

SRAP 标记与形态学标记在西瓜 DUS 测试中的比较

刘丽娟^{1,2}, 舒烈波^{1,2}, 罗利军^{1,2}, 陈海荣¹

(¹上海市农业生物基因中心, 上海 201106; ²华中农业大学植物科学学院/作物遗传改良国家重点实验室, 武汉 430070)

摘要:以 28 个西瓜品种为研究对象, 分别采用 21 对 SRAP 引物标记和 54 个用于 DUS 测试的形态学标记对其进行遗传多样性分析, 其中 SRAP 引物在不同品种间的多态信息含量 (PIC) 在 52.5% ~ 89.2% 之间, 平均值为 72.0%, 计算得到的各材料间相似系数在 0.92 至 0.99 之间, 而形态学标记统计得到各材料间相关系数在 0.50 到 0.85 之间。采用 UPGMA 法对所有材料进行聚类分析, SRAP 分子标记聚类划分成 4 类, 形态学标记将其划分为 5 类。对两种标记所得的结果进行相关性分析得出两者的相关系数为 0.218, 表明形态学标记和 SRAP 标记在这些材料上表现的相关性不是很高, 但在品种鉴定和区别上 SRAP 标记表现出一定的优势, 可以作为 DUS 测试的一种有益补充。

关键词: DUS 测试; 遗传多样性; SRAP 标记; 形态学标记

Comparison of Morphological and SRAP Markers in Watermelon (*Citrullus lanatus*) DUS Test

LIU Li-juan^{1,2}, SHU Lie-bo^{1,2}, LUO Li-jun^{1,2}, CHEN Hai-rong¹

(¹ Shanghai Agrobiological Gene Center, Shanghai 201106; ² National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement/College of Plant Science, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

Abstract: The tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) are necessary steps for identification and authorization of new varieties. Twenty-one SRAP markers and 54 morphological traits for DUS tests were used for diversity analysis of 28 watermelon (*Citrullus lanatus*) varieties. Average polymorphism information content (PIC) of the SRAP markers was 0.72, ranging from 52.5% to 89.2% and the correlation coefficients of varieties ranged from 0.92 to 0.99. The correlation coefficients ranged from 0.50 to 0.85 in the morphological traits test. Cluster analysis of the banding patterns using UPGMA analysis separated the varieties into four (SRAP markers) and five (morphological) groups. The correlation coefficient between two markers was 0.218, showing no significance correlation. But the SRAP markers showed some advantages in varieties identification, which indicates to be appropriate supplement for DUS test.

Key words: DUS test; Genetic diversity; SRAP; Morphological traits

西瓜 (*Citrullus lanatus*) 是我国重要的果品, 其果实汁多味甜、营养丰富, 为盛夏季节消暑、解渴的佳品^[1]。近年来由于西瓜育种的进步, 种质资源日益丰富, 为西瓜的品种创新奠定了坚实的基础, 但同时也对西瓜的遗传多样性鉴定和新品种测试与保护工作提出了新的挑战。

要对西瓜新品种进行测试与保护就必须制定

DUS 测试标准。DUS 测试指的是特异性 (Distinctness)、一致性 (Uniformity) 和稳定性 (Stability)。植物新品种 DUS 测试是保证植物新品种授权客观、公正和准确的基础, 是检测授权品种有效的技术保障, 是查处植物品种假冒侵权案件的技术手段^[2]。建立和完善 DUS 测试技术体系, 对于植物新品种知识产权保护的健康和持续发展有着重要作用和现实意

收稿日期: 2010-07-30 修回日期: 2011-06-16

基金项目: 农业部“948”专项 (2004-Z30、2005-Z18); 上海市科委技术标准专项 (05DZ05003)

作者简介: 刘丽娟, 硕士研究生, 研究方向为蔬菜新品种鉴定与资源发掘利用。E-mail: liulijuan1888@163.com

舒烈波、罗利军贡献同第一作者

通讯作者: 陈海荣, 研究员。E-mail: chr@sagc.org.cn

义。1999 年,中国成为 UPOV 第 39 个成员国,植物新品种保护条例正式在中国实施^[3]。

传统的 DUS 测试技术体系以形态特征测试为基础,包括标准统一的形态学特征或农艺性状的选择、测试技术规程,以及基于这些性状的数据库。然而形态学特征具有稳定性差、受环境影响大、耗费时间长等缺点^[4],基于基因组的 DNA 指纹图谱技术具有简单、准确、多态性丰富等优点,可以区别表型上难以区分的品种^[5],目前已经有多种 DNA 标记技术,比如随机序列扩增多态性(RAPD)^[6-7]、限制性片段扩增多态性(AFLP)^[8-9]、微卫星标记(SSR)^[10-11]等在品种鉴定、遗传多样性评价等方面获得了广泛的应用,但很少有系统地将两者组合进行对比分析。进行形态学和 DNA 分子标记的综合分析有利于克服形态学标记的缺点,完善 DUS 测试体系,可以保证植物新品种授权的客观、公正和快速、准确,对于植物新品种知识产权保护的健康和持续发展有着重要作用和现实意义^[12-13]。

本文以 DUS 形态学特征测试技术为基础,结合序列相关扩增多态性(SRAP)标记^[14],对 28 个不同类型的西瓜品种的遗传关系进行比较分析,旨在为西瓜种质资源鉴定和创新、分子标记辅助育种等提供科学依据,为进一步完善 DUS 测试技术提供必要参考。

1 材料与方法

1.1 材料与试剂 供试的 28 个西瓜品种为中国农业科学院蔬菜花卉研究所提供用于 DUS 测试用的标准品种和测试品种,具体名称列于表 1。其中,108B、

145A、145B、146A、146B 和 142A 为测试品种,其余为标准品种。

SRAP 标记引物由上海生工生物工程技术公司合成;dNTPs、Tag 酶、MgCl₂、10 × Reaction Buffer 购于上海申能博彩生物技术有限公司。

1.2 SRAP 测试

将供试材料的种子消毒后,置于培养皿中,先在 4℃ 冰箱放置 2 ~ 3d,之后转入 25℃ 培养箱中培养。待幼苗长到 3 叶期时,剪取叶片,采用改良的 CTAB 法提取 DNA^[15]。

引物设计参考 Li 等^[14]的方法,引物序列如表 2 所示。按照如下步骤进行 PCR 扩增,即在 20 μl 反应体系中,模板 DNA 为 50ng, Mg²⁺ 浓度为 2.0 mmol/L, dNTPs 浓度为 0.2 mmol/L,引物浓度为 1.0 μmol/L, Tag 酶用量为 1U。扩增程序为先 94℃ 预变性 5min,接着的 5 个循环按 94℃ 变性 1min、35℃ 复性 1min、72℃ 延伸 1min 的程序进行;之后的 30 个循环将复性温度提高到 51℃,其他的条件保持不变,最后 72℃ 延伸 7min。扩增结束后将 PCR 产物 94℃ 变性处理 5min 后在 6% 聚丙烯酰胺凝胶(含 7mol/L 尿素)中以 60W 的恒定电功率电泳 30 ~ 40min 至指示剂到达胶板底端,取出凝胶进行银染显色^[16]。

表 2 实验所用 SRAP 引物组合

Table 2 Primer sequences used for SRAP analysis

序号 No.	正向引物 Forward primers	反向引物 Reverse primers
1	5'TGACTCCAAACCGGAAT-3'	5'GACTGCGTACGAATTTGC-3'
2	5'TGACTCCAAACCGGAAT-3'	5'GACTGCGTACGAATTATG-3'
3	5'TGACTCCAAACCGGACC-3'	5'GACTGCGTACGAATTTGC-3'
4	5'TGACTCCAAACCGGAAG-3'	5'GACTGCGTACGAATTATT-3'
5	5'TGACTCCAAACCGGATG-3'	5'GACTGCGTACGAATTAAT-3'
6	5'TTCAGGCTGGCCGGATG-3'	5'GACTGCGTACGAATTATT-3'
7	5'GGTGAACGCTCCGGAAG-3'	5'GACTGCGTACGAATTATT-3'
8	5'TGACTCCAAACCGGTAA-3'	5'GACTGCGTACGAATTAAT-3'
9	5'TGACTCCAAACCGGTCC-3	5'GACTGCGTACGAATTCGA-3
10	5'TGACTCCAAACCGGTCC-3	5'GACTGCGTACGAATTATT-3'
11	5'TGACTCCAAACCGGTCC-3	5'GACTGCGTACGAATTTGC-3'
12	5'TGGGGACAACCCGGCTT-3	5'TGTGGTCCGCAAAATTTAG-3'
13	5'TGACTCCAAACCGGATA-3	5'TGTGGTCCGCAAAATTTAG-3'
14	5'TGACTCCAAACCGGAGC-3'	5'GACTGCGTACGAATTATT-3'
15	5'TGACTCCAAACCGGATG-3'	5'GACTGCGTACGAATTAAT-3'
16	5GGTGAACGCTCCGGAAG-3'	5'GACTGCGTACGAATTCAA-3'
17	5'TGACTCCAAACCGGGCT-3'	5'GACTGCGTACGAATTCGA-3'
18	5'TGGGGACAACCCGGCTT-3'	5'GACTGCGTACGAATTCGA-3'
19	5'TGACTCCAAACCGGTGC-3	5'GACTGCGTACGAATTTGC-3'
20	5'TGACTCCAAACCGGATG-3'	5'GACTGCGTACGAATTAAT-3'
21	5'TGACTCCAAACCGGATG-3'	5'TGTGGTCCGCAAAATTTAG-3'

表 1 材料列表

Table 1 Materials list

序号 No.	品种名称 Variety	序号 No.	品种名称 Variety
1	都一号	15	黑蜜四倍体
2	蜜宝 97-106	16	黑蜜 2 号
3	无权早 31-1	17	卡红
4	信白 91-2	18	An-SearLet
5	早花 26-2	19	108B
6	中育 10 号	20	春红玉
7	郑州 2000-1357	21	早春红玉
8	郑杂 5 号	22	145A
9	黄皮带黄线	23	145B
10	红一号	24	146A
11	黄皮京欣一号	25	146B
12	sugar-lee	26	142A
13	Tomato-Seed	27	黑美人先系
14	长灰短蔓	28	日本短蔓

1.3 形态学测试

将 28 份试验材料种植在上海市农业生物基因中心试验基地。试验采用随机区组设计,重复 3 次,

株距为 50cm,按照 UPOV 的西瓜 DUS 测试要求对 54 个性状进行了测试(表 3)。

表 3 DUS 测试性状调查表

Table 3 Morphological traits of watermelon varieties evaluated for DUS test

序号 No.	性状 Trait	序号 No.	性状 Trait	序号 No.	性状 Trait
1	种子形状	19	真叶颜色	37	果实形状
2	种皮底色	20	真叶是否后绿	38	果实大小
3	种皮复色类型	21	真叶斑点	39	果实脐部形状
4	种皮色斑分布	22	真叶缺刻程度	40	果脐大小
5	种子表面光滑度	23	真叶边缘波状	41	果实蒂部形状
6	种脐斑	24	真叶叶柄长度	42	果蒂大小
7	子叶大小	25	第一雄花开放节位	43	果实表面霜
8	子叶绿色程度	26	雌花花蕾顶部形状	44	果实表面平滑度
9	子叶是否后绿	27	第一雌花开放节位	45	果皮复色
10	子叶是否斑点	28	雌花花瓣大小(宽)	46	果皮复色花条
11	子叶脉凹陷	29	两性花	47	果实复色深浅
12	下胚轴高低(长度)	30	子房形状	48	果皮硬度
13	植株形态	31	子房大小	49	果皮厚度
14	植株蔓上分枝	32	子房茸毛	50	果肉颜色
15	植株主蔓粗度	33	果实外皮颜色	51	果肉硬度
16	植株长度	34	果实花纹	52	果肉纤维
17	真叶形状	35	果柄长度	53	果肉可溶性固形物
18	真叶大小(宽度)	36	果柄粗度	54	果肉酸味

1.4 数据收集和分析方法

对于 SRAP 标记的条带数据,按扩增条带的有无进行记录,有赋值为 1,无赋值为 0,得到原始数据矩阵,对所有条带数据进行统计分析并按照如下公式计算其多态信息含量(PIC)^[17]:

$$PIC_i = 1 - \sum_j P_{ij}^2$$

其中, P_{ij} 指的是标记 i 的第 j 个带型出现的频率。

同时为了能将形态学数据和 SRAP 标记数据进行比较分析,将形态学数据划分为质量性状和数量性状两大类,对于质量性状,按照性状的有无分别赋值,有记为 1,无记为 0;对于数量性状而言,按照 UPOV 的划分标准,参照 Giancola 等^[18]的方法,转换成二元数据矩阵。

采用 NTSYS-PC 2.02 软件,按 Nei 等^[19]的方法计算材料间遗传相似系数(GS)。根据 GS 值按非加权配对算术平均法(UPGMA)建立遗传相似系数聚类图,并分别对两种标记计算出的遗传聚类结果进行比较,获得其间遗传距离相关散点图并计算二者的相似系数。

万方数据

2 结果与分析

2.1 SRAP 扩增结果

图 1 为引物组合 3 对 28 个不同西瓜材料进行 PCR 扩增所产生的基因组 DNA 指纹图谱。

采用 21 对引物在所有 28 个供试材料中共获得了 474 条清晰的条带,平均每个引物扩增的 DNA 带数达到 23 条,在扩增出的条带中多态性条带有 413 条,平均每条引物扩增出 20 条多态性条带,不同引物扩增的多态比率分布于 76% ~ 92% 之间,平均多态性比例为 87%(表 4)。这些结果表明,28 个西瓜基因型之间遗传多态较高。扩增中共检测到 229 个等位变异,引物等位位点数在 6 ~ 18 之间,平均每个位点出现 11 个等位变异。引物组合 21 的等位位点数最多。检测到的引物等位位点多态性信息含量 PIC 变幅为 0.525 ~ 0.892,平均 PIC 为 0.720(表 4)。说明该 SRAP 标记多态性较丰富,鉴别品种的能力较强,可作为一种辅助手段,用于西瓜的 DUS 测试中,进行西瓜新品种鉴定与保护。

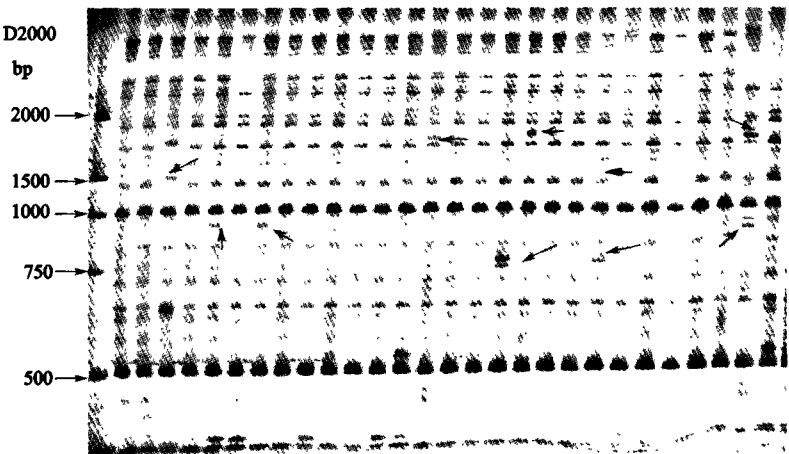


图 1 引物组合 3 的扩增结果

Fig.1 Amplification results of primer 3 in 28 watermelon cultivars

箭头标出部分多态性条带 Arrows show polymorphic bands

表 4 引物扩增多态性统计

Table 4 Description for SRAP markers examined in the 28 watermelon cultivars

引物 序号 No.	扩增 带数 Total No. of bands	多态 性带数 No. of polymorphic bands	多态 性比率 Percentage of polymor- phism	等位 变异数 No. of alleles	多态 信息 含量(%) PIC
1	23	20	0.8696	16	0.892
2	27	24	0.8889	11	0.647
3	26	20	0.7692	15	0.631
4	33	30	0.9091	14	0.785
5	17	14	0.8235	8	0.747
6	22	19	0.8636	13	0.785
7	22	19	0.8636	13	0.787
8	24	21	0.875	7	0.561
9	23	20	0.8696	10	0.548
10	19	17	0.8947	10	0.849
11	19	17	0.8947	6	0.525
12	23	21	0.913	8	0.578
13	23	21	0.913	9	0.711
14	17	15	0.8824	7	0.734
15	21	18	0.8571	14	0.778
16	19	17	0.8947	6	0.526
17	17	14	0.8235	8	0.774
18	24	22	0.9167	13	0.829
19	21	17	0.8095	10	0.623
20	23	21	0.913	13	0.807
21	31	26	0.8387	18	0.851
合计 Total	474	413	—	229	—
平均 Mean	23	20	0.87	11	0.720

2.2 SRAP 扩增聚类分析

遗传相似系数大小表明了两个品种关系的亲疏。本试验所用的 21 对 SRAP 引物可以将所有 28 份西瓜材料中的 26 份都区分开来(材料 Tomato-Seed 和 sugarlee 在所使用所有 21 对引物的扩增结果都没有表现出明显多态性,不能被区别开),各材料间的遗传相似系数在 0.92 到 0.99 之间。根据遗传相似系数构建的聚类图(图 2)可以将所有材料大致分为 A、B、C 和 D 4 组,A 和 D 均只有 2 个材料,C 有 3 份材料,B 组的材料最多,有 21 份。从图上我们可以看出 2 对形态学上非常相似的 DUS 测试品种 145A、145B 和 146A、146B 很好地被区分开来,同时亦可将标准品种春红玉和早春红玉从分子水平上区分开。

2.3 形态学聚类分析

根据 UPOV 的标准将形态学聚类标准化后采用 NTSYS-PC 2.02 计算不同材料间的遗传距离,发现 28 份西瓜材料之间的遗传相似系数在 0.50 到 0.85 之间,材料间的遗传差异比较显著,但有 4 份材料不能通过表型区分开来,分别是春红玉、早春红玉以及 146B 和 142A,另外还有 2 对材料勉强被区分开,分别是 145A 和 145B 以及 146A 和 146B。

采用 UPGMA 法产生的聚类图(图 3)清晰表明,根据遗传距离的远近可以将所有材料大致分为 5 组,与 SRAP 标记的结果略有不同,其中 C、D 和 E 3 组都仅有 2 份材料组成。A 组材料稍多,有 7 份(都一号、郑州 2000-1357、信白 91-2、早花 26-2、中育 10 号、郑杂 5 号和卡红),最多的是 B 组,包含了 15 份材料。

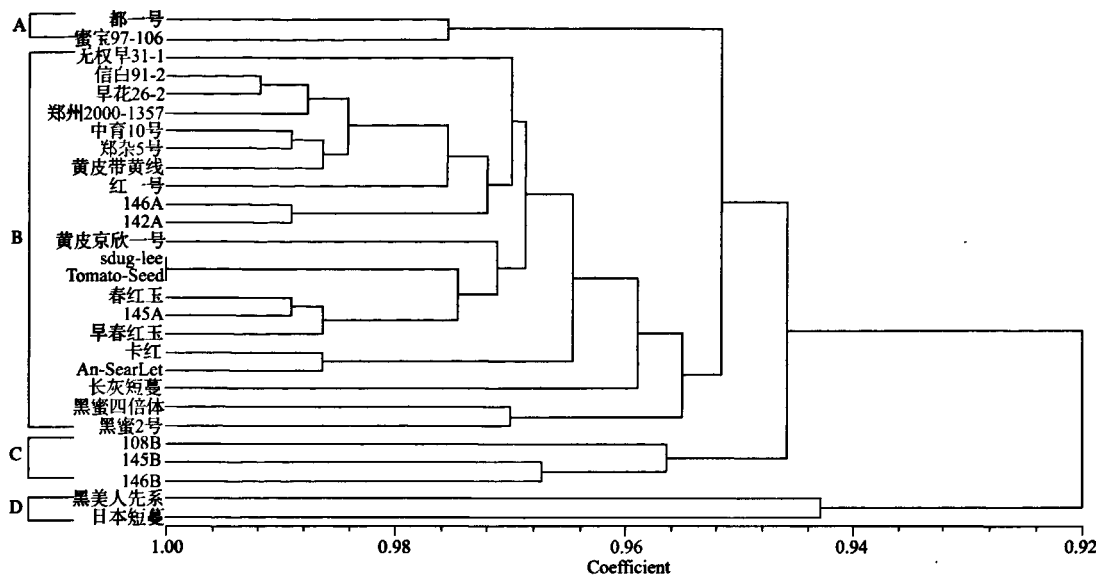


图2 28个西瓜品种的SRAP分子标记遗传聚类图

Fig.2 Dendrogram depicting the classification of the 28 watermelon varieties constructed using UPGMA based on SRAP markers

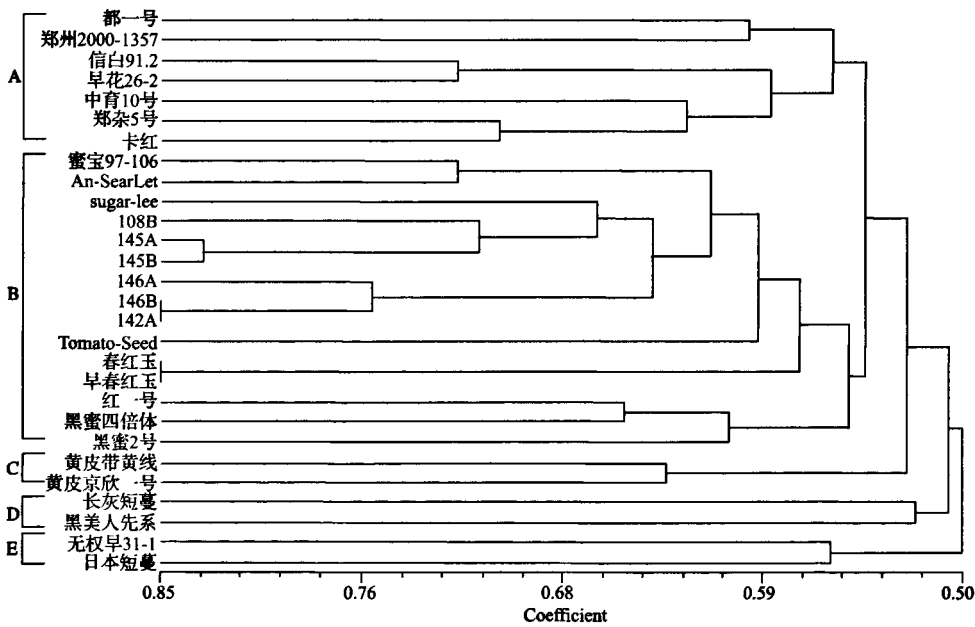


图3 28个西瓜品种的54个DUS测试性状形态数据聚类图

Fig.3 Dendrogram of 28 watermelon cultivars based on 54 morphological traits of DUS test

2.4 分子标记与形态学标记的相关性

比较形态学和SRAP聚类结果,发现两种标记计算各品种间的遗传相似系数差别比较大(形态学标记:0.50~0.85,SRAP标记:0.92~0.99),并且在聚类情况上也存在较大差异,如表型非常接近的145A和145B在SRAP标记聚类中被聚到了不同的小组里,但也存在着少数聚类结果比较接近的情况,如早春红玉和春红玉以及黑蜜四倍体和黑蜜2号在两种标记的聚类结果里面都被聚在了一个非常小的范围内。将SRAP标记计算所得的28个品种间的万方数据

遗传相似系数与形态学标记计算所得的结果进行相关性分析,计算所得两种标记结果的相关系数为0.218(图4),说明两种标记所表现的相关性不是很显著。

3 讨论

SRAP标记用于遗传多样性分析和品种鉴定方面已有很多成功的例子^[20-21]。SRAP标记作为一种比较新的分子标记类型,结合了RAPD标记和AFLP标记的优点,具有操作简单、试验成本低、安全无毒、

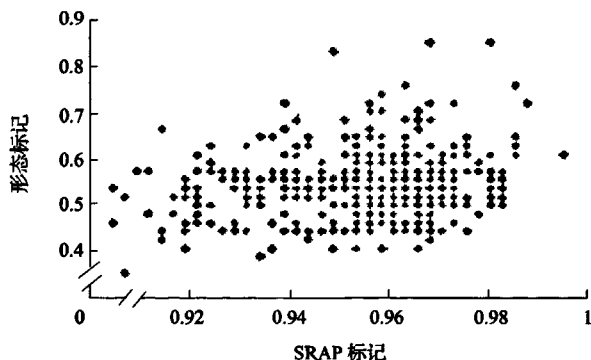


图4 SRAP 标记与形态学标记相似系数散点图

Fig.4 Scatterplot of similarity coefficients between SRAP markers and morphological traits

多态性丰富等特点,更适于生产实践中应用,对品种的真伪及纯度鉴定效果较好^[14,22]。这些特点都在本试验中得到了验证,并且可以将一些靠形态学观察不能区分开来的品种很好地区别开来,而这些特点正是进行植物 DUS 测试的一个基本要求,从这个角度来说,SRAP 标记具备作为 DUS 测试的补充手段和技术的前提条件。

另外,本试验中形态学标记和 SRAP 分子聚类结果差别很大,这说明不同的标记方法在遗传多样性研究中存在差异。有可能是因为不同分子标记反映的是基因组不同区域的遗传变异,而且每种标记所分析的位点数目也不尽相同,所能鉴定出标记的数量不同,导致材料间遗传距离发生变化,所以不同标记方法的聚类结果有差别是可能的。在大豆、玉米、大麦等作物的研究中形态学标记和分子标记甚至不同分子标记也发现有结果不一致的情况^[23-25]。

容易受环境影响是形态学性状的一个最大缺点,加之杂交等育种手段的使用,并不能完全准确地反映品种间关系,而 SRAP 分子标记是对基因组进行扩增,消除了外界干扰因素,具有更高的稳定性和可信性,二者结合起来更利于对植物新品种进行正确鉴别和与标准品种进行对照分类,缩短 DUS 测试工作的时间。

参考文献

- [1] 张海英,宫国义,郭绍贵,等.西瓜种质资源抗旱性苗期筛选与评价[J].植物遗传资源学报,2011,12(2):223-226
- [2] 张建华,王建军,米艳华,等.玉米 DUS 测试标准品种在云南的差异性分析[J].西南农业学报,2004,17(S1):224-227
- [3] 李晓辉,李新海,张世煌.植物新品种保护与 DUS 测试技术[J].中国农业科学,2003,36(11):1419-1422
- [4] Van Beuningen L T, Busch R H. Genetic diversity among North American spring wheat cultivars: III. Cluster analysis based on quantitative morphological traits [J]. Crop Sci, 1997, 37: 981-988
- [5] Clemens Van De wiel, Paul Arens, Ben Vosman. Microsatellite re-tieval in lettuce (*Lactuca sativa* L.) [J]. Genome, 1999, 42: 139-149
- [6] Juchum F S, Leal J B, Santos L M, et al. Evaluation of genetic diversity in a natural rosewood population using RAPD markers [J]. Genet Molec Resear, 2007, 6: 543-553
- [7] Ro H S, Kim S S, Ryu J S, et al. Comparative studies on the diversity of the edible mushroom *Pleurotus eryngii*: ITS sequence analysis. RAPD fingerprinting, and physiological characteristics [J]. Mycol Res, 2007, 111: 710-715
- [8] Yuan Z, Yin Y, Qu J, et al. Population genetic diversity in Chinese pomegranate (*Punica granatum* L.) cultivars revealed by fluorescent-AFLP markers [J]. J Genet Genomic. 2007; 1061-1071
- [9] Percifield R J, Hawkins J S, McCoy J A, et al. Genetic diversity in *Hypericum* and AFLP Markers for species-specific identification of *H. perforatum* L. [J]. Planta Medica, 2007, 73: 1614-1621
- [10] Tommasini L, Batley J, Arnold G M, et al. The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*Brassica napus* L.) varieties [J]. Theor Appli Genet, 2003, 106: 1091-101
- [11] Leqesse B W, Myburq A A, Pixlev K V, et al. Genetic diversity of African maize inbred lines revealed by SSR markers [J]. Hereditas, 2007, 144: 10-17
- [12] 唐浩,张新明.我国种子企业植物新品种保护中的问题与对策[J].中国种业,2011,5:4-6
- [13] 王述民,张宗文.世界粮食和农业植物遗传资源保护与利用现状[J].植物遗传资源学报,2011,12(3):325-328
- [14] Li G, Quiros C R. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) a neap marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. Theor Appli Genet, 2001, 103: 455-461
- [15] 艾呈祥,刘庆忠.甜樱桃 DNA 的快速提取法[J].落叶果树,2006,38(2):4-5
- [16] Calvert R J, Weghorst C M, Buzard G S. PCR amplification of silver-stained SSCP bands from cold SSCP gels [J]. Biotechniques, 1995, 18: 782-786
- [17] Smith J S C, Chin E C L, Shu H An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPs and pedigree [J]. Theor Appli Genet, 1997, 29: 163-173
- [18] Giancola S, Marcucci Poltri S, Lacaze P, et al. Feasibility of integration of molecular markers and morphological descriptors in a real case study of a plant variety protection system for soybean [J]. Euphytica, 2002, 127: 95-113
- [19] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1979, 76: 5269-5273
- [20] 王凤涛, 蔺瑞明, 欧阳宏雨, 等. 利用 SRAP 标记分析河南小麦栽培品种的遗传多样性 [J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(4): 517-521
- [21] 李弛, 卢新雄, 张志娥, 等. 利用 SRAP 和 SSR 分子标记检测分析 29 份棉花种质遗传完整性 [J]. 植物遗传资源学报, 2007, 8(1): 21-25
- [22] 李严, 张庆春. 西瓜杂交种遗传多态性的 SRAP 标记分析 [J]. 园艺学报, 2005, 32(4): 643-647
- [23] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. Theor Appli Genet, 2003, 107: 271-282
- [24] Tang S, Dai W, Li M, et al. Genetic diversity of relictual and endangered plant *Abies ziyuanensis* (Pinaceae) revealed by AFLP and SSR markers [J]. Genetica, 2008, 133: 21-30
- [25] Fufa H, Baenziger P S, Beecher B S, et al. Comparison of phenotypic and molecular marker-based classifications of hard red winter wheat cultivars [J]. Euphytica, 2005, 145: 133-146

作者: 刘丽娟, 舒烈波, 罗利军, 陈海荣, LIU Li-juan, SHU Lie-bo, LUO Li-jun, CHEN Hai-rong
作者单位: 刘丽娟, 舒烈波, 罗利军, LIU Li-juan, SHU Lie-bo, LUO Li-jun(上海市农业生物基因中心, 上海201106; 华中农业大学植物科学学院/作物遗传改良国家重点实验室, 武汉430070), 陈海荣, CHEN Hai-rong(上海市农业生物基因中心, 上海, 201106)
刊名: 植物遗传资源学报 ISTIC PKU
英文刊名: Journal of Plant Genetic Resources
年, 卷(期): 2011(5)

参考文献(25条)

1. Fufa H; Baenziger P S; Beecher B S Comparison of phenotypic and molecular marker-based classifications of hard red winter wheat cultivars 2005
2. Tang S; Dai W; Li M Genetic diversity of relictual and endangered plant *Abies ziyuanensis* (Pinaceae) revealed by AFLP and SSR markers[外文期刊] 2008
3. Ferriol M; Pico B; Nuez F Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [外文期刊] 2003
4. 李严; 张庆春 西瓜杂交种遗传多态性的SRAP标记分析 2005(04)
5. 李弛; 卢新雄; 张志娥 利用SRAP和SSR分子标记检测分析29份棉花种质遗传完整性 2007(01)
6. 王凤涛; 蔺瑞明; 欧阳宏雨 利用SRAP标记分析河南小麦栽培品种的遗传多样性 2009(04)
7. Nei M; Li W H Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases[外文期刊] 1979
8. Giancola S; Marcucci Poltri S; Lacaze P Feasibility of integration of molecular markers and morphological descriptors in a real case study of a plant variety protection system for soybean[外文期刊] 2002
9. Smith J S C; Chin E C L; Shu H An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPS and pedigree 1997
10. Calvert R J; Weghorst C M; Buzard G S PCR amplification of silver-stained SSCP bands from cold SSCP gels 1995
11. 艾呈祥; 刘庆忠 甜樱桃DNA的快速提取法 2006(02)
12. Li G; Quiros C R Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) a neap marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* 2001
13. 王述民; 张宗文 世界粮食和农业植物遗传资源保护与利用现状 2011(03)
14. 唐浩; 张新明 我国种子企业植物新品种保护中的问题与对策 2011
15. Leqesse B W; Myburq A A; Pixlev K V Genetic diversity of African maize inbred lines revealed by SSR markers 2007
16. Tommasini L; Batley J; Arnold G M The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*Brassica napus* L.) varieties 2003
17. Percifield R J; Hawkins J S; McCoy J A Genetic diversity in *Hypericum* and AFLP Markers for species-specific identification of *H. perforatum* L[外文期刊] 2007
18. Yuan Z; Yin Y; Qu J Population genetic diversity in Chinese pomegranate (*Punica granatum* L.) cultivars revealed by fluorescent-AFLP markers 2007
19. Ro H S; Kim S S; Ryu J S Comparative studies on the diversity of the edible mushroom *Pleurotus eryngii*: ITS sequence analysis, RAPD fingerprinting, and physiological characteristics[外文期刊] 2007
20. Juchum F S; Leal J B; Santos L M Evaluation of genetic diversity in a natural rosewood population using RAPD markers 2007
21. Clemens Van De wiel; Paul Arens; Ben Vosman Miresatellite retrieval in lettuce (*Lactuca sativa* L.) 1999
22. Van Beuningen L T; Busch R H Genetic diversity among North American spring wheat cultivars: III. Cluster analysis based on quantitative morphological traits 1997

23. [李晓辉;李新海;张世煌](#) [植物新品种保护与DUS测试技术](#) 2003(11)
24. [张建华;王建军;米艳华](#) [玉米DUS测试标准品种在云南的差异性分析](#) 2004(z1)
25. [张海英;宫国义;郭绍贵](#) [西瓜种质资源抗旱性苗期筛选与评价](#) 2011(02)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201105020.aspx