

51 个春兰 (*Cymbidium goeringii*) 品种的 AFLP 遗传多样性分析

王晓英¹, 张 林¹, 李承秀¹, 赵建文², 王郑昊², 王长宪¹

(¹泰安市泰山林业科学研究院, 山东 泰安 271000; ²泰安市徂徕山林场, 山东 泰安 271000)

摘要: 为了揭示春兰品种的遗传多样性和亲缘关系, 为春兰种质资源的有效利用和开发提供依据, 采用 AFLP 技术对 51 个春兰品种进行了遗传多样性分析, 经筛选得到了 8 对条带清晰、多态性高的引物, 共扩增出 1315 条 DNA 片段, 其中多态性条带为 1217 条, 平均 1 对引物扩增条带 164 条, 多态性带 152 条, 多态性位点频率为 92.5%, 表明春兰品种具有丰富的遗传多态性。49 个品种含有特有带。51 个品种间遗传相似系数变化范围为 0.501~0.716, 聚类分析表明, 51 个春兰品种共分为 5 个类群, 来自同一地区的品种并没有聚在一起, 表明春兰品种的遗传背景混乱。AFLP 分子标记技术能有效地分析春兰品种的遗传多样性和亲缘关系。

关键词: 春兰; 品种; AFLP; 遗传多样性

Genetic Diversity Analysis of 51 *Cymbidium goeringii* Cultivars by AFLP Markers

WANG Xiao-ying¹, ZHANG Lin¹, LI Cheng-xiu¹, ZHAO Jian-wen²,

WANG Zheng-hao², WANG Chang-xian¹

(¹Taishan Institute of Forestry science, Tai'an Shandong 271000; ²Forest Farm of Culai Mountain, Tai'an Shandong 271000)

Abstract: The genetic diversity of 51 *Cymbidium goeringii* cultivars was evaluated based on AFLP molecular markers in this study. Among the 1315 DNA bands obtained from eight selective primer pairs, 1217 (92.5%) were polymorphic. The average number of DNA bands per primer pair was 164, and the number of DNA polymorphic bands per primer pair was 152. It was represented that 51 *Cybidium goeringii* cultivars had abundantly genetic diversity. 49 cultivars had their distinctive bands which could distinguish one cultivars from the others. Genetic similarity coefficients among the cultivars ranged from 0.501 to 0.716. Cluster analysis indicated that the 51 cultivars could be divided into five groups. The cultivars which collected from the same place were not clustered to the same group. It indicate that domestication causes confusion in the genetic backgrounds of *C. goeringii*. AFLP can be effectively applied to study the genetic diversity and relationship analysis of *C. goeringii*.

Key words: *Cymbidium goeringii*; cultivars; AFLP; genetic diversity

春兰是兰科 (Orchidaceae) 兰属 (*Cymbidium*) 中我国传统的观赏植物, 为多年地生草本植物, 多分布于海拔 1500 m 以下的湿润山坡、林缘、灌丛草坡和溪边等, 广泛分布于我国南方各省^[1-2], 是观赏历史最为悠久、分布最广、资源最丰富、选育园艺栽培品种最多

的兰花之一, 具有很高的观赏价值和经济价值。了解春兰的遗传多样性水平, 对解析其遗传与进化, 理解人为或生态变迁的影响力具有极大的参考价值, 也是未来遗传变异的起点和遗传改良的前提。

春兰以花的色、香、形及叶的形态特征为传统的

收稿日期: 2014-05-26 修回日期: 2014-07-25 网络出版日期: 2015-04-10

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150410.1602.001.html>

基金项目: 国家林业公益性行业科研专项 (201004080); 2012 年泰安市科技发展计划项目 (20123079)

第一作者研究方向为园林花卉科学研究。E-mail: tslkywxy@163.com

通信作者: 王长宪, 主要从事园林花卉科学研究。E-mail: changxianwang@163.com

鉴定和分类手段,通过长期的人工驯化,春兰品种越来越多,有些品种在营养生长期难以分辨,并且存在许多品种命名不够规范、同种异名、同名异种现象,对春兰的种质资源鉴定困难,严重阻碍了品种交换、交流乃至兰文化的发展^[3]。传统的鉴定方法已不能较为系统地鉴定春兰品种间的亲缘关系,DNA 分子标记技术直接在物种基因组 DNA 水平上显示种间和种内差异,突破以往用传统方法分类鉴定的局限性。扩展片段长度多态性标记(AFLP, amplified fragment length polymorphism)是基于 PCR 技术对基因组 DNA 的限制性酶切片段进行选择性地扩增的分子标记技术,它从原理上结合了 RFLP(restriction fragment length polymorphism,限制性内切酶片段长度多态性)和 RAPD(random amplified polymorphic DNA,随机扩增多态性 DNA 标记)的优点,具有高分辨率、高重复性、高灵敏度和共显性等特点^[4-5]。

目前兰属植物在分子水平研究多集中于种间遗

传多样性分析^[6-10],种内遗传多样性分析较少^[11-12],对春兰种内进行分子标记遗传多样性研究局限于野生资源^[13-16]和反应体系优化^[17-20],对春兰名优品种缺乏深入研究。因此,本试验采用 AFLP 分子标记技术,对 51 个春兰名优品种进行 DNA 指纹图谱和遗传多样性分析,廓清春兰品种的亲缘关系,为品种鉴定和遗传育种提供分子水平的技术依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选用的 51 个春兰品种(表 1),来源于 3 个地区,5 个(编号 17、34、40、43、51)品种源自浙江杭州,6 个(编号 5、19、28、36、42、50)品种源于四川成都,其余 40 个品种均源自浙江绍兴;其中梅瓣 21 种,水仙瓣 6 种,荷瓣 5 种,奇花 16 种,素心 3 种,由泰安市泰山林业科学研究院兰花种质资源圃提供。

表 1 51 个春兰品种名称
Table 1 Names of 51 *Cymbidium goeringii* varieties in this study

编号 No.	品种名称 Varieties	园艺种类 Horticultural type	编号 No.	品种名称 Varieties	园艺种类 Horticultural type	编号 No.	品种名称 Varieties	园艺种类 Horticultural type
1	碧瑶	奇花(蕊蝶)	18	环球荷鼎	荷瓣	35	西神	水仙瓣
2	翠盖荷	荷瓣	19	集圆	梅瓣	36	新春梅	梅瓣
3	翠桃	梅瓣	20	锦绣中华	奇花(多瓣)	37	新梅	梅瓣
4	翠文	梅瓣	21	开元	奇花(蕊蝶)	38	逸品	梅瓣
5	大富贵	荷瓣	22	老代梅	梅瓣	39	永丰梅	梅瓣
6	大熊猫	奇花(蕊蝶)	23	老天绿	梅瓣	40	余蝴蝶	奇花(多瓣)
7	独秀	梅瓣	24	龙字	水仙瓣	41	月佩素	素心
8	五彩蝴蝶	奇花(副瓣蝶)	25	天兴梅	梅瓣	42	簪蝶	奇花(副瓣蝶)
9	端秀荷	荷瓣	26	瑞梅	梅瓣	43	张荷素	素心
10	多朵蝶	奇花(多瓣)	27	四喜蝶	奇花(多瓣)	44	掌扇梅	梅瓣
11	福荷素	素心	28	宋梅	梅瓣	45	珍蝶	奇花(副瓣蝶)
12	桂圆梅	梅瓣	29	天一荷	荷瓣	46	珍珠仙	水仙瓣
13	贺神	梅瓣	30	天珍梅	梅瓣	47	知足素梅	梅瓣
14	黑猫	奇花(蕊蝶)	31	万字	梅瓣	48	舟山水仙	水仙瓣
15	红宋梅	梅瓣	32	汪笑春	水仙瓣	49	蓬莱蝶	奇花(蕊蝶)
16	湖州第一梅	梅瓣	33	汪字	水仙瓣	50	千岛之花	奇花(多瓣)
17	蝴蝶龙	奇花(副瓣蝶)	34	乌蒙牡丹	奇花(多瓣)	51	大元宝	奇花(蕊蝶)

1.2 试验方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 用改良的 CTAB 法提取春兰基因组 DNA,0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测。

1.2.2 限制性酶切及连接 0.5 mL 离心管中加入 20 μ L 反应体系(DNA 模板 4 μ L,Adapter 1 μ L,*Hind* III/*Mse* I 2 μ L,10 \times NEB buffer 2.5 μ L,10 mmol/L ATP 2.5 μ L,5 U/ μ L T4 Ligase 1 μ L,H₂O 7 μ L),混

匀离心数秒,37 $^{\circ}$ C 保温 5 h,8 $^{\circ}$ C 保温 4 h,4 $^{\circ}$ C 过夜。

Hind III 接头:5' > CTC GT A GAC TGC GTA CC
T CTG ACG CAT GG TCGA <5'

Mse I 接头:5' > GAC GAT GAG TCC TGA G
CTA CTC AGG ACT CAT <5'

1.2.3 预扩增 25 μ L 反应体系(模板 DNA 2 μ L,10 mmol/L 预扩引物 1 μ L,10 mmol/L dNTP

0.5 μ L, 10 \times PCR buffer 2.5 μ L, 2 U/ μ L *Taq* 酶 0.5 μ L, ddH₂O, 18.5 μ L) 离心数秒, 进行 PCR 扩增 94 $^{\circ}$ C 2 min, 30 轮循环(94 $^{\circ}$ C 30 s, 56 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 80 s), 72 $^{\circ}$ C 5 min, 将预扩增产物 -20 $^{\circ}$ C 保存备用。

1.2.4 选择性扩增 预扩产物稀释后作为选扩模板, 按 25 μ L 体系(模板 DNA 2 μ L, 10 \times PCR buffer 2.5 μ L, 1 mmol/L dNTP 0.5 μ L, 1 mmol/L *Hind* III 引物 1 μ L, 1 mmol/L *Mse* I 引物 1 μ L, 2 U/ μ L *Taq* 酶 0.5 μ L, ddH₂O 17.5 μ L) 混匀后, 离心数秒, 进行 PCR 循环, 第 1 轮扩增参数: 94 $^{\circ}$ C 30 s, 65 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 80 s, 以后每轮循环温度递减 0.7 $^{\circ}$ C, 扩增 12 轮。接着按 94 $^{\circ}$ C 30 s, 55 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 80 s 扩增 23 轮, 延伸加时, 72 $^{\circ}$ C 5 min。

1.2.5 凝胶分析 选择性扩增产物和上样缓冲液比例为 8:3, 涡旋混匀, 95 $^{\circ}$ C 变性, 8 min 后, 立即冰浴, 取 4 μ L 上样到 ABI 377 测序仪, 进行 4% 聚丙烯酰胺凝胶电泳, 室温下电泳 2.4 h, 自动采集原始胶图。对照(Marker)为 ROX500 分子量内标。电泳结束后用 Genescan3.1 从原始胶图中提取数据, 然后用 Binthere 将片段的大小提取出来, 再用 Excel 将数据转换成 0 和 1 数据, 用 Ntsys 2.10 进行聚类分析。用 Max comp 程序对聚类结果和相似系数矩阵之间的相关性进行 Mantel 检验。

2 结果与分析

2.1 引物筛选和多态性分析

通过对 64 对 AFLP 引物的筛选, 筛选出了 8 对多态性较强且扩增产物清晰的引物组合(表 2)。8 对引物共扩增条带 1315 条, 其中多态性带 1217 条; 平均 1 对引物扩增条带 164 条, 多态性带 152 条, 多态百分比为 92.5%。8 对引物组合均能揭示 DNA

多态性, 其中引物 *Hind* III ACA/*Mse* I CTT 扩增出多态性条带最少为 132 条, 多态性比例为 91.0%, *Hind* III AAC/*Mse* I CTC 扩增的多态性带最多为 172 条, 多态性比例为 95.6%, 表明春兰品种具有丰富的遗传多态性。

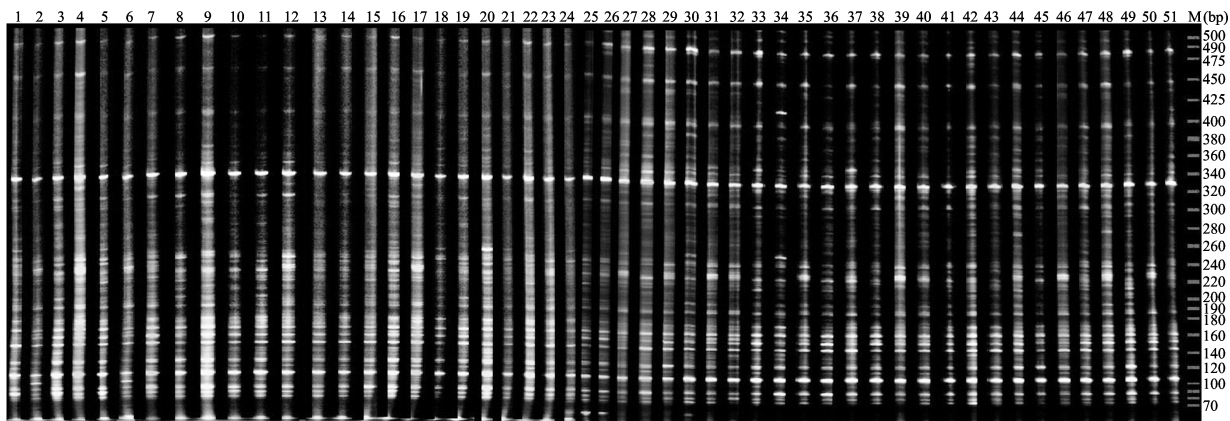
表 2 8 对 AFLP 引物标记条带数统计

引物对 Primer pairs	条带总数 Total bands	多态条带	多态百分比(%)
		Polymorphic bands	Polymorphic percentage
<i>Hind</i> III AAC/ <i>Mse</i> I CTC	180	172	95.6
<i>Hind</i> III AAG/ <i>Mse</i> I CTC	161	152	94.4
<i>Hind</i> III AAG/ <i>Mse</i> I CTT	170	157	92.4
<i>Hind</i> III ACA/ <i>Mse</i> I CTC	170	156	91.8
<i>Hind</i> III ACA/ <i>Mse</i> I CTT	145	132	91.0
<i>Hind</i> III ACT/ <i>Mse</i> I CTT	166	151	91.0
<i>Hind</i> III AGC/ <i>Mse</i> I CTC	159	149	93.7
<i>Hind</i> III AGC/ <i>Mse</i> I CTT	164	148	90.2
总和 Sum	1315	1217	
平均 Mean	164	152	92.5

2.2 凝胶图谱分析

利用筛选得到的 8 对引物对 51 个春兰品种的基因组 DNA 进行扩增, AFLP 扩增产物长度介于 70~500 bp 之间, 51 个春兰品种经引物 *Hind* III AGC/*Mse* I CTT 扩增在 4% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳所得到的图谱见图 1, 结果条带清晰, 该引物共扩增出 164 条带, 其中多态性带 148 条, 占 90.2%。

品种开元的多态性比率最低, 仅为 18.1%, 有 2 条特有带; 蝴蝶龙的多态率最高, 达 27.2%, 其特有带为 4 条(表 3)。五彩蝴蝶和龙字的特有带分别高达 10 条和 11 条。除福荷素和天珍梅外, 其余 49 个品种均含有特有带。



M: Marker; 1-51: experimental sample numbers that are the same as in the table 1

图 1 引物对 *Hind* III AGC/*Mse* I CTT 扩增结果

Fig. 1 AFLP fingerprint using *Hind* III AGC/*Mse* I CTT

表 3 51 个春兰品种多态性分析

Table 3 Genetic diversity analysis of 51 cultivars of *C. goeringii*

编号 No.	多态率(%) Ratio of polymorphic bands	特有带(bp) Distinctive bands								总数 Sum
		H + AAC/ M + CTC	H + AAG/ M + CTC	H + AAG/ M + CTT	H + ACA/ M + CTC	H + ACA/ M + CTT	H + ACT/ M + CTT	H + AGC/ M + CTC	H + AGC/ M + CTT	
1	21.3							206 360		2
2	22.2	178 238 342 394			396 456 460 472	362				9
3	21.9		364	384	362	208				4
4	26.1	366 404			476				266	4
5	19.8	378			294 486	206 420	198		252	7
6	19.3				244	220 412			422	4
7	25.2								248	1
8	20.9	240 484	252 300 412 500		416 466	222 324 488		238		10
9	24.3	232 256 286			366					4
10	22.4							462		1
11	23.3									0
12	22.9	252						178		2
13	20.7	190 440				266				3
14	24.6		316	456			232 302			4
15	23.9	482 496		218 368 372 454 468						7
16	26.5	498		488			240			3
17	27.2	254	470 478						414	4
18	24.2	438 442	150	230 318	216 412	276				8
19	19.9	406	258 354 492							4
20	23.7			204 274 334 498						4
21	18.1	208 454								2
22	25.7			448 462			218	318		4
23	20.2		328		246 400 464					4
24	23.4	354 412 470	336 416 438	436	198	346		242	114	11
25	21.7	210					288			2
26	24.5	386 390						448	484	4
27	22.5						462			1
28	25.1	372				286		312 372		4
29	19.6		250 262 360 434				216 296 448			7
30	22.8									0
31	19.3					408			212	2
32	19.0			266						1
33	23.1	316			364	332		284		4
34	24.3		176 390 420			460	266 466		182 420	8
35	24.4		350			260 344 466				4
36	24.3					410	328		286	3
37	25.4					254			304	2
38	22.4			486	276		312			3
39	22.9						424 474	266		3
40	20.8		296 392 406						346	4
41	22.7			126					376	2
42	23.7	400	200				260			3
43	21.8				182	422		474		3
44	23.7	396	148					310 398		4
45	23.4						262			1
46	23.9					272 356	382			3
47	23.2		122 202							2
48	25.7	304 382								2
49	21.8			324	328		446	450		4
50	21.8								458	1
51	19.8		340				388	246 460		4

2.3 聚类分析

基于 AFLP 的扩增结果,用 NTSYS2.10 进行 UPGMA 聚类分析,得到 51 个春兰品种的亲缘关系树状图(图 2)。将聚类结果进行 Mantel 检验,相关

系数为 0.802,达到极显著水平,表明聚类结果很好地体现了 51 个春兰品种间的亲缘关系。从聚类结果图可以看出,AFLP 标记可将供试的 51 个品种完全区分开。

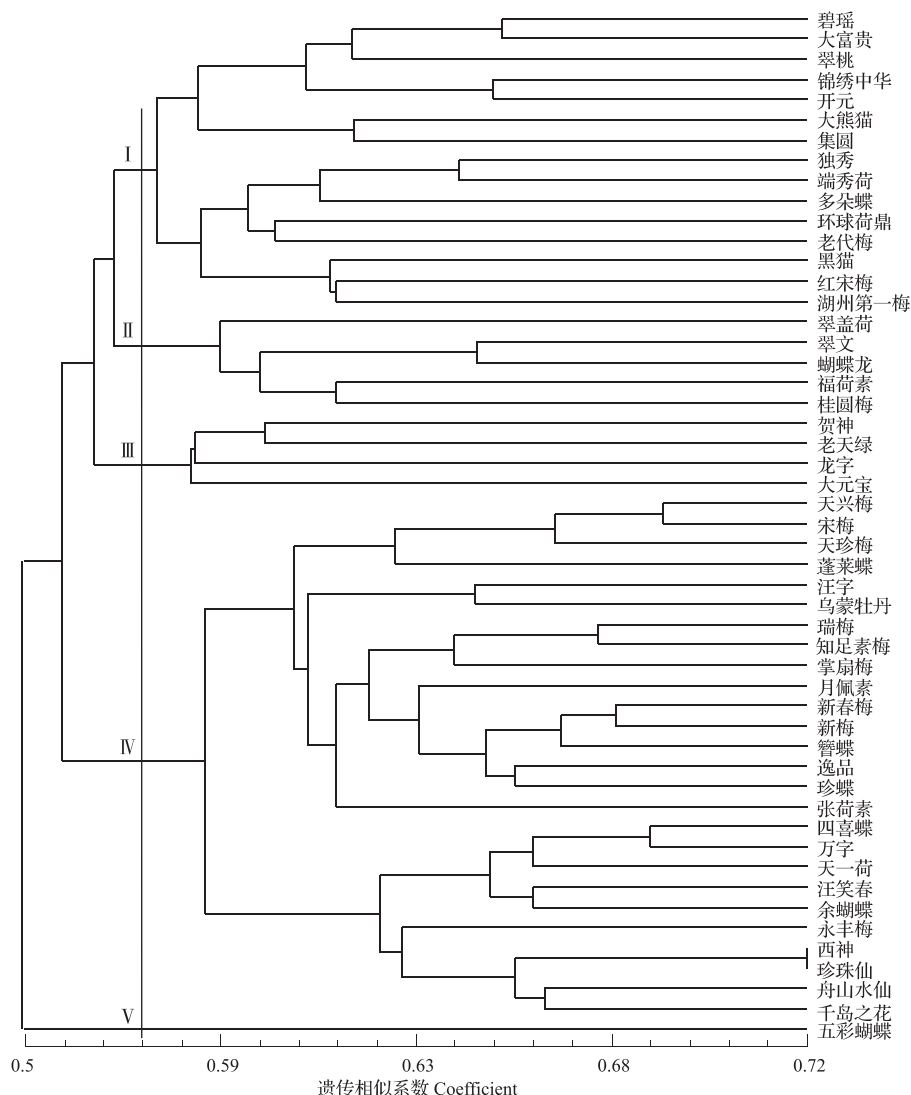


图 2 51 个春兰品种的 UPGMA 聚类图

Fig. 2 UPGMA dendrograms generated from 51 cultivars of *C. goeringii*

基于 AFLP 技术进行聚类分析,在遗传相似系数阈值 0.554 处作切割线,将 51 个春兰品种分为 5 类。第 I 类由 15 个品种组成,其中 13 个来自绍兴,2 个来自成都。第 II 类由 5 个品种组成,其中 4 个来自绍兴,1 个来自杭州。第 III 类有 4 个品种,3 个来自绍兴,1 个来自杭州。第 IV 类由 27 个品种组成,20 个来自绍兴,3 个来自杭州,4 个来自成都。五彩蝴蝶与其他品种间差异较大,单独聚为第 V 类。

51 个品种间遗传相似系数变化范围为 0.501 ~ 0.716,表明品种间具有较高的遗传分化。西神和珍

珠仙间相似系数最高为 0.716,五彩蝴蝶与其他供试品种的遗传相似系数都较小,与舟山水仙的相似系数最小,为 0.501,说明二者的遗传距离较远。

3 讨论

近年来,利用 AFLP 在 DNA 分子水平上揭示物种遗传多态性研究较多,王东升等^[21]对野核桃进行 AFLP 分析,8 对引物组合共扩增出 1034 条带,多态性条带百分率达 97.20%;朱根发等^[22-23]对墨兰和大花蕙兰品种进行 AFLP 分析的多态性率分别为

96.3%和98.0%。本研究供试的51个品种中,筛选的8对AFLP引物共扩增条带1315条,多态百分比为92.5%,8对AFLP引物扩增结果可以将它们完全区分开来。出现以上这种多态率高值的原因可能跟检测的手段有关,有相关研究表明,用AFLP荧光标记技术检测出的多态性要明显高于用银染技术检测的结果^[24-25]。另外,本试验利用AFLP分子标记技术还检测到位点清晰的187条特异性条带,对准确鉴定春兰品种和保护新品种知识产权等方面具有重要意义。

前人对春兰遗传多样性的研究多局限于野生春兰,如季祥彪等^[14]采用RAPD标记对贵州野生春兰遗传多样性分析结果表明,贵州野生春兰遗传分化大,蕴藏丰富的遗传多样性。高丽等^[16]采用ISSR标记对湖北省内的11个春兰野生居群研究表明,春兰具有丰富的遗传变异,各居群间产生了一定程度的遗传分化,居群间一定程度的遗传分化可能是由生境破坏和基因流障碍引起。本试验对51个春兰品种聚类结果表明,平均1对引物扩增条带164条,多态性带152条,遗传相似系数变化范围为0.501~0.716,表明春兰品种遗传多样性整体水平是比较高的。季祥彪等^[14]研究表明野生春兰样品的聚类具有很强的地域性,而本研究结果来源于同一地区的品种并没有聚在一起,聚类结果与其来源无相关性,这可能与不同地区间交流引种增多有关。

形态多样性是遗传多样性的表现形式之一。春兰的形态性状表现出极高的多样性,从植株高矮到叶色、叶形、花色、瓣形等都表现出很大变异,特别是花的唇瓣变异最大,且这些变异不仅存在于居群间而且存在于居群内^[16,26]。季祥彪等^[14]研究结果表明,贵州野生春兰用RAPD标记遗传分化大,但形态学性状的差异要小得多。朱根发等^[22]对大花蕙兰品种的AFLP聚类结果与根据花枝类型或花径大小、花色等形态指标分类的结果相吻合。本试验聚类结果表明,根据AFLP分子标记划分的类群与春兰的表型性状瓣形分类是不一致的,特别是春兰的奇花品种并没有聚在一起,而是分散地与其他瓣形品种聚在一起,说明奇花品种的遗传背景较复杂。出现以上DNA分子标记与形态学分类结果不一致的原因:DNA分子标记分析是通过多个不同引物给出覆盖整个基因组的多态性信息,直接反映基因组DNA的差异,形态特征是遗传因素和环境饰变的结果,多样性差异更明显,形态水平鉴定遗传多样性存在局限性,DNA分子与形态学分类结果不一

定完全吻合,这2种标记从不同层次揭示物种的遗传变异,有差异也有一定的相关性。

参考文献

- [1] Liu Z J, Chen X Q, Phillip J C. Flora of China [M]. Beijing: Science Press, 2009: 260
- [2] 陈心启, 吉占和. 中国兰花全书 [M]. 北京: 中国林业出版社, 1998: 96-97
- [3] 陈惠云, 孙志栋, 茅铁俊, 等. 春兰基因组 DNA 提取方法的研究 [J]. 分子植物育种, 2006, 4(1): 135-142
- [4] Zabeau M, Vos P. Selective restriction fragment amplification, a method for DNA fingerprinting. European Patent Application 94202629. 7 (publication No. 05348AI) [P]. Paris: European Patent Office, 1993
- [5] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting [J]. Nucleic Acids Res, 1995, 23 (21): 4407-4414
- [6] 吴振兴, 王慧中, 施农衣, 等. 兰属 *Cymbidium* 植物 ISSR 遗传多样性分析 [J]. 遗传, 2008, 30(5): 627-632
- [7] 王慧中, 王玉东, 周晓云, 等. 兰属 14 种植物遗传多样性 RAPD 及 AFLP 分析 [J]. 实验生物学报, 2004, 37(6): 482-486
- [8] 张俊祥, 李枝林, 范成明, 等. 云南野生兰属主要种间亲缘关系的 AFLP 分析 [J]. 园艺学报, 2006, 33(5): 1141-1144
- [9] 孙彩云, 张明永, 叶秀. 中国兰属植物种间及品种间亲缘关系 RAPD 分析 [J]. 园艺学报, 2005, 32(6): 1121-1124
- [10] 谢伟, 乐超银, 林直. 兰属品种的 RAPD 鉴定和亲缘关系分析 [J]. 江苏农业学报, 2005, 21(4): 369-373
- [11] 马红勃, 赖璽英, 许旭明, 等. 基于 SRAP 标记的大花蕙兰种质资源遗传多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(4): 551-556
- [12] 白坚, 胡旭, 周淑婷, 等. 47 个建兰品种的 SRAP 遗传多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(3): 376-380
- [13] 彭德镇. 江西省野生春兰的 ISSR 遗传多样性研究 [D]. 南昌: 南昌大学, 2011
- [14] 季祥彪, 王国鼎, 乔光. 贵州野生春兰遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. 华中农业大学学报, 2008, 27(2): 297-302
- [15] 陈惠云, 孙志栋, 孙日飞, 等. AFLP 分子标记技术在名贵春兰鉴别中的应用 [J]. 中国农学通报, 2007, 23(2): 70-73
- [16] 高丽, 杨波. 湖北野生春兰资源遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 生物多样性, 2006, 14(3): 250-257
- [17] 单丽丽, 陆瑞菊, 王亦菲. 春兰基因组 DNA 提取及 RAPD 反应体系的优化 [J]. 农业生物技术科学, 2008, 24(1): 68-73
- [18] 牛田, 张林, 王厚新, 等. 春兰 SRAP-PCR 反应体系的建立和优化 [J]. 农学学报, 2013, 3(11): 25-29
- [19] 马丽娅, 孙小琴, 贾文杰, 等. 春兰 ISSR-PCR 反应体系的建立和优化 [J]. 安徽农业科学, 2008, 36(34): 14912-14914
- [20] 高丽, 杨波. 春兰 ISSR-PCR 反应体系的优化 [J]. 华中农业大学学报, 2006, 25(3): 305-309
- [21] 王东升, 辛红, 邢世岩, 等. 基于 AFLP 标记的山东省 5 个野核桃群体的遗传多样性分析 [J]. 植物资源与环境学报, 2013, 22(3): 63-69
- [22] 朱根发, 李冬梅, 郭振飞. 大花蕙兰遗传多样性及亲缘关系的 AFLP 分析 [J]. 园艺学报, 2007, 34(2): 417-424
- [23] 朱根发, 李冬梅, 郭振飞, 等. 中国墨兰品种遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. 中山大学学报, 2009, 48(3): 69-73
- [24] 赵翀, 刘法央, 郭玉霞, 等. AFLP 荧光标记和银染技术的比较分析 [J]. 甘肃农业大学学报, 2007, 42(2): 125-129
- [25] 邱冬梅, 孙继英, 刘金, 等. 扩增片断长度多态性荧光标记和银染技术的比较分析 [J]. 生命科学研究, 2006, 10(3): 17-21
- [26] 张韶伊, 范义荣, 褚怡, 等. 春兰属植物表型性状的多样性研究 [J]. 北方园艺, 2013(12): 68-72