

硬肉桃品种群 SSR 标记的遗传多样性分析

陆苏瑀^{1,2}, 俞明亮¹, 马瑞娟¹, 沈志军¹

(¹江苏省农业科学院园艺研究所, 南京 210014; ²扬州大学园艺与植物保护学院, 扬州 225009)

摘要:以 45 个硬肉桃品种为试材, 利用 25 对位于桃遗传参考图谱上 8 个连锁群的 SSR 引物进行了硬肉桃种质资源遗传多样性研究。结果表明: 25 对 SSR 引物共获得 152 个扩增位点, 其中多态性位点 146 个, 多态性高达 96.05%, Nei's 遗传多样性指数 (H_e) 为 0.2283, Shannon 信息指数 (H_o) 为 0.3609。长江流域桃区的硬肉桃品种群体具有最高的 Nei's 遗传多样性指数 (0.2211) 和 Shannon 信息指数 (0.3476), 其次为华南亚热带桃区和云贵高原桃区, 最低的为华北平原桃区。UPGMA 聚类分析结果虽然体现出一定的生态区划特征, 但不完全与地理起源相吻合, 不同生态区的硬肉桃品种存在一定的交叉; 长江流域桃区和云贵高原桃区的硬肉桃品种亲缘关系较近, 其次为华南亚热带桃区, 最远的为华北平原桃区。本研究鉴定结果更倾向于认为长江流域的硬肉桃可能来源于北方硬肉桃群体, 还可能来源于云贵高原生态区和华南亚热带生态区的硬肉桃群体。

关键词:硬肉桃; SSR; 遗传多样性; 亲缘关系

Analysis of Genetic Diversity and Relationship of Crisp Peach by SSR

LU Su-yu^{1,2}, YU Ming-liang¹, MA Rui-juan¹, SHEN Zhi-jun¹

(¹ Institute of Horticulture, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014;

² College of Horticulture and Plant Protection, Yangzhou University, Yangzhou 225009)

Abstract: 45 crisp peach varieties were used as plant material in this paper. A total of 152 alleles were amplified by 25 primer pairs distributed on eight linkage groups on *Prunus* reference map. 146 alleles showed polymorphism, and the percentage of polymorphic bands (PPB) was 96.05%. The Nei's gene diversity index (H_e) and Shannon's information index (H_o) of crisp peach varieties were 0.2283 and 0.3609, respectively. Crisp peach varieties from the area along Yangtzi river had the highest Nei's gene diversity index (0.2211) and Shannon's information index (0.3476), followed by subtropical zones in South China and Yunnan-Kweichow Plateau, the lowest from the North China Plain. Groups cluster analysis based on the UPGMA method indicated that there was some relationship between crisp peach varieties and ecological zones, but not all varieties were in conformity with geographic origin and some from different ecological zones overlapped. Crisp peach varieties from the Yangtzi River and Yunnan-Kweichow Plateau had closer genetic relationship, followed by subtropical zones of South China, as far as the North China Plain. The results preferred the opinion that the crisp peach varieties from Yangtzi River may not only origin from the north China, but also from the Yunnan-Kweichow Plateau and subtropical zones in South China.

Key words: Crisp peach; SSR; Genetic diversity; Genetic relationship

硬肉桃具有肉质脆硬、汁液少、过熟后变面等特征, 在我国南、北桃产区均有分布。桃最初是以硬肉桃的形式自西向东, 沿黄河流域传播至整个华北地

区, 从而出现了传统的北方硬肉桃品种。随着人们的经济活动, 硬肉桃从中原地区及山东向长江流域的江苏、安徽及湖北等地传播, 形成适应南方高温多

收稿日期: 2009-07-29

修回日期: 2010-01-26

基金项目: 国家自然科学基金 (30871681); 国家科技支撑计划 (2006BAD01A1702); 国家科技基础条件平台项目 (2005DKA21002-21); 国家桃产业技术体系 (nycytx-31); 江苏省科技基础设施建设计划 (BM2008008); 江苏省自然科学基金 (BK2009326)

作者简介: 陆苏瑀, 在读硕士, 主要从事桃种质资源研究。E-mail: lsynet@126.com

通讯作者: 俞明亮, 博士, 研究员。E-mail: mly1008@yahoo.com.cn

湿的南方硬肉桃类型如吊枝白、陆林、象牙白等品种^[1]。因此,作为较古老的类群,硬肉桃的分布最为广泛,也应该具有更多的遗传多样性。但是硬肉桃存在果实偏小、汁液少、易变面等缺点,使其在生产 and 育种中的应用远远不如其他桃群体。很多传统的硬肉桃品种,在生产中被其他栽培桃群体所取代,种质资源丢失现象很严重^[2],因此硬肉桃种质的收集、整理与遗传评价是当今桃种质资源工作的重要内容之一。

近年来随着研究水平的深入,对种质资源的遗传评价已上升到分子水平^[3]。SSR(simple sequence repeat)作为一种多态性高,稳定性、重复性好的分子标记已经在桃种质资源的遗传评价领域得到了广

泛的应用^[4-11]。本研究基于对硬肉桃种质资源进行调查、收集、保存和鉴定的基础上,利用 SSR 分子标记技术对硬肉桃资源进行遗传多样性评价,以期为硬肉桃种质资源的综合利用提供借鉴。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料取自江苏省农业科学院国家果树种质南京桃资源圃,共 45 个硬肉桃品种(表 1),根据汪祖华等^[1]划分的 5 个适宜桃栽培的区域和 2 个次适宜栽培区域,45 个硬肉桃品种分布于其中的 4 个适宜栽培区域,分别为华北平原桃区、长江流域桃区、云贵高原桃区、华南亚热带桃区。

表 1 试验材料和群体划分

Table 1 Peach varieties used in this paper and classification of populations

编号 No.	品种 Variety	原产地 Origin	适宜栽培区 Area suitable for cultivation	编号 No.	品种 Variety	原产地 Origin	适宜栽培区 Area suitable for cultivation
1	一线红	安徽宣城	长江流域桃区	24	红桃	江苏南京	长江流域桃区
2	宣城甜桃	安徽宣城	长江流域桃区	25	扬州早甜桃	江苏扬州	长江流域桃区
3	吊枝白	安徽亳州	华北平原桃区	26	六月团	江苏南京	长江流域桃区
4	贵州青桃	贵州凯里	云贵高原桃区	27	南京白沙	江苏南京	长江流域桃区
5	夏季桃	广西荔浦	华南亚热带桃区	28	水白桃	江苏南京	长江流域桃区
6	夏至桃	广西荔浦	华南亚热带桃区	29	火珠	江苏南京	长江流域桃区
7	半斤桃	广西灌阳	华南亚热带桃区	30	大甜桃	江苏南京	长江流域桃区
8	象牙白	湖北武汉	长江流域桃区	31	酥红	江苏南京	长江流域桃区
9	一线白	北京	华北平原桃区	32	四月半	山东齐河	华北平原桃区
10	北京一线红	北京	华北平原桃区	33	南山甜桃	深圳南山	华南亚热带桃区
11	天津水蜜	天津	华北平原桃区	34	泸水桃 6 号	云南泸水	云贵高原桃区
12	大红袍 1 号	湖北武汉	长江流域桃区	35	泸水桃 5 号	云南泸水	云贵高原桃区
13	大红袍 2 号	湖北武汉	长江流域桃区	36	草白桃	云南呈贡	云贵高原桃区
14	小红袍	湖北武汉	长江流域桃区	37	秋白桃	云南呈贡	云贵高原桃区
15	红肉桃 1 号	湖北秭归	长江流域桃区	38	大暑桃	云南呈贡	云贵高原桃区
16	血桃	湖北秭归	长江流域桃区	39	黑油桃	江苏镇江	长江流域桃区
17	神农 1 号	湖北神农架	长江流域桃区	40	06-2	浙江金华	长江流域桃区
18	浏阳四斤桃	湖南浏阳	长江流域桃区	41	06-1	浙江金华	长江流域桃区
19	野鸡红 1 号	江苏句容	长江流域桃区	42	乌鸡黑肉桃	安徽六安	长江流域桃区
20	胭脂桃	湖北秭归	长江流域桃区	43	黑桃	浙江衢县	长江流域桃区
21	陆林	江苏宜兴	长江流域桃区	44	小金桃	浙江宁波	长江流域桃区
22	平碑子	江苏南京	长江流域桃区	45	野鸡红 2 号	江苏高淳	长江流域桃区
23	秋半斤	江苏南京	长江流域桃区				

1.2 方法

2008年春季取各试材新梢顶部的幼嫩叶片,液氮研磨成粉末状后,采用俞明亮等^[12]的改良 SDS 法提取基因组 DNA。

SSR 引物由上海英俊生物技术有限公司合成,采用 Aranzana 等^[5]用桃×扁桃的 F₂群体构建的李

属遗传参考图谱上 25 对分布于 8 个不同连锁群的 SSR 标记(表 2)。SSR-PCR 反应体系和反应程序采用沈志军等^[13]优化的方法。PCR 产物用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶 75W 恒功率电泳分离,弱碱银染法检测^[14],在胶片灯上拍照并记录结果。

表 2 SSR 引物及其所属参考图谱连锁群

Table 2 SSR primers and their position on reference linkage map of *Prunus*

编号 Code	引物 SSR primer	参考文献 Reference	连锁群 Linkage group	编号 Code	引物 SSR primer	参考文献 Reference	连锁群 Linkage group
1	CPPCT26	Aranzana(2002) ^[15]	1	14	BPPCT023	Dirlewanger(2002) ^[16]	4
2	CPPCT27	Aranzana(2002) ^[15]	1	15	BPPCT031	Dirlewanger(2002) ^[16]	4
3	CPPCT34	Aranzana(2002) ^[15]	1	16	BPPCT014	Dirlewanger(2002) ^[16]	5
4	BPPCT022	Dirlewanger(2002) ^[16]	1	17	BPPCT017	Dirlewanger(2002) ^[16]	5
5	UDP96-018	Cipriani(1999) ^[17]	1	18	BPPCT025	Dirlewanger(2002) ^[16]	6
6	BPPCT001	Dirlewanger(2002) ^[16]	2	19	CPPCT15	Aranzana(2002) ^[15]	6
7	UDP96-013	Cipriani(1999) ^[17]	2	20	CPPCT30	Aranzana(2002) ^[15]	6
8	BPPCT007	Dirlewanger(2002) ^[16]	3	21	CPPCT22	Aranzana(2002) ^[15]	7
9	CPPCT2	Aranzana(2002) ^[15]	3	22	CPPCT33	Aranzana(2002) ^[15]	7
10	UDP96-008	Cipriani(1999) ^[17]	3	23	CPPCT6	Aranzana(2002) ^[15]	8
11	BPPCT015	Dirlewanger(2002) ^[16]	4	24	UDP96-015	Cipriani(1999) ^[17]	8
12	CPPCT5	Aranzana(2002) ^[15]	4	25	UDP98-409	Cipriani(1999) ^[17]	8
13	UDP96-003	Cipriani(1999) ^[17]	4				

1.3 结果统计与分析方法

SSR 图谱仅统计条带清晰、产物片段大小为 80~600bp 的条带,有带记为 1,无带记为 0,形成数字化矩阵。矩阵分析用 Popgene32 软件,参考陈巍等^[18]的方法,假设等位基因频率符合 Hard-Weinberg 平衡,计算群体 Nei's 基因多样性(*He*)、Shannon 信息指数(*Ho*)、群体间基因分化系数(*Gst*)、基因流(*Nm*)及群体间遗传距离(*GD*);用 NTSYS 软件计算 *SM* 相似系数,UPGMA 法进行聚类,并绘制成树状图。

2 结果与分析

2.1 SSR 扩增结果

筛选出的 25 对位于不同连锁群上的 SSR 引物在 45 个硬肉桃品种中均能获得清晰的条带(图 1),共扩增出 152 个位点,其中多态性位点 146 个,多态性位点百分率达到 96.05%,每对引物扩增的等位基因数在 3~11 个不等,平均每对引物扩增的等位基因数为 6.08 个。

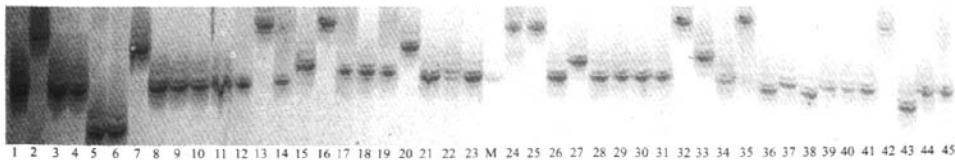


图 1 引物 BPPCT031 扩增产物的电泳图

Fig. 1 Amplification electrophoresis parameter of primer BPPCT031

2.2 SSR 在品种群间的遗传多样性

在硬肉桃品种水平上,多态性位点百分率为 96.05%,*Nei's* 遗传多样性指数(H_e)为 0.2283,*Shannon* 信息指数(H_o)为 0.3609(表 3)。长江流域生态区的硬肉桃品种群具有最高的 *Nei's* 遗传多样性指数(0.2211)和 *Shannon* 信息指数(0.3476),其次分别为华南亚热带桃区和云贵高原桃区,最低的

为华北平原桃区。这与传统的长江流域硬肉桃起源于华北桃区的结论不符,其原因可能是试材中华北平原桃区的硬肉桃品种所占比例较少的缘故,也可能是华北硬肉桃品种在向南方传播的过程中逐渐融入了较多的其他桃基因,而呈现出更高的遗传多样性,还可能是长江流域硬肉桃品种并非单一来源于华北桃区。

表 3 硬肉桃品种群遗传多样性比较
Table 3 Genetic diversity of crisp peach

品种群	群体大小 Sample size	观测等位 基因数(A_o) Observed number of alleles	有效等位 基因数(A_e) Effective number of alleles	<i>Nei's</i> 遗传多样 性指数(H_e) <i>Nei's</i> gene diversity index	<i>Shannon</i> 信息 指数(H_o) <i>Shannon's</i> information index	多态性位点 百分率(%) Percentage of polymorphic loci
华北平原桃区	5	1.4342	1.2685	0.1564	0.2336	43.42
长江流域桃区	30	1.8684	1.3568	0.2211	0.3476	86.84
云贵高原桃区	6	1.4974	1.3086	0.1779	0.2649	49.34
华南亚热带桃区	4	1.5132	1.2978	0.1784	0.2697	51.32
品种群水平	11.25	1.5783	1.3079	0.1835	0.2790	57.73
硬肉桃品种水平	45	1.9605	1.3680	0.2283	0.3609	96.05

2.3 硬肉桃品种群间遗传分化程度的比较

Poggene 分析结果表明,品种群间遗传分化系数(G_{st})为 0.1939,表明硬肉桃品种群间的遗传分化程度较低,其主要的遗传分化还是存在于品种群内,这可能与其较大的基因流 $Nm = 2.0790$ 有关^[18]。

2.4 硬肉桃品种聚类分析

根据 *SM* 相似系数 *UPGMA* 法进行聚类的硬肉桃树状图显示(图 2),虽然体现出一定的生态区划特征,但硬肉桃品种的聚类不完全与地理起源相吻合,不同生态区的硬肉桃品种存在一定的交叉。

硬肉桃中最为特殊的 2 份种质资源黑油桃和南山甜桃聚于硬肉桃群体的外围。黑油桃表现为枝条、果面、果肉均为紫色,此类资源较稀少;南山甜桃是硬肉桃种质资源中低温需冷量最低、花期最早的南方硬肉桃特殊种质。

其他种质可以分为 5 个组(图 2)。来自华北平原桃区的硬肉桃品种(天津水蜜、一线白、北京一线红、四月半和吊枝白)均出现在组 I 中,组 I 中也同时存在长江流域桃区和云贵高原桃区的硬肉桃品种,但组 I 中没有出现华南亚热带桃区的硬肉桃品种。

在组 I 中,产地为北京的一线白和北京一线红,在相似系数为 0.95 处较早地聚为一类;另外在相似系数为 0.862 处,产地均为云南呈贡的秋白桃、大暑桃和草白桃同样也都较近的聚在一起,这说明聚类结果反映了一定的品种地域来源。在组 III 中,花型、花色、果形、果色以及果肉色泽等植物学表型性状较为相似的 06-1 和 06-2 在相似系数为 0.982 处聚为一类,说明来源于同一个地区的种质虽然极为相似,但由于实生繁殖,仍存在一定的差异。

组 II 的所有品种果肉均为红色,来源于江苏句容的野鸡红 1 号和江苏高淳的野鸡红 2 号聚于此类群中,其他品种均来源于湖北。湖北目前是国内主要的红肉桃产区,有大量的红肉桃种质资源分布^[2],因此野鸡红很可能是由湖北红肉桃演化而来。

夏季桃和夏至桃亲缘关系最近,位于组 III,来源于华南亚热带桃区。并且组 III 中还包含了 5 份来源于长江流域桃区的品种。

组 IV 中包含 1 个华南亚热带桃区品种和 2 个长江流域品种。组 V 为另一个红肉桃类群,包含了来源于浙江、湖北和安徽的红肉桃品种各 1 个。

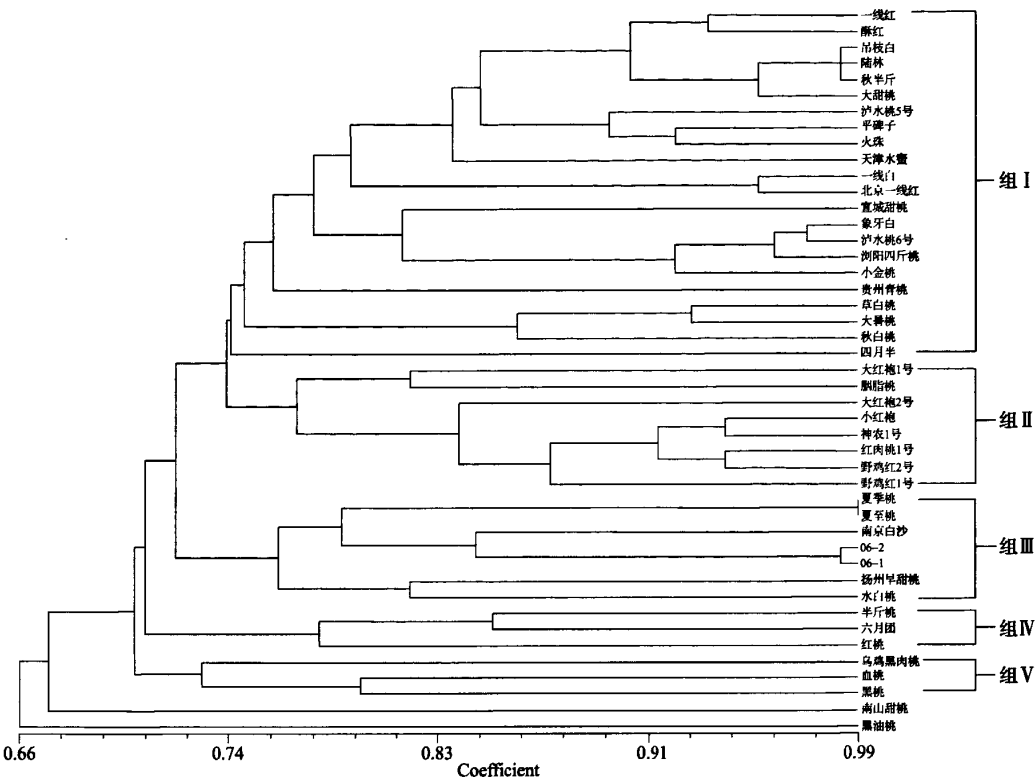


图 2 硬肉桃品种亲缘关系树状图
Fig. 2 Dendrogram of genetic relationship within crisp peach

2.5 4 个适宜栽培区域硬肉桃的亲缘关系分析

利用 Popgene32 软件对硬肉桃的 4 个适宜栽培区品种群构建亲缘关系树状图分析(图 3),长江流域桃区和云贵高原桃区的硬肉桃品种亲缘关系较近,在树状图中最先邻接,其次为华南亚热带桃区,最远的为华北平原桃区。由此亲缘关系聚类图可以

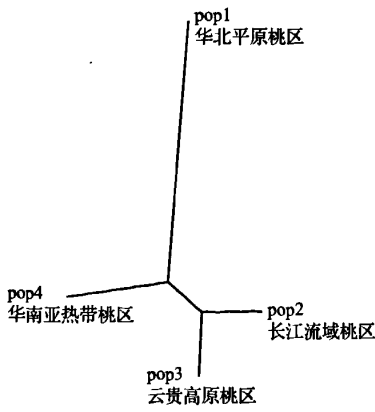


图 3 硬肉桃适宜栽培区品种群亲缘关系树状图
Fig. 3 Dendrogram of genetic relationship within areas suitable for crisp peach cultivation

推测,长江流域硬肉桃品种群体并非单一起源于北方硬肉桃,还很可能由云贵高原和华南亚热带桃区向长江流域渗入。

3 讨论

3.1 SSR 在硬肉桃品种中的识别能力

由于 SSR 分子标记具有稳定性好、多态性高、共显性、引物特异性强等特点^[3],近年来 SSR 技术作为一种成熟的分子标记已经广泛应用于桃的遗传多样性等方面的研究,且研究结果表明 SSR 标记具有很强的品种鉴别能力^[5-13]。本文研究也有类似结果,45 个硬肉桃品种中,除了夏季桃与夏至桃表现出相同的 SSR 基因型,其他品种均能一一区分。夏季桃、夏至桃都来自广西荔浦,二者在植物学特征、生物学特性和果实经济性状等方面均表现雷同,本文的 SSR 鉴定结果也表现出完全相同的 SSR 指纹,很可能是同物异名的品种。

3.2 硬肉桃种质的起源与演化

硬肉桃品种栽培历史悠久,系谱很难考证,因而演化关系很难推断。传统的结论认为硬肉桃起源于西北干旱地区,沿黄河流域传播到华北平原地区,再

向南传播到长江流域^[1]。这一结论很难解释地理隔离相对较远的华南亚热带桃区和云贵高原桃区的硬肉桃来源。硬肉桃与野生毛桃的亲缘关系较近,且北方硬肉桃比长江流域硬肉桃原始的结论也已经在分子水平上得到验证^[19]。

本文的 SSR 鉴定结果更倾向于认为长江流域的硬肉桃可能来源于北方硬肉桃群体,还可能来源于云贵高原桃区和华南亚热带桃区的硬肉桃群体。一方面,在硬肉桃品种聚类图中(图 2),来源于华南亚热带桃区和来源于华北平原桃区的硬肉桃品种相对隔离,并未在聚类图中出现相互渗透的现象;另一方面,在样本数类似时,华南亚热带桃区(4 个)、云贵高原桃区(6 个)和华北平原桃区的(5 个)的硬肉桃表现出类似的遗传多样性指数(表 3),表明 3 个桃区在系统演化中可能具有均等的作用。因为桃的演化存在两条途径^[1], (1) 光核桃向普通桃的演化存在光核桃直接演化为普通桃, (2) 光核桃→甘肃桃→普通桃的途径。途径(2)可以解释华北平原硬肉桃的来源,即传统认为的西北普通桃经黄河流域传播演化为华北硬肉桃,再向南形成长江流域硬肉桃;途径(1)可以解释云贵高原和华南亚热带桃区的硬肉桃来源,即光核桃在云贵高原形成普通桃,再顺长江而下形成长江流域硬肉桃,或形成华南亚热带硬肉桃后再渗透到长江流域硬肉桃群体(图 4)。

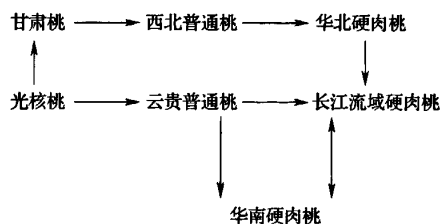


图 4 硬肉桃品种变化路线图

Fig. 4 Dendrogram of the deduced evolutionary route for crisp peach

3.3 硬肉桃种质利用前景

硬肉桃在我国作为较为古老和分布最为广泛的品种类群,有着丰富的种质资源,具有较高的遗传多样性,本实验室通过 SSR 标记在不同桃群体中的比较也有类似的发现。当前育种中主要采用果实经济性状优良的资源作为亲本,硬肉桃资源的使用频率远远低于其他桃品种。因而目前对硬肉桃种质资源的发掘利用还远远不够,特别是硬肉桃中蕴藏的红肉、耐贮藏和抗性基因将是今后挖掘利用的重要方向。

商品性高的油桃、水蜜桃和黄桃在生产中逐渐

取代了传统栽培的硬肉桃,一些珍稀硬肉桃资源因不受重视,在原产地已经丢失,因而硬肉桃种质资源的收集、保存和鉴定评价已是桃种质资源的迫切工作之一。

参考文献

- [1] 汪祖华,庄恩及. 中国果树志·桃卷[M]. 北京:中国林业出版社,2001:14-51
- [2] 龚林忠,何华平,王富荣,等. 10 份湖北地方红肉桃资源生物学特性观察[J]. 果树学报,2008,25(3):413-417
- [3] Arus P, Aranzana M J, Carbo J, et al. SSR and AFLP markers for germplasm evaluation and cultivar identification in peach[J]. Acta Horticulturae, 2003, 606: 35-40
- [4] Aranzana M J, Arus P, Carbo J, et al. AFLP and SSR markers for genetic diversity analysis and cultivar identification in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch.]. [J]. Acta Horticulture, 2001, 546: 367-370
- [5] Aranzana M J, Carbo J, Arus P, et al. Microsatellite variability in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]: cultivar identification, marker mutation, pedigree inferences and population structure [J]. Theor Appl Genet, 2003, 106(8): 1341-1352
- [6] Cheng H Y, Yang W C, Hsiao J Y, et al. Genetic diversity and relationship among peach cultivars based on Random Amplified Microsatellite Polymorphism (RAMP) [J]. Botanical Bulletin of Academia Sinica, 2001, 42(3): 201-206
- [7] Yamamoto T, Mochid A K, Imal T, et al. Parentage analysis in Japanese peaches using SSR markers[J]. Breeding Science, 2003, 53(1): 35-40
- [8] Yamamoto T, Mochid A K, Hayashi T, et al. Shanghai suimitsuto, one of the origins of Japanese peach cultivar [J]. Journal of the Japanese Society for Horticultural Science, 2003, 72(2): 116-121
- [9] Bielenberg D G, Wang Y, Fan S, et al. A deletion affecting several gene candidates is present in the Evergrowing peach mutant [J]. Journal of Heredity, 2004, 95(5): 436-444
- [10] Yamamoto T, Shimada T, Iait T, et al. Characterization of morphological traits based on a genetic linkage map in peach [J]. Breeding Science, 2001, 51(4): 271-278
- [11] 沈志军,马瑞娟,俞明亮,等. 无锡水蜜桃品种群遗传多样性及其他群体亲缘关系的 SSR 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 367-372
- [12] 俞明亮,马瑞娟,沈志军,等. 桃果肉颜色、果皮茸毛和花粉育性性状的分子标记[J]. 园艺学报, 2006, 33(3): 511-517
- [13] 沈志军,马瑞娟,俞明亮,等. 桃 SSR-PCR 主要因子对扩增产物的影响[J]. 江苏农业学报, 2006, 22(1): 76-78
- [14] 姜静. 分子生物实验原理与技术[M]. 哈尔滨:东北林业大学出版社, 2003: 109-118
- [15] Aranzana M J, Garicamas J, Carbo J, et al. Development and variability analysis of microsatellite markers in peach [J]. Plant Breeding, 2002, 121: 87-92
- [16] Dirlewanger E, Cosson P, Tavaud M, et al. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry [J]. Theor Appl Genet, 2002, 105: 127-138
- [17] Cipriani G, Lot G, Huang W G, et al. AC/GT and AG/CT microsatellite repeat in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch]: isolation, characterization and cross-species amplification in *Prunus* [J]. Theor Appl Genet, 1999, 99: 65-72
- [18] 陈巍,王力荣,张绍铃,等. 利用 SSR 研究不同国家桃育成品种的遗传多样性[J]. 果树学报, 2007, 24(5): 580-584
- [19] 王富容,佟兆国,赵剑波,等. 桃野生种和地方品种种质资源亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 果树学报, 2008, 25(3): 305-311

硬肉桃品种群SSR标记的遗传多样性分析

作者：[陆苏瑀](#)，[俞明亮](#)，[马瑞娟](#)，[沈志军](#)，[LU Su-yu](#)，[YU Ming-liang](#)，[MA Rui-juan](#)，[SHEN Zhi-jun](#)

作者单位：[陆苏瑀, LU Su-yu \(江苏省农业科学院园艺研究所, 南京, 210014; 扬州大学园艺与植物保护学院, 扬州, 225009\)](#)，[俞明亮, 马瑞娟, 沈志军, YU Ming-liang, MA Rui-juan, SHEN Zhi-jun \(江苏省农业科学院园艺研究所, 南京, 210014\)](#)

刊名：[植物遗传资源学报](#) **ISTIC PKU**

英文刊名：[JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年，卷(期)：2010, 11(3)

被引用次数：1次

参考文献(19条)

1. [Aranzana M J;Carbo J;Arus P](#) [Microsatellite variability in peach\[Prunus persica\(L.\)Batsch\]:cuhivar identification,marker mutation,pedigree inferences and population structure](#)[外文期刊] 2003(08)
2. [Cheng H Y;Yang W C;Hsiao J Y](#) [Genetic diversity and relationship among peach cultivars based on Random Amplified Microsatellite Polymorphism\(RAMP\)](#) 2001(03)
3. [Yamamoto T;Mochid A K;Imal T](#) [Parentage analysis in Japanese peaches using SSR markers](#)[外文期刊] 2003(01)
4. [Yamamoto T;Moehida K;Hayashi T](#) [Shanghai suimitsuto,one of the origins of Japanese peach euhivar](#)[外文期刊] 2003(02)
5. [Bielenberg D G;Wang Y;Fan S](#) [A deletion affecting several gene candidates is present in the Evergrowing peach mutant](#)[外文期刊] 2004(05)
6. [王富容;佟兆国;赵剑波](#) [桃野生种和地方品种种质资源亲缘关系的AFLP分析](#)[期刊论文]-[果树学报](#) 2008(03)
7. [陈巍;王力荣;张绍铃](#) [利用SSR研究不同国家桃育成品种的遗传多样性](#)[期刊论文]-[果树学报](#) 2007(05)
8. [Cipriani G;Lot G;Huang W G](#) [AC/GT and AG/CT microsatellite repeat in peach\[Prunus persica\(L\) Batach\]:isolation,characterization and cross-species amplification in Prunus](#)[外文期刊] 1999(1/2)
9. [Dirlewanger E;Cosson P;Tavaud M](#) [Development of microsatellite markers in peach\[Prunus persica\(L.\) Batsch\] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry](#) 2002
10. [Aranzana M J;Garicamas J;Carbo J](#) [Development and variability analysis of microsatellite markers in peach](#)[外文期刊] 2002(1)
11. [姜静](#) [分子生物实验原理与技术](#) 2003
12. [沈志军;马瑞娟;俞明亮](#) [桃SSR-PCR主要因子对扩增产物的影响](#)[期刊论文]-[江苏农业学报](#) 2006(01)
13. [俞明亮;马瑞娟;沈志军](#) [桃果肉颜色、果皮茸毛和花粉育性性状的分子标记](#)[期刊论文]-[园艺学报](#) 2006(03)
14. [沈志军;马瑞娟;俞明亮](#) [无锡水蜜桃品种群遗传多样性及其他群体亲缘关系的SSR分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2009(03)
15. [Yamamoto T;Shimada T;liait T](#) [Characterization of morphological traits based on a genetic linkage map in peach](#) 2001(04)
16. [Aranzana M J;Arus P;Carbo J](#) [AFLP and SSR markers for genetic diversity analysis and cuhivar identification in peach\[Prunus persica\(L.\)Batsch.\]](#) 2001
17. [Arus P;Aranzana M J;Carbo J](#) [SSR and AFLP markers for germplasm evaluation and cuhivar identification in peach](#) 2003

18. [龚林忠;何华平;王富荣](#) [10份湖北地方红肉桃资源生物学特性观察](#)[期刊论文]-[果树学报](#) 2008(03)
19. [汪祖华;庄恩及](#) [中国果树志@桃卷](#) 2001

引证文献(2条)

1. [俞明亮;马瑞娟;沈志军;蔡志翔](#) [中国桃种质资源研究进展](#)[期刊论文]-[江苏农业学报](#) 2010(6)
2. [俞明亮;马瑞娟;沈志军;蔡志翔](#) [中国桃种质资源研究进展](#)[期刊论文]-[江苏农业学报](#) 2010(6)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201003021.aspx