

# 猕猴桃属 16 个雄性材料遗传多样性的 ISSR 分析

刘娟<sup>1</sup>, 廖明安<sup>1</sup>, 谢玥<sup>2</sup>, 周良强<sup>2</sup>, 李明章<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> 四川农业大学园艺学院, 雅安 625014; <sup>2</sup> 四川省自然资源科学研究院, 成都 610015)

**摘要:** 利用 ISSR 分子标记对雄性猕猴桃 16 个材料进行遗传多样性分析。从 100 条引物中筛选出 10 条引物用于 ISSR 扩增, 共扩增出 172 条带, 其中多态性条带 140 条, 多态性百分率为 81.4%; 经 POPGENE 1.32 软件分析结果显示, 16 个雄性猕猴桃材料的遗传距离在 0.1503 ~ 0.5128 之间, 平均 Nei's 基因多样性指数 ( $H$ ) 为 0.2416, 平均 Shannon 信息指数 ( $I$ ) 为 0.4048; 聚类分析结果显示, 在遗传相似系数为 0.64 处可将供试材料分成 4 类, 第 I 类为中华和美味猕猴桃, 第 II 类为阔叶、毛花猕猴桃, 第 III 类为魁绿猕猴桃, 第 IV 类为四萼猕猴桃。结果表明 ISSR 可用于雄性猕猴桃遗传多样性研究, 该研究结果可为猕猴桃种质资源的进一步开发利用提供重要信息。

**关键词:** 猕猴桃; 雄株; ISSR; 聚类分析; 遗传多样性

## Genetic Diversity of 16 Male *Actinidia* Cultivars Based on ISSR

LIU Juan<sup>1</sup>, LIAO Ming-an<sup>1</sup>, XIE Yue<sup>2</sup>, ZHOU Liang-qiang<sup>2</sup>, LI Ming-zhang<sup>2</sup>

(<sup>1</sup> College of Horticultural, Sichuan Agricultural University, Ya'an 625014;

<sup>2</sup> Sichuan Province Natural Resources Science Academy, Chengdu 610015)

**Abstract:** In this study, 16 male kiwifruit cultivars were analyzed using inter-simple sequence repeat markers (ISSR) to investigate the genetic diversity. 10 primers selected from 100 primers were used for ISSR amplification. A total of 172 bands were generated, of which 140 bands were polymorphic bands (the percentage of polymorphic band, PPB = 81.4%). The results of POPGENE version 1.32 analysis showed that the genetic distance of the 16 male kiwifruit cultivars was between 0.1503-0.5128 and the genetic diversity index ( $H$ ) and Shannon index ( $I$ ) was 0.2416, 0.4048, respectively. These cultivars were divided into 4 groups at the genetic similarity of 0.64. Class I was made up of *A. chinensis* and *A. deliciosa*. Class II was *A. latifolia* and *A. eriantha*. Class III was 'Kuily' and Class IV was *A. tetramera*. It was indicated that ISSR markers were feasible to analyze the genetic diversity of male kiwifruits and the results would facilitate the exploitation and utilization of kiwifruits.

**Key words:** kiwifruit; male cultivars; ISSR; cluster analysis; genetic diversity

猕猴桃为隶属于猕猴桃科 (Actinidiaceae) 猕猴桃属 (*Actinidia* Lindl.) 的多年生雌雄异株落叶藤本植物, 全世界共有 66 个种, 其中 62 种原产于我国, 因此我国猕猴桃的遗传资源极为丰富<sup>[1]</sup>。猕猴桃的鲜果富含维生素 C 和氨基酸<sup>[2]</sup>, 经加工后的果脯、果干、果酒也同样具有独特的风味, 因此深受大众喜爱; 另外, 其枝条可用于造纸业和建筑业, 根部有药用价值, 部分品种还具有较好的观赏价值<sup>[3]</sup>。

由于其市场的高度认可度和多功能的用途, 使得近年来猕猴桃种植产业在全世界范围内蓬勃发展<sup>[4]</sup>。

猕猴桃属雌雄异株植物, 雌花需经过雄花授粉才能发育成果实, 授粉后果实商品性和子代的性状受父本和母本共同影响。所以要充分发挥雌性品种的优良经济性状, 使果实达到高产优质的要求, 就有必要选育并配置优良的雄株。目前学者对猕猴桃雌性植株的研究较多, 而对于选育并配置适宜雄性

收稿日期: 2014-08-20 修回日期: 2014-11-04 网络出版日期: 2015-04-10

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150410.1613.009.html>

基金项目: 四川省国际科技合作与交流研究计划项目 (2013HH0020); 2013 年四川省公益性科研院所基本科研业务费项目; 猕猴桃育种及利用四川省重点实验室

第一作者研究方向为果树优质高产高效理论与技术。E-mail: liujuan\_2012@126.com

通信作者: 廖明安, 主要从事果树栽培研究工作。E-mail: minan0648@sina.com

猕猴桃植株来提高果实的商品性以及提高子代植株优良性状方面的研究较少。另外,杂交育种作为人工培育猕猴桃新品种的重要形式,比系统选育更容易获得理想的栽培品种。再者,杂交育种中雌雄株的性状均会影响子代的商品性,亲缘关系也会直接影响子代的可育性。因此,研究猕猴桃雄性品种就显得十分必要。前人对猕猴桃雄株的栽培管理<sup>[5-8]</sup>、形态学特征<sup>[9]</sup>、细胞学特征<sup>[10]</sup>、生理特征层面<sup>[11-17]</sup>等进行了较为系统的研究,但迄今为止,利用分子生物学方法对猕猴桃雄株进行研究的相关报道较少,且仅限于对雄性基因连锁的分子标记<sup>[18-19]</sup>以及品种红阳在 DNA 水平上不同性别间的差异<sup>[20-21]</sup>进行过相关探讨,而对猕猴桃雄株的遗传多样性研究却尚未见报道。

本试验采用 ISSR 分子标记对猕猴桃属 6 个种

(中华、美味、软枣、四萼、阔叶、毛花)共 16 个雄性猕猴桃材料进行遗传多样性分析,旨在为猕猴桃属植物的遗传多样性、遗传背景以及亲缘关系的远近做一定的基础研究,为后期鉴别猕猴桃品种、开发猕猴桃经济价值、辅助选择育种和性状的相关分子标记奠定基础。此外,对于雄株遗传多样性的研究更加有利于雄性品种的研究改良,为后期优质品种资源的优化,培育抗病、高产、高效、优质的新猕猴桃品种提供一定的理论参考和实践依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

试验材料均采自于四川省自然资源科学研究院猕猴桃所什邡基地,供试材料均为雄株(表 1)。

表 1 供试猕猴桃材料

Table 1 Materials used in the study

编号 No.	材料名称 Materials name	所属种 Species	所属种拉丁学名 Latin name	所属组(系) Sect. and ser.
1	红阳	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
2	红什 2 号	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
3	金什 1 号	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
4	金什 2 号	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
5	金艳	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
6	海沃德	美味猕猴桃	<i>A. deliciosa</i>	星毛组完全星毛系
7	Hort16A	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
8	79-1	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
9	Soreli	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
10	秦美	美味猕猴桃	<i>A. deliciosa</i>	星毛组完全星毛系
11	毛花	毛花猕猴桃	<i>A. eriantha</i>	星毛组完全星毛系
12	魁绿	软枣猕猴桃	<i>A. arguta</i>	净果组片髓系
13	04137	中华猕猴桃	<i>A. chinensis</i>	星毛组完全星毛系
14	红美	美味猕猴桃	<i>A. deliciosa</i>	星毛组完全星毛系
15	四萼	四萼猕猴桃	<i>A. tetramera</i>	净果组片髓系
16	阔叶	阔叶猕猴桃	<i>A. latifolia</i>	星毛组完全星毛系

### 1.2 方法

**1.2.1 DNA 提取** 采用试剂盒的方法提取 16 个雄性猕猴桃总 DNA,试剂盒由天根生化科技有限公司提供。经紫外分光光度仪检测其 DNA 的纯度和浓度,再用 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳检测猕猴桃总 DNA

的完整性,最后将 DNA 模板浓度调至 100 ng/μL 后保存在 4 °C 冰箱备用。

**1.2.2 引物筛选** 选用加拿大哥伦比亚大学设计的 100 条 ISSR 引物,由成都塞百盛生物工程有限公司合成。通过优化设计出的适合 16 个雄性猕猴桃

的 ISSR-PCR 最佳反应体系,从中筛选出条带清晰、稳定性好和重复率高的引物用于所有 DNA 模板的 PCR 扩增。

**1.2.3 PCR 扩增** PCR 反应体系在邱利娜等<sup>[22]</sup>的基础上进行优化条件,并参考邹游等<sup>[23]</sup>的试验结果,得到一个适用于 16 个猕猴桃雄性材料的反应体系。*Taq* 酶购自天根生物工程(成都)有限公司。PCR 反应在 PTC-200 型基因扩增仪(美国 BIO-RAD)中进行。扩增产物用 2% 琼脂糖凝胶在电泳仪上恒压 80 V 电泳 60 min, DNA 分子量标记为 DL1500,溴化乙锭(0.5  $\mu\text{g}/\text{mL}$ )染色 10 min 后,在透射紫外灯下观察并照相。

### 1.3 数据分析

统计各引物的分子标记在电泳图谱之间的所有结合位点,并观察其有无分子标记与模板的结合条带,有带记为 1,无带记为 0,得到所有位点的二元数据。根据此二元矩阵,统计 ISSR 扩增产物的总条带数和多态性条带数量,计算多态性条带所占的百分比(PPB)。通过 POPGENE 32 计算<sup>[24-25]</sup> Shannon 信息指数( $I$ )、等位基因数( $N_a$ )、有效等位基因数( $N_e$ )、Nei's 遗传多样性( $H$ )等,利用 NTSYSpc 2.10e 软件进行 Jaccard 相似性系数分析,并用 UPGMA 方法进行聚类分析,建立亲缘关系图<sup>[26-27]</sup>,再以 DCFA 构建文本后导入 POPGENE 32 中进行分析,最后用 Treeview 根据遗传距离作图。

## 2 结果与分析

### 2.1 ISSR 体系建立

经反复试验从 100 条引物中筛选出 10 条带型好、多态性高、重复率高的引物,并得到适用于 16 个猕猴桃雄性材料的反应体系:扩增总体积为 20  $\mu\text{L}$ ,包括 1  $\mu\text{L}$  (100 ng) 模板 DNA, 10  $\times$  PCR buffer 2.0  $\mu\text{L}$ , 2.0 mmol/L  $\text{MgCl}_2$  1  $\mu\text{L}$ , 0.25 mmol/L dNTPs 1  $\mu\text{L}$ , 10  $\mu\text{mol}/\text{L}$  引物 1  $\mu\text{L}$ , 1U *Taq* 酶,去离子水( $\text{ddH}_2\text{O}$ )补齐。扩增程序为 94  $^\circ\text{C}$  预变性 7 min; 94  $^\circ\text{C}$  变性 45 s,退火 45 s, 72  $^\circ\text{C}$  延伸 2 min, 45 个循环后 72  $^\circ\text{C}$  延伸 7 min, 4  $^\circ\text{C}$  保存。

### 2.2 ISSR 多态性分析

用筛选出来的 10 条引物对 6 个猕猴桃种的 16 个材料进行扩增,共扩增出 172 条带,其中多态性条带数量为 140 条,多态性位点百分率为 81.4%,平均每个引物扩增出 17.2 条,其中引物 895 的扩增结果见图 1,每个引物扩增的条带范围在 11~26 条。

引物 845 扩增条带最多为 26 条带,引物 818 扩增条带最少为 11 条。片段大小集中在 100~2500 bp 之间。10 条引物对 16 个猕猴桃材料的 ISSR 扩增结果见表 2。

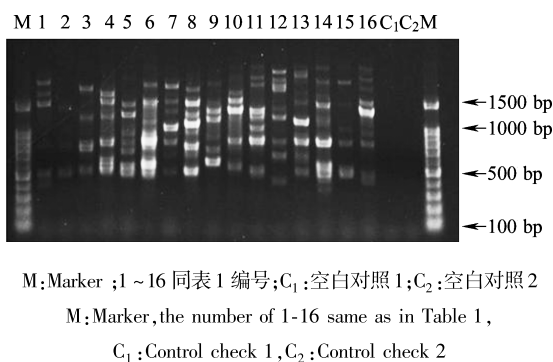


图 1 引物 895 对 16 个猕猴桃雄株的扩增谱带以及对照  
Fig. 1 Band spectrum of 16 male kiwifruit cultivars by primer 895 and blank control

### 2.3 16 个猕猴桃材料之间和 6 个种之间遗传距离分析

对扩增结果用 popgene32 采用 Nei-Li 遗传一致度和遗传距离的计算方法,得到公示材料种内和种间的相似性-遗传距离矩阵。结果表明,16 个猕猴桃间的遗传距离在 0.1503~0.5128 之间。金什 1 号和金什 2 号的遗传距离最小为 0.1503,而遗传距离最大的是金艳和四萼,为 0.5128。

采用同样的方法分析 6 个种间的遗传一致度和遗传距离,表 3 为 6 个种间的遗传距离无偏估计值,由表 3 可以看出中华和美味的遗传距离为 0.0538,亲缘关系较近,而其他任意两者的距离都超过了 0.2459。遗传距离最远的是软枣和四萼,为 0.4470。

### 2.4 16 份雄性猕猴桃材料的遗传多样性

从表 4 可以看出,16 份雄性猕猴桃材料的平均有效等位基因数( $N_e$ )为 1.3217,波动范围在 1.1556~1.6189 之间。平均 Nei's 基因多样性指数( $H$ )为 0.2416,最大值为 0.3765(引物 820),最小值为 0.1307(引物 845)。Shannon 信息指数( $I$ )变幅为 0.2470~0.5620,平均 0.4048。遗传分化参数分析显示,16 个雄性猕猴桃材料之间总的遗传多样性( $H_t$ )为 0.2704,种内遗传多样性( $H_s$ )为 0.0476,种间遗传多样性( $D_{st}$ )为 0.2228,遗传分化系数( $G_{st}$ )为 0.8242,基因流( $N_m$ )为 0.1607。表明 16 个雄性猕猴桃材料的遗传多样性程度存在较大差别,也可以看出 ISSR 引物能够较好地用于猕猴桃品种之间的遗传研究。

表 2 优选出的 10 条 ISSR 引物的扩增结果

Table 2 Amplification results of the 10 primers used for ISSR analysis

引物 Primer	碱基序列 Sequence	扩增条带数 No. of amplified bands	多态性条带 No. of polymorphic bands	多态性比率(%) Percentage of polymorphic locus	退火温度(°C) Annealing temperature
817	CAC ACA CAC ACA CAC AA	13	8	61.5	48.8
818	CAC ACA CAC ACA CAC AG	11	8	72.7	51.0
820	GTG TGT GTG TGT GTG TC	13	12	92.3	51.0
824	TCT CTC TCT CTC TCT CG	22	20	90.9	51.3
845	CTC TCT CTC TCT CTC TRG	26	20	76.9	55.8
847	CAC ACA CAC ACA CAC ARC	16	12	75.0	55.8
850	GTG TGT GTG TGT GTG TYC	17	16	94.1	55.8
876	GAT AGA TAG ACA GAC A	15	14	93.3	48.8
879	CTT CAC TTC ACT TCA	16	12	75.0	45.2
895	AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC	23	18	78.3	55.8
总计 Total		172	140	81.4	

表 3 种间 Nei's 遗传一致度(上三角)和遗传距离(下三角)的无偏估计值

Table 3 Nei's unbiased measure of interspecific genetic identity (upper triangular) and genetic distance(lower triangular)

类群 Class group	中华 <i>A. chinensis</i>	美味 <i>A. deliciosa</i>	软枣 <i>A. arguta</i>	四萼 <i>A. tetramera</i>	阔叶 <i>A. latifolia</i>	毛花 <i>A. eriantha</i>
中华	-	0.9477	0.7764	0.7183	0.7616	0.7820
美味	0.0538	-	0.7299	0.7007	0.7700	0.7536
软枣	0.2530	0.3148	-	0.6395	0.6802	0.6453
四萼	0.3309	0.3557	0.4470	-	0.7035	0.6221
阔叶	0.2723	0.2613	0.3853	0.3517	-	0.6977
毛花	0.2459	0.2829	0.4380	0.4747	0.3600	-

表 4 16 份雄性猕猴桃材料的遗传多样性

Table 4 Genetic diversity of 16 male kiwifruits cultivars

引物 Primer	观察的等位基因数 $N_a$	有效等位基因数 $N_e$	Nei's 遗传多样性 $H$	Shannon 信息指数 $I$
817	2.0000 ± 0.0000	1.2945 ± 0.1170	0.2214 ± 0.0717	0.3756 ± 0.0960
818	2.0000 ± 0.0000	1.4563 ± 0.1774	0.3041 ± 0.0818	0.4780 ± 0.0966
820	2.0000 ± 0.0000	1.6189 ± 0.1551	0.3765 ± 0.0648	0.5620 ± 0.0736
824	2.0000 ± 0.0000	1.2581 ± 0.0923	0.2013 ± 0.0556	0.3511 ± 0.0729
845	1.9375 ± 0.2500	1.1556 ± 0.0803	0.1307 ± 0.0609	0.2470 ± 0.1000
847	2.0000 ± 0.0000	1.4055 ± 0.1147	0.2841 ± 0.0579	0.4561 ± 0.0697
850	2.0000 ± 0.0000	1.3426 ± 0.1445	0.2467 ± 0.0082	0.4064 ± 0.1118
876	1.9375 ± 0.2500	1.3455 ± 0.2066	0.2415 ± 0.1085	0.3944 ± 0.1488
879	1.9375 ± 0.2500	1.2331 ± 0.1131	0.1823 ± 0.0794	0.3189 ± 0.1223
895	2.0000 ± 0.0000	1.3515 ± 0.1146	0.2545 ± 0.0709	0.4174 ± 0.0984
平均 Mean	2.0000 ± 0.0000	1.3217 ± 0.0651	0.2416 ± 0.0389	0.4048 ± 0.0502

$N_a$ : Observed number of alleles,  $N_e$ : Effective number of alleles

## 2.5 遗传距离及亲缘关系分析

利用 NTSYSpc 2.10e 软件进行 Jaccard 相似性系数分析,并用 UPGMA 的方法进行聚类分析,建立亲缘关系图,得到 16 个雄性猕猴桃聚类分析图(图 2)。

并以 DCFA 构建文本后在 popgene 32 中进行分析,再用 Treeview 根据遗传距离作图。从聚类分析图看出,16 个雄性猕猴桃材料在遗传相似系数为 0.64 处分为 4 类,第 I 类包括红阳、红什 2 号、金什 1 号、金什 2 号、

Soreli、04137、金艳、Hort16A、79-1、秦美、红美、海沃德,均属于星毛组完全星毛系内的中华或美味系列;第II类由星毛组完全星毛系中的阔叶和毛花组成;第III类为魁绿,属净果组片髓系,第IV类为四萼,也属于净果组片髓系。第I类在0.748处又分为4亚类,A亚类:红阳、红什2号;B亚类:金什1号、金什2号;C亚类:Soreli、04137、金艳和Hort16A;D亚类:79-1和秦美、红美;D亚类:海沃德。

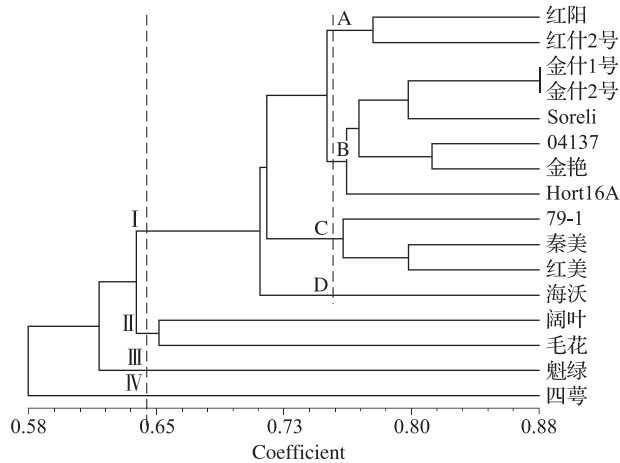


图2 16个雄性猕猴桃品种聚类分析

Fig. 2 The dendrogram of 16 male kiwifruit cultivars

Treeview 构建的 NJ(neighbour joining) 树和聚类分析图结果有相似之处。在6个种的NJ树图(图3)中显示,中华和美味有一致的发育方向,与毛花、阔叶、魁绿、四萼明显的区分开来,但两者又并非完全相同,在一定程度上存在差异。而毛花、阔叶、魁绿、四萼四者之间的发育方向各不相同,差异较大。

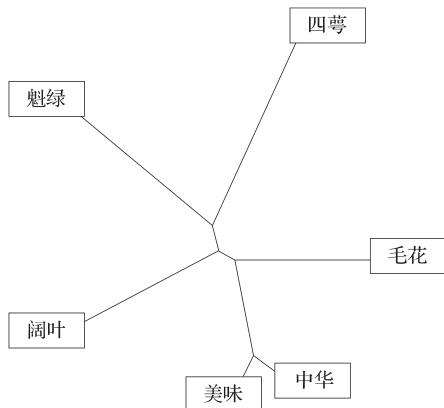


图3 6个雄性猕猴桃种的NJ树

Fig. 3 The neighbour joining tree of 6 male kiwifruit species

### 3 讨论

ISSR(inter-simple sequence repeat)分子标记技术目前已应用于猕猴桃遗传多样性研究、品种鉴定、遗

传图谱构建等方面<sup>[28-30]</sup>。邹游等<sup>[23]</sup>曾将ISSR分子标记用于四川的14个猕猴桃品种的遗传研究中,经过反复优化试验条件,得到较好的扩增效果。随后,谢玥等<sup>[29-30]</sup>采用邱利娜等<sup>[22]</sup>优化试验得到猕猴桃品种红阳的ISSR反应体系,进行了红阳及其杂交后代的ISSR指纹图谱构建及遗传多样性分析。以上研究充分证明,ISSR是一种快速、可靠、可提供丰富基因组信息的DNA指纹技术<sup>[31-32]</sup>。本研究利用优化后的ISSR体系及筛选出的10个引物对16个雄性猕猴桃材料的样品进行了扩增和检测,并以空白试验(不加DNA模板)作为对照,共扩增出172条带,其中多态性条带数量为140条,多态性位点百分率为81.4%,高于RAPD标记的74.07%<sup>[33]</sup>。结果表明,ISSR标记揭示出猕猴桃不同种群及不同品种的多态性均较丰富,不同引物扩增得到的多态性条带比率不同,且不同种群间及不同品种之间均存在明显的遗传差异。

遗传分化参数分析显示,16个雄性猕猴桃之间总的遗传多样性为0.2704,种内遗传多样性为0.0476,种间遗传多样性为0.2228,表明猕猴桃雄株的遗传多样性主要存在于种间遗传分化,在自然生长状况下,猕猴桃部分种间杂交的不育性在一定程度上影响了基因的流动,也导致种与种之间的遗传分化系数较高。

从聚类分析中可以看出中华和美味系列的12个品种都具有较近的亲缘关系,而同属于星毛组的中华、美味、阔叶以及毛花与净果组的魁绿、四萼亲缘关系较远。另外,红阳、红什2号、金什1号、金什2号、Soreli、04137、金艳、Hort16A同属于中华系列,亲缘关系较近,而秦美、红美、海沃德同属于美味系列,也表现出较近的亲缘关系。龚俊杰<sup>[34]</sup>利用AFLP标记对猕猴桃属的96份材料进行了遗传多样性分析和系统发育分析,认为净果组作为单一组且相对原始;对于美味猕猴桃的起源和归类,其研究认为曾经从中华猕猴桃硬毛变种提升为种的美味猕猴桃与中华猕猴桃有极近的亲缘关系,郑轶琦等<sup>[35]</sup>也得出了类似结论。本研究也得出净果组的四萼和魁绿与其他14个材料亲缘关系较远,而中华猕猴桃和美味猕猴桃的遗传距离极近。阔叶与毛花距离较近,具有一定的亲缘关系,与中华种群和美味种群分离开来,而中华种群和美味种群的亲缘关系也较近。值得一提的是美味二倍体,可能由于倍性的差异,导致其和六倍体的美味种群距离较远,即倍性的差异可能导致分子标记的不同。四萼与魁

绿在以往分类中都归在净果组片髓系,但在本研究的雌雄株遗传距离分析中看出它们属于不同的类。

猕猴桃单一品种雌雄株的遗传特性存在差异,对于这种差异存在的原因以及对于雄株的生物学特性、生态学特性以及分子、细胞等的方面特性和杂交以后父母本对后代的影响程度还有待深入研究。在后续猕猴桃研究中若可以将分子标记的差异与猕猴桃雄株的生物学特性相结合,比如抗性、果实品质等结合,可以加快良种选育的进程,对选育猕猴桃新品种、配置合适的雄株有着极大的帮助。由于猕猴桃属植物长期异花授粉,导致种间基因交流频繁,杂合程度很高,所以某些依靠杂交得到的品种在雌雄株的遗传特性上出现了一些差异。而对于这种差异的存在以及对于雄株的生物学特性、生态学特性以及分子、细胞等多方面特性和杂交以后父母本对后代的影响程度还有待于深入研究。此外,猕猴桃业的发展离不开雄性猕猴桃,猕猴桃新品种的培育离不开杂交育种,自然也离不开对雄性种质资源的研究以及对雄性优良品种的选育和栽培。目前对于雄性品种的各方面研究较少,因此,在今后的雄性猕猴桃研究中,可着重关注其优良农艺性状,如雄株猕猴桃的花期长短、初花期、盛花期、末花期、植株的生长势、萌芽率、花枝率以及每个花枝的着花数,成枝率、营养母枝单位长度花枝数,花序率、雄蕊数、花粉量、花粉生活力,还包括雄株的抗虫性、抗病性、抗旱性、抗涝性以及其开花盛期的生命年限等,并且将农艺性状与遗传性状有机结合,对于猕猴桃雄株乃至猕猴桃行业的发展都是极为有利的。

#### 参考文献

- [1] 黄宏文,龚俊杰,王圣梅. 猕猴桃属 (*Actinidia*) 植物的遗传多样性[J]. 生物多样性, 2000, 8(1): 1-12
- [2] 崔致学. 中国猕猴桃[M]. 济南: 山东科学技术出版社, 1993: 1-149
- [3] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志[M]. 北京: 科学出版社, 2004: 196-205
- [4] 姜正旺, 黄宏文, 张忠慧, 等. 我国猕猴桃属植物资源的保存和利用研究进展[C]//中国园艺学会第六届青年学术讨论会. 杨凌: 中国园艺学会, 2004: 46-51
- [5] 杨团应, 杜成印. 防止猕猴桃雄株衰弱枯死科学修剪法[J]. 西北园艺, 2002(5): 18
- [6] 李洁维, 李瑞高, 梁木源, 等. 中华猕猴桃优良雄株选择研究初报[J]. 广西植物, 1995, 15(2): 179-181
- [7] 顾霞, 陈庆红, 徐爱春, 等. “金魁”美味猕猴桃适配雄株筛选研究[J]. 中国南方果树, 2011, 40(5): 26-28
- [8] 王丽华, 郑晓琴, 庄启国, 等. 红阳猕猴桃优良雄株选择初报[J]. 资源开发与市场, 2013, 29(8): 792-793
- [9] 杨妙贤, 肖德兴, 梁红, 等. 中华猕猴桃性别分化的细胞形态学观察[J]. 园艺学报, 2011, 38(2): 257-264
- [10] 丁士林, 朱秀珍, 洪泽. 猕猴桃过氧化同工酶研究[J]. 安徽农业大学学报, 1997, 24(4): 395-397
- [11] 陈晓玲, 梁红, 朱东华. 猕猴桃不同性别过氧化酶及酯酶同工酶分析[J]. 农业与技术, 2004, 24(1): 40-43
- [12] 王宁, 杨玉红, 康宗利, 等. 软枣猕猴桃植株的过氧化酶同工酶谱差异研究[J]. 北方园艺, 2012(4): 120-122
- [13] 韩飞, 钟彩虹, 张鹏, 等. 不同倍性猕猴桃雄株花期及花粉萌芽力研究[C]//中国园艺学会猕猴桃分会第四届讨论会论文集摘要集. 成都: 中国园艺学会猕猴桃分会, 2010: 34
- [14] 姚春潮, 龙周侠, 刘旭峰, 等. 不同干燥及贮藏方法对猕猴桃花粉活力的影响[J]. 北方园艺, 2010(20): 37-39
- [15] 李永武, 王西锐. 不同雄株花粉对‘华优’果实的影响[C]//中国园艺学会猕猴桃分会第四届讨论会论文集摘要集. 成都: 中国园艺学会猕猴桃分会, 2010: 36
- [16] 卜范文, 何科佳, 贾德翠, 等. 不同授粉品种对猕猴桃品种种子性状、籽油含量及成分的影响[J]. 湖南农业科学, 2012(21): 6-8, 19
- [17] 贾爱平, 王飞, 姚春潮, 等. 猕猴桃种间及种内杂交亲和性研究[J]. 西北植物学报, 2010, 30(9): 1809-1814
- [18] 姚春潮, 王跃进, 刘旭峰, 等. 猕猴桃雄性基因 RAPD 标记 S1032-850 的获得及其应用[J]. 农业生物技术学报, 2005, 13(5): 557-561
- [19] 刘文, 杜贵峰, 陈基成, 等. 中华猕猴桃性别相关标记的初步研究[J]. 仲恺农业工程学院学报, 2012, 25(3): 1-5
- [20] 柯辉鹏, 李小丹, 周玲艳, 等. 不同猕猴桃品种雌雄植株的 AFLP 分析[J]. 仲恺农业技术学院学报, 2007, 20(3): 7-12
- [21] 杨妙贤, 刘文, 周玲艳, 等. 利用多分子标记分析红阳猕猴桃的性别差异[J]. 果树学报, 2014, 31(1): 13-19
- [22] 邱利娜, 廖明安, 李明章, 等. 正交设计对‘红阳’猕猴桃 ISSR 反应体系的优化研究[J]. 北方园艺, 2010(16): 125-128
- [23] 邹游, 黄敏, 侯若彤, 等. ISSR 标记技术在猕猴桃遗传研究中的运用[J]. 西南师范大学学报: 自然科学版, 2008, 33(1): 111-115
- [24] 李明, 高宝嘉, 张静洁. 承德光秃山不同海拔油松居群遗传多样性与生境因子关联研究[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(3): 350-356
- [25] 冯国郡, 叶凯, 李桂英, 等. 新疆甜高粱种质资源遗传多样性的 SSR 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(4): 549-554
- [26] 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
- [27] 周晓波, 白占兵, 丁苗萸, 等. 利用 SSR 分析红菜苔的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(6): 1088-1092
- [28] 刘淑芹, 吴凤芝, 刘守伟. 园艺作物的 ISSR 分子标记研究及应用[J]. 东北农业大学学报, 2012, 43(4): 145-150
- [29] 谢玥, 潘美玲, 庄启国, 等. 红阳猕猴桃及其杂交后代的 ISSR 指纹图谱构建及遗传多样性分析[J]. 基础组学与应用生物学, 2013, 32(1): 76-82
- [30] 谢玥, 潘美玲, 庄启国, 等. 红肉猕猴桃新品系 SF-HY-0201 遗传特性[J]. 分子植物育种, 2013, 11(1): 99-106
- [31] 董红霞, 柯卫东, 黄新芳, 等. 基于 ISSR 标记的中国芋种种质资源遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(2): 286-291
- [32] Borme T B, Branch A R D M. Unanchored inter simple sequence repeat (ISSR) markers: reproducible and specific tools for Genome fingerprinting[J]. Plant Mol Biol Rep, 2001, 19: 209-215
- [33] 陈华, 易于军, 徐小彪, 等. 猕猴桃 AFLP 分析体系的建立[J]. 西北植物学报, 2005, 25(8): 1528-1535
- [34] 龚俊杰. 猕猴桃属植物 AFLP 分析及其系统发育关系的研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2003
- [35] 郑轶琦, 李作洲, 黄宏文. 猕猴桃品种 SSR 分析的初步研究[J]. 武汉植物学研究, 2003, 21(5): 444-448