

基于 SRAP 标记的大花蕙兰种质资源遗传多样性分析

马红勃, 赖蓂英, 许旭明, 陈昌铭, 尚伟, 罗志花, 江秋萍

(福建省三明市农业科学研究所, 沙县 365509)

摘要:采用 SRAP 技术分析了来源于不同国家和地区的 42 个大花蕙兰品种及 4 个国兰原生种之间的遗传亲缘关系。34 对引物组合中筛选出 29 对带型稳定、多态性较好的引物组合, 共扩增出 398 条谱带, 其中 387 条为多态带, 多态性比率 97.2%, 平均每个引物组合扩增多态性带 13.3 条。46 份种质之间的相似系数变化范围为 0.60~0.99, 平均为 0.76。基于 29 个 SRAP 标记的扩增结果, 利用 NTSYS 2.10e 软件计算 Dice 遗传相似系数, 并建立 UPGMA 聚类图, 结果表明: 在遗传相似系数 0.69 处将供试材料分为 4 类, 较好地揭示了大花蕙兰品种及国兰原生种间的遗传多样性与亲缘关系, 可为大花蕙兰种质资源利用及杂交育种中亲本选择提供科学依据。

关键词:大花蕙兰; SRAP; 遗传多样性; 聚类分析

Genetic Diversity Analysis of Hybrid *Cymbidium*'s Germplasm Resources Based on SRAP Markers

MA Hong-bo, LAI Jun-ying, XU Xu-ming, CHEN Chang-ming, SHANG Wei, LUO Zhi-hua,

JIANG Qiu-ping

(Sanming Institute of Agricultural Science, Shaxian 365509)

Abstract: SRAP was used to analyse the genetic relationships of 42 *Hybrid cymbidium* cultivars from different countries, and 4 species of native *Cymbidium*. 29 stable and polymorphic primers were screened from 34 primers, and a total of 398 DNA bands were amplified, 387 of which were polymorphic, the ratio of polymorphic bands was 97.2%. The average number of polymorphic DNA bands amplified by each primer was 13.3. The genetic similarity among 46 germplasm ranged from 0.60~0.99, with an average of 0.76. According to the amplification of 29 markers, genetic similarity coefficient of dice was calculated using software NTSYS 2.10e, and a dendrogram of genetic relationship was constructed using UPGMA method. The dendrogram showed that all the tested cultivars and species were classified into four cluster groups with the similarity coefficient of 0.69, and well revealed the genetic diversity and genetic relatives among *Hybrid cymbidium* cultivars and native species. The findings of this research would provide a scientific basis for *Hybrid cymbidium* germplasm utilization and parental selection in cross breeding.

Key words: *Hybrid cymbidium*; SRAP; Genetic diversity; Cluster analysis

大花蕙兰 (*Hybrid cymbidium*) 为兰科兰属 (*Cymbidium*) 植物的杂交种, 多数具有独占春、虎头兰、美花兰、黄蝉兰、地旺兰等血统^[1]。目前已经成为五大盆栽兰花 (大花蕙兰、蝴蝶兰、石斛兰、卡特兰、中国兰) 之一, 也是重要的切花兰花种类之一^[2]。目

前, 中国大花蕙兰品种的选育研究尚处于起步阶段, 亲本及生产上应用的品种主要来源于国外和台湾地区, 大花蕙兰的品种选育主要集中在日本、美国、澳大利亚、台湾等国家和地区。从分子水平上揭示大花蕙兰种质资源遗传多样性及其亲缘关系, 是新品

收稿日期: 2010-08-18 修回日期: 2011-05-30

基金项目: 福建省科技计划项目 (200710032)

作者简介: 马红勃, 研究实习员, 主要从事植物分子生物学研究。E-mail: mahongbo863@163.com

通讯作者: 许旭明, 研究员, 主要从事水稻遗传育种研究工作。E-mail: fj63xxm@sina.com

种选育的基础性工作。

SRAP(Sequence-related amplified polymorphism, 相关序列扩增多态性)是由 Li 等^[3]开发的一种新型的分子标记。该标记结合了 AFLP 及 RAPD 的优点,试验结果稳定可靠,再现性高。SRAP 已经应用于西葫芦^[4]、棉花^[5-6]、野牛草^[7]、小麦^[8-9]、枇杷^[10]、烟草^[11]、青稞^[12]、杨树^[13]、辣椒^[14]、油菜^[15]、花椰菜^[16]等植物的遗传多样性及亲缘关系分析、遗传连锁图谱构建。SRAP 标记应用于大花蕙兰的遗传多样性及亲缘关系分析鲜见报道。本研究对福建省三明市农业科学研究所现有的、来源于不同国家和地区的 42 个大花蕙兰品种及 4 个国兰原生种的遗传亲缘关系进行 SRAP 分析,以期为大花蕙兰种质资源利用以及杂交育种中亲本的选配提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试品种的试样采集于福建省三明市农业科学研究所园艺中心大花蕙兰圃,共 46 份,其中中国台湾 11 份、日本 21 份、澳大利亚 8 份、韩国 2 份、国兰原生种 4 份,其品种名及编号详见表 1。室内试验于三明市农业科学研究所分子生物学实验室完成。

1.2 方法

1.2.1 DNA 的提取 取大花蕙兰幼嫩叶片,基因组 DNA 的提取和浓度测定参考李冬梅等^[17]的方法。

1.2.2 PCR 扩增 SRAP-PCR 扩增总体积 20 μ l,其中包括 1 \times buffer[10mmol/L Tris-HCl, pH 8.0, 50mmol/L KCl, 2.3mmol/L MgCl₂, 0.08% Nonidet P40], dNTP(各 200 μ mol/L),上下引物各 33ng, DNA 模板 20ng, Taq 酶 1.5 U(Taq 酶、1 \times buffer、SRAP 引物和 dNTP 均购自上海生工生物工程技术服务有限公司)。扩增条件为 94 $^{\circ}$ C 预变性 5min,反应前 5 个循环在 94 $^{\circ}$ C 1min, 35 $^{\circ}$ C 1min, 72 $^{\circ}$ C 1min; 随后的 30 个循环复性温度提高到 60 $^{\circ}$ C,最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5min, 4 $^{\circ}$ C 保存。PCR 在 MG96G 梯度 PCR 仪中进行。

1.2.3 电泳检测 采用北京六一仪器厂生产的 DYY-11B 型三恒多用电泳仪,用 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分离 PCR 产物。电泳缓冲液为 1 \times TBE,电泳电压 300V,时间 2h,银染检测。

1.2.4 数据记录与分析 扩增产物中只统计清

晰、再现性强的条带,多态性条带按有带记为 1,无带记为 0 进行统计。数据采用 NTSYS 2.10e 软件中 similarity 程序计算相似系数,以 clustering 程序中 SHAN 进行 UPGMA(unweighted pair-group method with arithmetic means,非加权组平均法)聚类分析。

2 结果与分析

2.1 多态性分析

本研究中所用的上下游引物序列见表 2,从 34 个 SRAP 引物组合中共筛选出带型稳定、多态性好的引物 29 个,对 42 个大花蕙兰品种及 4 个国兰原生种进行 PCR 扩增。所扩增条带的分子量一般都在 2000 bp 以内(图 1),29 个 SRAP 引物组合共扩增出 398 条谱带,平均每个引物扩增 13.7 条,最多 19 条,最少 9 条,其中多态性条带 387 条,多态性比率 97.2%,表明 SRAP 标记在大花蕙兰品种及国兰原生种中具有丰富的遗传多态性,SRAP 标记可以很好地揭示供试兰属种间或种内的遗传差异和亲缘关系。从带型上看,每条引物对普通大花蕙兰品种扩增都有少数共有的主带,而其他 4 个国兰原生种都能扩增出与普通大花蕙兰品种相区别的特异性条带,与普通大花蕙兰品种有明显区别,表明普通大花蕙兰品种间有相似的遗传基础或由共同的祖先演化而来的遗传基础。

2.2 遗传相似性分析

根据 SRAP 标记分析结果,供试材料样本间遗传相似系数 GS 为 0.60~0.99,平均为 0.76。4 个国兰原生种和与普通大花蕙兰品种之间的遗传相似系数均表现较低,为 0.60~0.78,平均为 0.63。其中垂花蕙兰与 270、水晶宫及大黄花遗传相似系数最低,均为 0.60,以上结果表明国兰原生种与普通大花蕙兰品种间存在明显的遗传差异。

42 份普通大花蕙兰品种的遗传相似系数为 0.60~0.99,平均为 0.71,表明普通大花蕙兰品种间有着丰富的遗传多样性。192 与 196、大风 A 与大风 B 之间的遗传相似系数 GS 很高,分别达到 0.98 和 0.99,有很近的遗传距离,而大部分品种间的遗传相似系数在 0.60~0.90。上述结果表明,普通大花蕙兰品种经自然演化、突变和人工选择等已与原生种有较大的遗传差异性,而多数普通大花蕙兰品种间仍表现一定的遗传相似性,少数品种间存在中等程度的遗传差异。

表 1 本试验所用材料及编号

Table 1 The list of cultivars used in this study

编号 No.	品种 Cultivar	来源 Origin	花枝类型 Branch type	花色 Flower color	花径 Flower size
1	P56	澳大利亚	直立	红色	大花
2	208	澳大利亚	直立	深红	大花
3	187	澳大利亚	下垂	褐色	中花
4	196	澳大利亚	下垂	褐色	中花
5	J001	澳大利亚	直立	红色	大花
6	195	澳大利亚	直立	白色	大花
7	192	澳大利亚	下垂	绿色	小花
8	270	澳大利亚	直立	绿色	大花
9	红太阳	中国台湾	直立	桃红	大花
10	水晶宫	日本	直立	绿色	小花
11	龙岩黄花	未知	直立	黄色	大花
12	维纳斯	日本	直立	黄色	大花
13	日本黄	日本	直立	黄色	大花
14	青绞白	日本	直立	浅绿	大花
15	日本红	日本	直立	粉红	大花
16	杂交兰	中国台湾	直立	红色	小花
17	日本绿	日本	直立	绿色	大花
18	东方红	中国台湾	直立	深红	小花
19	大黄花	日本	直立	黄色	大花
20	粉白色花	中国台湾	直立	粉白色	小花
21	King	中国台湾	直立	红色	大花
22	阿妹姿依美	日本	直立	粉色	中花
23	大风 A	中国台湾	直立	黄色	小花
24	大风 B	中国台湾	直立	黄色	小花
25	幸福彩虹(红)	日本	直立	红色	中花
26	幸福彩虹(粉)	日本	直立	粉白色	小花
27	黄金小神童	中国台湾	直立	黄色	小花
28	绿宝石	韩国	直立	绿色	大花
29	长腿姑娘	日本	直立	粉色	大花
30	满天星	日本	直立	桃红	大花
31	台湾红花	中国台湾	直立	红色	大花
32	9号	未知	直立	粉白色	大花
33	粉花7号	未知	直立	粉色	中花
34	2号	未知	直立	红色	大花
35	4号	未知	直立	绿色	大花
36	香格格	中国台湾	直立	黄色	小花
37	将军	韩国	直立	深红	大花
38	黄花40号	日本	直立	黄色	大花
39	Sensation	日本	直立	红色	大花
40	美姬	中国台湾	直立	红色	小花
41	宝石皇后	日本	直立	深红	大花
42	3号	未知	下垂	褐色	未知
43	寒兰	中国	直立	绿色	小花
44	剑兰	中国	直立	黄色	小花
45	春兰	中国	直立	黄色	小花
46	垂花蕙兰	中国	下垂	褐色	小花

表2 上下游引物序列

Table 2 Sequences of forward and reverse primers used in this study

引物 Primer	上游引物序列(5'-3') Forward primer sequence(5'-3')	引物 Primer	下游引物序列(5'-3') Reverse primer sequence(5'-3')
Me1	TGA GTC CAA ACC GGA TA	Em1	GAC TGC GTA CGA ATT AAT
Me2	TGA GTC CAA ACC GGA GC	Em2	GAC TGC GTA CGA ATT TGC
Me3	TGA GTC CAA ACC GGA AT	Em3	GAC TGC GTA CGA ATT GAC
Me4	TGA GTC CAA ACC GGA CC	Em4	GAC TGC GTA CGA ATT TGA
Me5	TGA GTC CAA ACC GGA AG	Em5	GAC TGC GTA CGA ATT AAC
Me6	TGA GTC CAA ACC GGA CA	Em6	GAC TGC GTA CGA ATT GCA
Me8	TGA GTC CAA ACC GGA CT	Em8	GAC TGC GTA CGA ATT CAC
Me9	TGA GTC CAA ACC GGA GG	Em9	GAC TGC GTA CGA ATT CAG

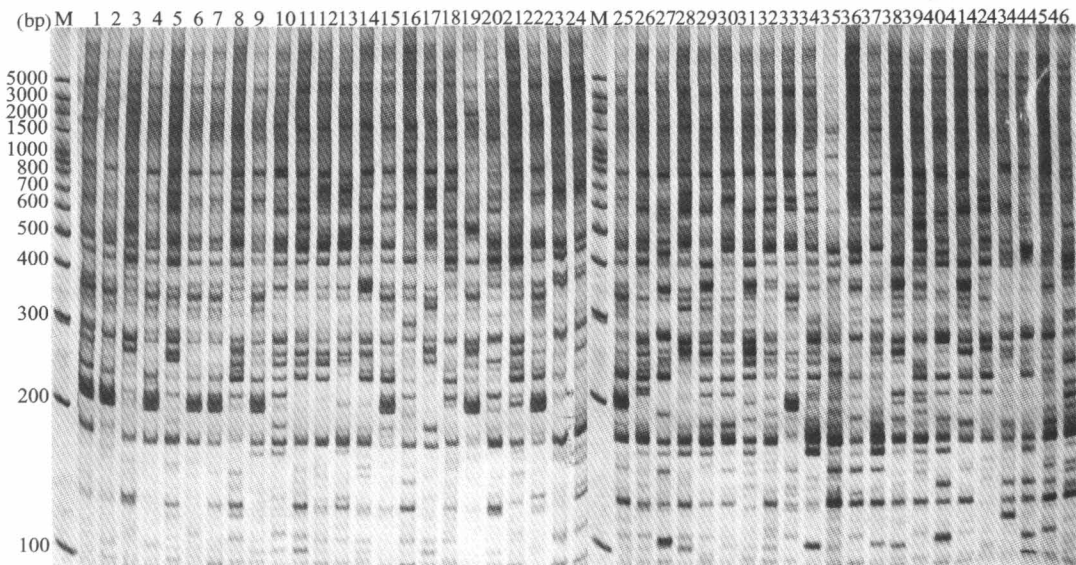


图1 引物 Me4Em1 对 46 份种质的扩增结果

Fig. 1 Amplifications of 46 accessions using primer Me4Em1

M: 100 bp DNA ladder marker; 1~46: 品种编号; 1-46: cultivar code

2.3 分子聚类分析

基于 SRAP 的扩增结果,用 UPGMA 法进行聚类分析,得到供试品种亲缘关系分子聚类图(图 2)。在遗传相似系数阈值 0.69 处作切割线 L1,可将 46 份供试品种划分为 4 类。第 I 类群只含 1 个蕙兰原生种-垂花蕙兰;第 II 类群包括寒兰、春兰和剑兰 3 个国兰原生种;第 III 类群仅有 1 个杂交兰,为蕙兰和国兰的杂交种;第 IV 类群包括所有 41 个普通大花蕙兰品种。L1 的划分较好说明了 46 份种质的遗传亲缘关系。

在阈值 0.80 处(L2)又可将第 IV 类群分别划分为 9 个亚类群。第 IV1 亚类群包括 6 个普通品种,除 P56 来自澳大利亚,红太阳来自中国台湾外,阿妹姿依美、幸福彩虹(红)和幸福彩虹(粉)均来自于日

本,粉花 7 号来源未知,6 个品种均为花枝直立型的中大型粉花红花系品种;第 IV2 亚类群包括 4 个澳大利亚品种 208、196、192 和 195,3 个日本品种大黄花、日本红和满天星,此亚类中株型相似,叶较宽;第 IV3 亚类包括 2 个澳大利亚品种 J001 和 270,3 个日本品种长腿姑娘、宝石皇后、青绞白,均为直立大花品种;第 IV4 亚类包括水晶宫、黄花 40 号和日本绿 3 个日本品种,1 个韩国品种绿宝石,1 个未知来源品种 2 号,除水晶宫为直立小花品种,其余 4 个均为直立大花品种;第 IV5 亚类仅有维纳斯和日本黄两个日本品种,均为直立大黄花型,且都耐热;第 IV6 亚类包括 2 个未知来源品种龙岩黄色花和 9 号,1 个韩国品种将军和一个中国台湾品种台湾红花,均为直立大花品种;第 IV7 亚类含褐色花、下垂型的

187 和 3 号;第 IV 8 亚类包括 4 号、Sensation、东方红、粉白色花和 King,均为直立型花,颜色有红、绿和粉白;第 IV 9 亚类包括大风 A、大风 B、香格格、黄金小神童和美姬,均为直立型品种,花有素心且有清

香。L2 等级划分揭示了普通品种之间存在的遗传多样性,与其来源、花枝类型、花径大小等有一定相关性,但这些种质经自然演化、突变和人工引种选择等遗传差异性有所缩小。

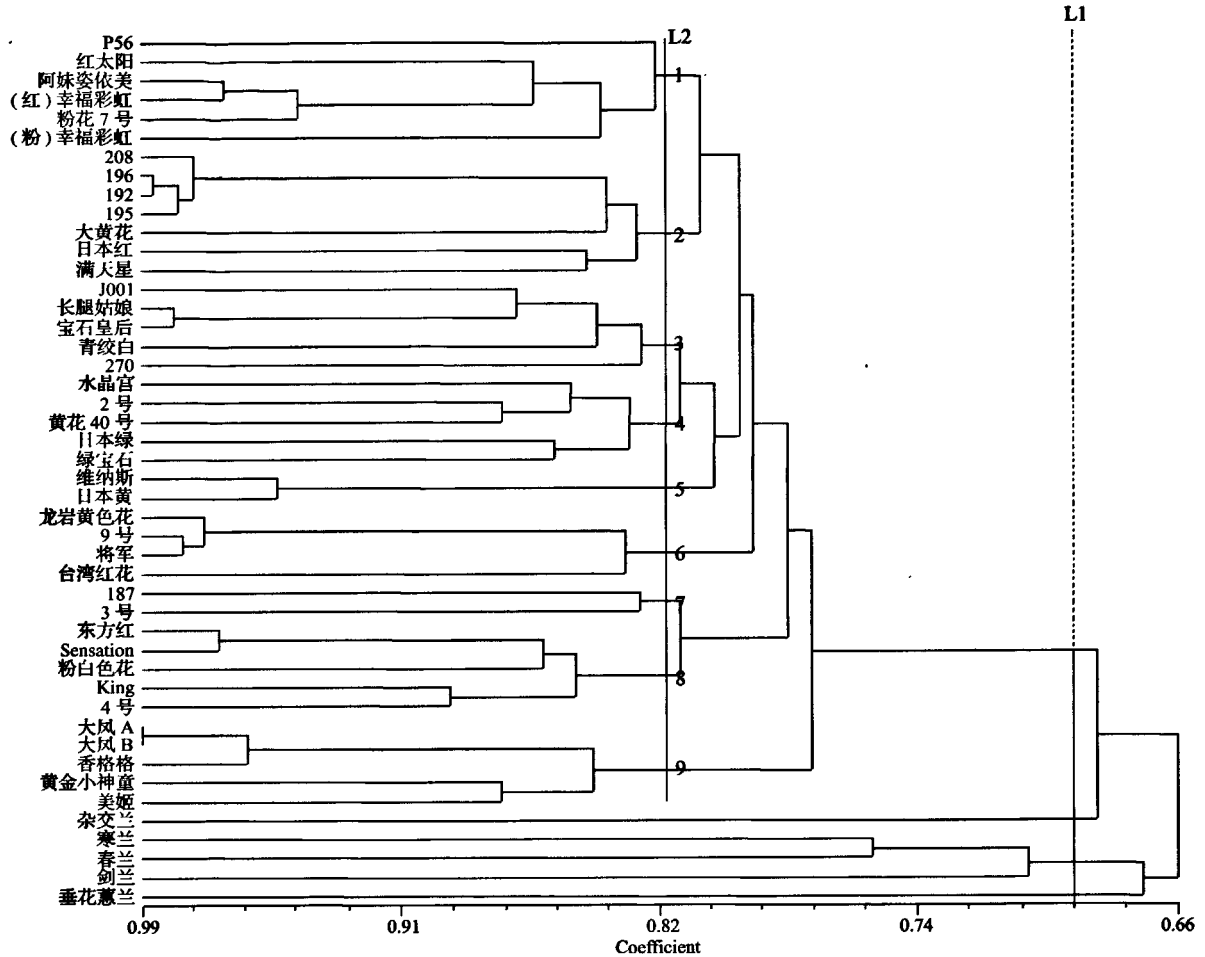


图 2 46 份种质的 SRAP 分子聚类图

Fig. 2 Cluster dendrogram of 46 accessions by using SRAP makers

3 讨论

3.1 SRAP 标记及其多态性

前人应用 RAPD^[1]、RFLP^[18]、AFLP^[19] 分子标记技术对大花蕙兰进行了研究,鲜见有关 SRAP 应用的方面报道。RAPD 标记操作简便易行,但易受实验条件影响、重复性差、产率低;RFLP 遍布整个基因组,并且非常稳定,但 RFLP 实验操作繁琐,检测周期长,成本高昂;AFLP 谱带多,但分析程序复杂、成本高。SRAP 是一种新型的分子标记,已经在多种植物上研究应用。SRAP 实验操作简单,重复性好,有利于遗传多样性和亲缘关系研究。

SRAP 应用于大花蕙兰种质资源遗传多样性

研究成效较好。与其他分子标记相比,效率更高。本研究中,34 对引物组合中筛选出 29 对,多态性引物比率 85.3%。而朱根发等^[3]对大花蕙兰种质进行 AFLP 分析时,64 对引物中筛选出多态性引物 9 对,多态性引物比率仅为 14.1%;李冬梅等^[1]利用 RAPD 标记分析了大花蕙兰种质资源亲缘关系,100 个引物中筛选出 20 个引物,引物多态性比率也只有 20%。因此可见,SRAP 多态性很好,效率极高,可以提供更丰富的遗传信息,获得更可靠的结果。

SRAP 对不同植物扩增结果有所差异,效率也不相同,如刘雅辉等^[8]用 SRAP 技术对 23 个以 Thatcher 为遗传背景的小麦抗叶锈病近等基因系

和感病对照 Thatcher 进行分析,41 对引物(128 对引物组合中选出)共产生 537 个多态性条带,每个引物组合产生 6~41 个多态性条带,多态性比率 49.5%;易杨杰等^[16]采用 SRAP 分子标记技术对 32 份野生狗牙根材料进行遗传多样性分析,14 对引物组合共得到 132 条多态性条带,平均每对引物扩增出 9.4 条多态带,多态性位点百分率为 79.8%。以上差异可能与不同植物基因组的差异及所用引物组合不同有关。SRAP 在大花蕙兰上表现出高效率,将成为大花蕙兰亲缘关系鉴定的重要工具。

3.2 聚类分析

从 SRAP 聚类结果来看,L1 分类中国兰原生种、杂交兰以及普通品种被明显的区分开来。L2 分类中大花蕙兰品种间的亲缘关系与来源、花枝类型等有一定的相关性,这与前人对大花蕙兰的分子聚类结果具有一致性^[1]。如第 II 5 亚类有维纳斯和日本黄 2 个日本品种,均为直立大黄花型;第 IV 9 亚类包括大凤 A、大凤 B、香格格、黄金小神童和美姬 5 个中国台湾品种,且均为直立型小花类型,除美姬开红色花,其余均开黄色花,它们亲缘关系较近,被聚为一类。同处一个国家或地区的不同品种因杂交会多,基因交换频繁,品种的遗传基础趋于相似,品种间遗传一致性相对较高。

聚类结果亚类中也有不同来源地或不同花枝类型的品种聚在一起的情况,如第 IV 2 亚类群中 4 个澳大利亚品种 208、196、192 和 195,3 个日本品种大黄花、日本红和满天星,208、195、大黄花、日本红和满天星为花枝直立型,196 和 192 为花枝下垂型;第 IV 8 类群包括 5 个普通品种,Sensation 来自于日本,东方红、粉白色花及 King 来源于中国台湾,4 号来源未知。前人的研究中也存在类似的情形^[1],这可能与目前国际间交流引种增多,加上自然演化、突变等因素遗传差异性有所缩小有关,需要今后研究中进行更多论证。这些与形态分类不完全一致的可作

为形态分类的有益补充。

参考文献

- [1] 李冬梅,叶庆生,朱根发. 大花蕙兰种质资源亲缘关系的 RAPD 分析[J]. 中国农业科学,2007,40(4):800-806
- [2] 卢思聪. 中国兰与洋兰[M]. 北京:金盾出版社,1994
- [3] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction; Its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. *Theor Appl Genet*,2001,103:455-461
- [4] Ferriol M, Pico B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers [J]. *Theor Appl Genet*,2003,107:271-282
- [5] 李武,倪薇,林忠旭,等. 海岛棉遗传多样性的 SRAP 标记分析[J]. 作物学报,2008,34(5):893-898
- [6] 李驰,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
- [7] Budak H, Shearman R C, Parmaksiz I, et al. Molecular characterization of buffalograss germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 108: 328-334
- [8] 刘雅辉,闫红飞,杨文香,等. 23 个小麦抗叶锈病近等基因系 SRAP 多态性[J]. 中国农业科学,2008,41(5):1333-1340
- [9] 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
- [10] 乔燕春,林顺权,刘成明,等. SRAP 分析体系的优化及在枇杷种质资源研究上的应用[J]. 果树学报,2008,25(3):348-352
- [11] 马红勃,祁建民,李延坤,等. 烟草 SRAP 和 ISSR 分子遗传连锁图谱构建[J]. 作物学报,2008,34(11):1958-1963
- [12] 杨平,刘仙俊,刘新春,等. 利用 SRAP 标记研究四川高原青稞育成品种的遗传多样性[J]. 遗传,2008,30(1):115-122
- [13] 刘艳萍,郭志富,刘玉东,等. 应用 SRAP 标记分析新疆地区主要杨属树种的遗传多样性[J]. 植物生理学通讯,2008,44(2):225-228
- [14] 任羽,张银东,尹俊梅,等. 应用 SRAP 分子标记评价辣椒自交系的遗传关系[J]. 热带作物学报,2008,29(1):47-52
- [15] 徐爱遐,马朝芝,肖恩时,等. 中国西部芥菜型油菜遗传多样性研究[J]. 作物学报,2008,34(5):754-763
- [16] 马二磊,王燕,刘莉,等. 松花型花椰菜主要品种鉴定的分子标记分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(5):621-624
- [17] 李冬梅,朱根发,叶庆生. 大花蕙兰基因组 DNA 提取及 RAPD 反应条件探索[J]. 热带亚热带植物学报,2006,14(1):25-30
- [18] 甘娜,谭向红,陈其兵,等. 应用 RAPD 标记和细胞质基因组 PCR-RFLP 技术研究大花蕙兰的遗传多样性[J]. 园艺学报,2006,33(2):349-355
- [19] 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

基于SRAP标记的大花蕙兰种质资源遗传多样性分析

作者: [马红勃](#), [赖鋈英](#), [许旭明](#), [陈昌铭](#), [尚伟](#), [罗志花](#), [江秋萍](#), [MA Hong-bo](#), [LAI Jun-ying](#), [XU Xu-ming](#), [CHEN Chang-ming](#), [SHANG Wei](#), [LUO Zhi-hua](#), [JIANG Qiu-ping](#)
作者单位: [福建省三明市农业科学研究所, 沙县, 365509](#)
刊名: [植物遗传资源学报](#) 
英文刊名: [Journal of Plant Genetic Resources](#)
年, 卷(期): 2011, 12(4)

参考文献(19条)

1. [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](#) 2007(02)
2. [甘娜;谭向红;陈其兵](#) [应用RAPD标记和细胞质基因组PCR-RFLP技术研究大花蕙兰的遗传多样性](#) 2006(02)
3. [李冬梅;朱根发;叶庆生](#) [大花蕙兰基因组DNA提取及RAPD反应条件探索](#) 2006(01)
4. [马二磊;王燕;刘莉](#) [松花型花椰菜主要品种鉴定的分子标记分析](#) 2010(05)
5. [徐爱遐;马朝芝;肖恩时](#) [中国西部芥菜型油菜遗传多样性研究](#) 2008(05)
6. [任羽;张银东;尹俊梅](#) [应用SRAP分子标记评价辣椒自交系的遗传关系](#) 2008(01)
7. [刘艳萍;郭志富;刘玉东](#) [应用SRAP标记分析新疆地区主要杨属树种的遗传多样性](#) 2008(02)
8. [杨平;刘仙俊;刘新春](#) [利用SRAP标记研究四川高原青稞育成品种的遗传多样性](#) 2008(01)
9. [马红勃;祁建民;李延坤](#) [烟草SRAP和ISSR分子遗传连锁图谱构建](#) 2008(11)
10. [乔燕春;林顺权;刘成明](#) [SRAP分析体系的优化及在枇杷种质资源研究上的应用](#) 2008(03)
11. [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)
12. [刘雅辉;闫红飞;杨文香](#) [23个小麦抗叶锈病近等基因系SRAP多态性](#) 2008(05)
13. [Budak H;Shearman R C;Parmaksiz I](#) [olecular characteriza tion of buffalograss germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers](#)[外文期刊] 2004
14. [李驰;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)
15. [李武;倪薇;林忠旭](#) [海岛棉遗传多样性的SRAP标记分析](#) 2008(05)
16. [Ferriol M;Pico B;Nuez F](#) [Genetic diversity of a germplasm col lection of Clucurbita pepousing SRAP and AFLP markers](#)[外文期刊] 2003
17. [Li G;Quiros C F](#) [Sequence-related amplified polymorphism \(SRAP\), a new marker system based on a simple PCR reac tion:Its application to mapping and gene tagging in Brassica](#) 2001
18. [李冬梅;叶庆生;朱根发](#) [大花蕙兰种质资源亲缘关系的RAPD分析](#) 2007(04)
19. [卢思聪](#) [中国兰与洋兰](#) 1994

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201104011.aspx