因组 SRAP 扩增体系的初步研究, *河北农业大学学报*, 28(3): 66-69)
- Xu J., Zhang X.X., Dong A.X., Wang T., and Zhao L.J., 2008, Genetic relationship of some cultivars of petunia hybrids using SRAP marker, *Yuanyi Xuebao (Acta Horticulturae Sinica)*, 35(12): 1837-1842 (徐进, 张西西, 董爱香, 王涛, 赵梁军, 2008, 部分矮牵牛品种亲缘关系的 SRAP 分析, *园艺学报*, 35(12): 1837-1842)
- Yang X.H., Huang J.F., Fu J.X., and Xie J.H., 2009, Optimization for SRAP-PCR system of *Clausena lansium* based on orthogonal design, *Yaredai Zhiwu Kexue (Subtropical Plant Science)*, 38(4): 27-30 (杨向晖, 黄建峰, 傅嘉欣, 谢江辉, 2009, 黄皮 SRAP 反应体系优化正交试验研究, *亚热带植物科学*, 38(4): 27-30)
- Zan F.G., Wu Z.D., Zeng Q., Zhang H.Y., Li M.F., and Zheng X.Q., 2009, Genetic diversity analysis of litchi germplasm by SRAP markers, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 7(3): 562-568 (咎逢刚, 吴转娣, 曾淇, 张惠云, 李明芳, 郑学勤, 2009, 荔枝种质遗传多样性的 SRAP 分析, *分子植物育种*, 7(3): 562-568)
- Zeng B.Q., Deng Z.N., Yang Y.H., and Xiong X.Y., 2008, SRAP marker reaction system for *Citrus reticulata* in Hunan, *Zhongnan Linye Keji Daxue Xuebo (Journal of*

Central South University of Forestry & Technology), 28(6): 71-74 (曾柏全, 邓子牛, 杨迎花, 熊兴耀, 2008, 湖南宽皮柑橘 SRAP 的反应体系, 中南林业科技大学学报, 28(6): 71-74)

Zhang T., Qu S.P., and Cui C.S., 2009, Application of SRAP marker on genetics and breeding of vegetable crops, Dongbei Nongye Daxue Xuebao (Journal of Northeast Agricultural University), 40(1): 119-122 (张彤, 屈淑平, 崔崇士, 2009, SRAP标记在蔬菜作物遗传育种中的应用, 东北农业大学学报, 40(1): 119-122)

Zhu J., Gao W., Lin B.D., Sun S.J., Zheng Z., Yang J., and Xie B.G., 2007, SRAP analysis of *Flammulina velutipes* germplasm resources, Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition), 36(2): 154-158 (朱坚, 高巍, 林伯德, 孙淑静, 郑昭, 杨洁, 谢宝贵, 2007, 金针菇种质资源的 SRAP 分析, 福建农林大学学报(自然科学版), 36(2): 154-158)



5thPublisher是一个致力于科学与文化传播的中文出版平台

在5thPublisher上发表论文, 任何人都可以免费在线阅读您的论文

- ※同行评审, 论文接受严格的高质量的评审
- ※在线发表, 论文一经接受, 即刻在线发表
- ※开放取阅, 任何人都可免费取阅无限使用
- ※快捷搜索, 涵盖谷歌学术搜索与知名数据库
- ※论文版权, 作者拥有版权读者自动授权使用

在线投稿: <http://5th.sophiapublisher.com>