

不同种源榲李的 RAPD 分析及主要农艺性状比较

熊彩珍¹, 贾惠娟^{2,①}, 顾立明¹, 何凤杰^{2,3}, 郭忠仁⁴

(1. 浙江省嘉兴市南湖区林业与蚕桑站, 浙江 嘉兴 314051; 2. 浙江大学农业与生物技术学院, 浙江 杭州 310029;
3. 浙江省台州市经济作物总站, 浙江 台州 318000; 4. 江苏省·中国科学院植物研究所, 江苏 南京 210014)

摘要: 运用 RAPD 标记方法对 18 个榲李 (*Prunus salicina* Lindl.) 种源及 3 个外类群的总基因组 DNA 进行了 PCR 扩增, 在此基础上采用聚类分析方法对不同种源的遗传关系进行了分析, 此外对 18 个榲李种源果实的主要农艺性状也进行了比较分析。RAPD 分析结果表明, 用从 70 条随机引物中筛选出的 14 条随机引物共扩增出 71 条带, 其中多态性条带 29 条, 多态性条带百分率达 40.8%。聚类分析结果表明, 在欧氏平方距离 0.060 处可将 18 个榲李种源和 3 个外类群分为 7 组, 其中 3 个外类群分别单独成组, 18 个榲李种源可分为 4 组; 姚学明和洪魏 3 这 2 个种源分别独立成组, 洪魏 2、王施、洪彭 1、凤表 1 和凤表 2 等 5 个种源聚为一组, 其他 11 个种源为一组。18 个榲李种源果皮均为红色, 其中深红色和暗红色各占 50%; 根据果实的成熟期可将 18 个榲李种源大致分为早熟型和晚熟型, 成熟期分别为 6 月中下旬和 7 月上中旬; 比较而言, 早熟型的榲李种源具有单果质量较大、可溶性固形物含量较低、花期早 3~4 d 等特征。RAPD 标记和农艺性状的综合分析结果显示, 嘉兴地区的这些榲李种源在栽培过程中产生了突变和分化; 姚学明这一种源与大多数榲李种源关系密切, 并具有一定的优良特性, 可能是 1 个优良种源, 值得进行深入研究。

关键词: 榲李; 种源; RAPD 分析; 聚类分析; 农艺性状

中图分类号: S662.3; Q946+33 **文献标志码:** A **文章编号:** 1004-0978(2009)04-0033-06

RAPD analysis and comparison of main agronomic characters of Zuili (*Prunus salicina* Lindl.) from different provenances XIONG Cai-zhen¹, JIA Hui-juan^{2,①}, GU Li-ming¹, HE Feng-jie^{2,3}, GUO Zhong-ren⁴ (1. Forestry and Silkworm Station, Nanhu District of Jiaxing City of Zhejiang Province, Jiaxing 314051, China; 2. College of Agriculture and Biotechnology, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China; 3. Central Station of Commercial Crop of Taizhou City of Zhejiang Province, Taizhou 318000, China; 4. Institute of Botany, Jiangsu Province and the Chinese Academy of Sciences, Nanjing 210014, China), *J. Plant Resour. & Environ.* 2009, 18(4): 33-38

Abstract: The PCR amplification of total genomic DNA from eighteen provenances of Zuili (*Prunus salicina* Lindl.) and three outgroups were researched by RAPD marker method, and on this basis, the genetic relationship of eighteen provenances was analyzed by cluster analysis. In addition, the comparative analysis of main agronomic characters of eighteen provenances was also conducted. RAPD analysis result shows that seventy-one bands are amplified with fourteen random primers selected from seventy random primers, in which there are twenty-nine polymorphic bands with a percentage of 40.8%. The cluster analysis result shows that eighteen provenances and three outgroups are divided into seven groups when Euclidean square distance is 0.060, in which each of three outgroups is an independent group, eighteen provenances of Zuili are divided into four groups. Each of two provenances including YXM and HW3 is an independent group, five provenances including HW2, WS, HP1, FB1 and FB2 are clustered in one group, other eleven provenances are clustered in one group. The peel colour of eighteen provenances of Zuili all is red, and the percentages of deep red and dark red each is 50%. According to maturing period of fruit, eighteen provenances of Zuili are approximately divided into early and late maturing type, maturing period is in mid and late June or early and mid July, respectively. By

收稿日期: 2009-03-30

基金项目: 浙江省嘉兴市重点科研项目(2005AZ3004)

作者简介: 熊彩珍(1963—), 女, 浙江嘉兴人, 本科, 高级农艺师, 主要从事果树资源保存和栽培技术等方面的研究。

①通信作者 E-mail: jihuijuan@zju.edu.cn

comparison, the early maturing type has some features including higher single fruit weight, lower soluble solid content and earlier flowering stage by 3–4 d. According to comprehensive analysis of RAPD marker and agronomic characters, it is suggested that these provenances of Zuili in Jiaying area exert mutation and differentiation during cultivation process. YXM provenance has a close relationship with most of eighteen provenances, and also has some excellent features, so YXM is probably an excellent provenance and worth doing further research.

Key words: Zuili (*Prunus salicina* Lindl.); provenance; RARD analysis; cluster analysis; agronomic character

携李(*Prunus salicina* Lindl.),又名醉李,属蔷薇科(Rosaceae)李属(*Prunus* L.)植物,是中国李中1个古老的地方品种,为水蜜李型,系浙江省传统名果。“携李”一词始见于《春秋》,在嘉兴地区已有2500多年的栽培历史^[1]。携李品质细腻鲜润,完熟时能化成甘甜略带酒香的浆液,风味品质极佳,是夏季消费者喜爱的优质水果之一。目前除浙江嘉兴外,携李在浙江省内的海宁、海盐、湖州及杭州等地均有栽培,江苏省和安徽省也有少量引种。

在农艺性状、果实品质、加工性能、同工酶、染色体及抗逆性等方面,对中国李品种资源已有较为广泛的鉴定和评价^[2-3]。由于传统研究技术的缺陷,使研究者无法准确辨别突变与饰变,也无法对同种异名及新品种进行最终的鉴定,导致分类意见不一,且存在相互矛盾。RAPD标记技术是分子遗传标记技术之一,具有简单、快速和灵敏度高等特点,而且不需要预先知道目的基因的DNA序列信息,不受采样部位、季节和环境等外部因素的制约,是较为理想的分类和亲缘关系研究及品种鉴定的分子标记之一^[4]。应用RAPD标记技术对李属植物亲缘关系的研究也有一些报道^[5-9],但对不同种源携李的RAPD分析研究尚未见报道。

在几千年的自然演变过程中,已经形成了众多携李品系,这些品系在果实成熟期及果实品质等生物学特性方面有一定的差异。目前存在的问题是:一方面学术研究报道说法不一;另一方面市场上鱼目混珠,给消费者带来极大困惑。鉴于此,作者应用RAPD标记分析方法对来源于浙江嘉兴地区的较有代表性的18个携李种质资源进行比较和聚类分析(以‘红心李’、‘蜜李’和‘黑琥珀李’为外类群),并对这些种源果实的主要农艺性状进行了比较观察,以期携李种质资源保护、利用以及优良品质性状的挖掘和新品种的培育提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料

本研究共选用了18个携李种源,分别为姚学明(YXM)、洪彭2(HP2)、魏金龙(WJL)、洪魏2(HW2)、凤陆2(FL2)、新屠(XT)、洪愈2(HY2)、洪愈1(HY1)、凤陆1(FL1)、王施(WS)、洪彭1(HP1)、洪魏3(HW3)、洪彭3(HP3)、洪魏1(HW1)、新王(XW)、凤表1(FB1)、凤表2(FB2)和桐李(TL),另选取‘红心李’(HXL)、“蜜李”(ML)和美国的‘黑琥珀李’(HHPL)作为外类群。上述种源均种植于浙江嘉兴的携李种质资源圃中,株行距3 m×4 m,树龄均为8 a,树木均进行常规生产管理。于2007年5月每个种源分别采集20片新鲜嫩叶,装入自封袋中,-20℃保存备用。

实验所用仪器有ABI公司的9600型PCR扩增仪、德国Eppendorf公司的5417R型高速冷冻离心机及Multimage TM Light Cabinet公司的DY604S型稳压稳流电泳仪和凝胶成像系统;实验用随机引物购自上海生工生物技术有限公司,实验用琼脂糖、10×PCR缓冲液、dNTPs和Taq DNA聚合酶均购自宝生物工程(大连)有限公司,其余试剂均为分析纯级。

1.2 方法

1.2.1 总基因组DNA的提取 采用SDS法提取叶片的总基因组DNA。取0.5~1.0 g新鲜叶片,于液氮中充分研磨成粉状,置于10 mL离心管中,于冰浴中加入8 mL洗糖缓冲液[含0.1 mol·L⁻¹ HEPES(pH 8.0)、体积分数0.1% PVP和体积分数1% 巯基乙醇],充分混匀后,4℃、12 000 r·min⁻¹离心5 min,弃上清液,重复操作3~5次,直至上清液透明为止;沉淀物用2 mL提取缓冲液[含0.1 mol·L⁻¹ Tris-HCl(pH 8.0)、0.05 mol·L⁻¹ EDTA(pH 8.0)]

和 $0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ NaCl}$ 悬浮, 加入 $200 \mu\text{L}$ 质量体积分数 20% SDS 溶液进行裂解, 振荡混匀, $70 \text{ }^\circ\text{C}$ 水浴保持 30 min, 期间不断颠倒混匀, 冷却至 $25 \text{ }^\circ\text{C}$, 加入 $5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 醋酸钾约 $800 \mu\text{L}$, 轻微混匀成乳状, 冰浴 20 min 后于 $12\,000 \text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$, $4 \text{ }^\circ\text{C}$ 离心 15 min; 将上清液移入干净的 10 mL 离心管中, 加入等体积异丙醇, 轻微振荡; $25 \text{ }^\circ\text{C}$ 放置 30 min; 钩出 DNA 放入 1.5 mL 离心管中, 用 1 mL 体积分数 70% 的乙醇洗涤 2 次, 空气干燥 20 min 后用 $200 \sim 600 \mu\text{L}$ Tris - EDTA buffer 溶解, 加质量浓度 $10 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$ 的 RNase 0.4 μL , $37 \text{ }^\circ\text{C}$ 保温 30 min 进行 RNA 的消化; 然后加入等体积的苯酚 - 氯仿 - 异戊醇混合液 (体积比为 25:24:1), $12\,000 \text{ r} \cdot \text{min}^{-1}$ 离心 3 min, 重复此步操作 3 ~ 5 次, 至中间杂质层消失; 再用 $V(\text{氯仿}): V(\text{异戊醇}) = 24:1$ 混合液纯化 2 次; 最后在上清液中加入 1/10 体积的 $3 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 醋酸钠 (pH 5.2) 和 2.5 倍体积的无水乙醇, $-20 \text{ }^\circ\text{C}$ 沉淀 20 min, 将沉淀用体积分数 70% 的乙醇洗涤 2 次, 干燥后用适量 TE 溶解并于 $-20 \text{ }^\circ\text{C}$ 保存。使用前将 DNA 稀释至质量浓度 $50 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 备用。

1.2.2 PCR 扩增反应及产物的电泳检测 选择 70 条随机引物对上述 18 个桃李种源和 3 个外类群的总基因组 DNA 样品进行初步的 PCR 扩增反应, 并在此基础上筛选出条带清晰、多态性较好的 14 条随机引物对 21 个总基因组 DNA 样品进行 PCR 扩增反应。整个实验过程重复 3 次。

PCR 扩增体系总体积 $20 \mu\text{L}$, 包含 $2.0 \mu\text{L}$ $10 \times$ PCR 缓冲液 (含 Mg^{2+})、 $1.6 \mu\text{L}$ $2.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTPs、 $1.0 \mu\text{L}$ 引物、 $1.0 \mu\text{L}$ $50 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 模板 DNA、 $0.2 \mu\text{L}$ $5 \text{ U} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ Taq DNA 聚合酶, 加水补足至 $20 \mu\text{L}$, 用灭菌的石蜡油密封。

PCR 扩增程序为: $94 \text{ }^\circ\text{C}$ 预变性 5 min 后进行循环反应, 反应程序为 $94 \text{ }^\circ\text{C}$ 变性 30 s, $37 \text{ }^\circ\text{C}$ 退火 1 min, $72 \text{ }^\circ\text{C}$ 延伸 1.5 min, 共 30 次循环反应; 最后于 $72 \text{ }^\circ\text{C}$ 延长 10 min。反应产物置于 $4 \text{ }^\circ\text{C}$ 条件下保存备用。

扩增产物用质量体积分数 2.0% 的琼脂糖凝胶电泳检测, 电泳缓冲液为 $1 \times \text{TAE}$, 经 $0.2 \text{ mg} \cdot \text{L}^{-1}$ EB 染色后, 使用凝胶成像系统进行观察、拍照并保存。

1.2.3 主要农艺性状的调查 2005 年至 2007 年, 使用传统方法对 18 个供试桃李种源进行物候期调

查, 同时, 对果实的商业成熟期、单果质量和可溶性固形物含量进行测定。测定 20 个果实的单果质量和可溶性固形物含量, 用日本产 Atago N-1 α 型手持式糖度计测定可溶性固形物含量, 结果取平均值。

1.3 数据记录与统计

将电泳图谱中出现的清晰条带记为“1”, 不出现的条带记为“0”, 作 0,1 矩阵图; 用 SPSS 10.3 统计分析软件对实验数据进行统计, 并运用 NTSYS - pc 2.02 软件、采用 Ward 法进行 UPGMA 聚类分析, 构建系统发育树。

2 结果和分析

2.1 桃李种源的 RAPD 扩增结果分析

经过初步筛选, 从 70 条具有 10 个碱基的随机引物中筛选出扩增条带清晰、反应稳定且多态性较好的 14 个随机引物, 应用这 14 个随机引物对所有的 21 个总基因组 DNA 样品进行 RAPD 扩增分析, 扩增结果见表 1, 引物 S488 和 S501 的扩增图谱见图 1。由表 1 可见, 用筛选出的 14 条随机引物共扩增出 71 条带, 其中多态性条带 29 条, 多态性条带百分率达 40.8%。从引物 S488 和 S501 的扩增图谱 (图 1) 上可以看出, 3 个外类群‘红心李’、‘蜜李’和‘黑琥珀李’的扩增结果与 18 个桃李种源间有显著差异。

2.2 基于桃李 RAPD 标记分析的聚类分析结果

根据桃李不同种源间 RAPD 扩增结果, 采用欧氏平方距离所获得的聚类分析树状图见图 2。从图 2 可看出, 当欧氏平方距离取 0.060 时, 18 个供试桃李种源和 3 个外类群可分为 7 组, 其中 18 个桃李种源分为 4 组, 3 个外类群各自独立成组。18 个桃李种源中, 姚学明 (YXM) 独自为第 1 组; 第 2 组包括 11 个种源: 洪彭 2 (HP2)、洪愈 2 (HY2)、魏金龙 (WJL)、凤陆 2 (FL2)、新屠 (XT)、洪愈 1 (HY1)、凤陆 1 (FL1)、洪彭 3 (HP3)、洪魏 1 (HW1)、新王 (XW) 和桐李 (TL); 第 3 组包括 5 个种源: 洪魏 2 (HW2)、王施 (WS)、洪彭 1 (HP1)、凤表 1 (FB1) 和凤表 2 (FB2); 洪魏 3 (HW3) 单独为第 4 组。

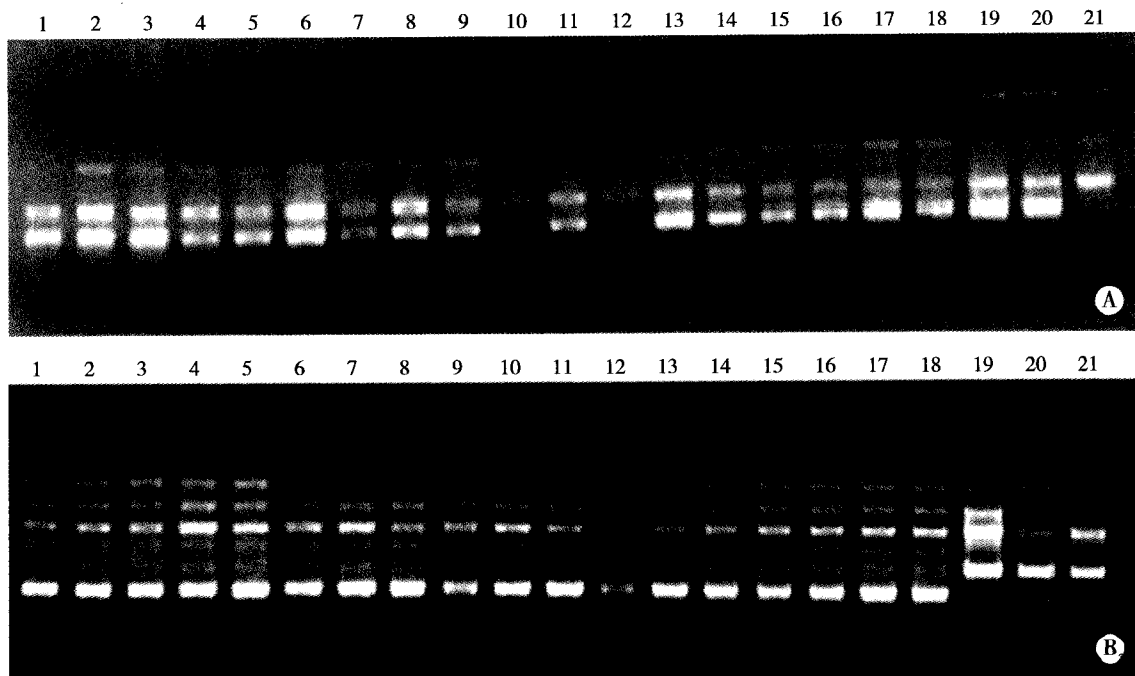
2.3 桃李种源果实主要农艺性状的分析

对桃李不同种源果实的果皮色泽、单果质量、果实中可溶性固形物含量、果实成熟期、初花期和盛花期进行了比较分析, 结果见表 2。

表1 用于桃李不同种源总基因组 DNA RAPD 分析的引物序列及扩增结果

Table 1 The primer sequences used for RAPD analysis of total genomic DNA from different provenances of Zuili (*Prunus salicina* Lindl.) and amplification results

引物 Primer	5'→3'序列 5'→3' sequence	条带总数 Total number of band	多态性 条带数 Number of polymorphic band	多态性条带 百分率/% Percentage of polymorphic band	引物 Primer	5'→3'序列 5'→3' sequence	条带总数 Total number of band	多态性 条带数 Number of polymorphic band	多态性条带 百分率/% Percentage of polymorphic band
S471	AAGGGCGACT	4	1	25.0	S492	ACTAGGGCAC	6	1	16.7
S473	GGAGTGCTC	8	3	37.5	S493	CGACTGGACA	7	2	28.6
S477	TGACCCGCCT	5	2	40.0	S498	AGGCTGGCTG	7	6	85.7
S478	CGCTTGGCCT	5	3	60.0	S500	TGCCCCAGTC	3	1	33.3
S479	CGGAAGGACA	3	1	33.3	S501	TCCGGGTCCT	7	4	57.1
S484	AGTGCGCTGA	4	1	25.0	S505	GACCTAGTGG	6	2	33.3
S488	CTCCAGCCGA	3	1	33.3	S506	GTCTACGGCA	3	1	33.3
					合计 Total		71	29	40.8



A: 引物 S488 Primer S488; B: 引物 S501 Primer S501.

1. 姚学明 YXM; 2. 洪彭 2 HP2; 3. 魏金龙 WJL; 4. 洪魏 2 HW2; 5. 凤陆 2 FL2; 6. 新屠 XT; 7. 洪愈 2 HY2; 8. 洪愈 1 HY1; 9. 凤陆 1 FL1; 10. 王施 WS; 11. 洪彭 1 HP1; 12. 洪魏 3 HW3; 13. 洪彭 3 HP3; 14. 洪魏 1 HW1; 15. 新王 XW; 16. 凤表 1 FB1; 17. 凤表 2 FB2; 18. 桐李 TL; 19. 红心李 HXL; 20. 蜜李 ML; 21. 黑琥珀李 HHPL.

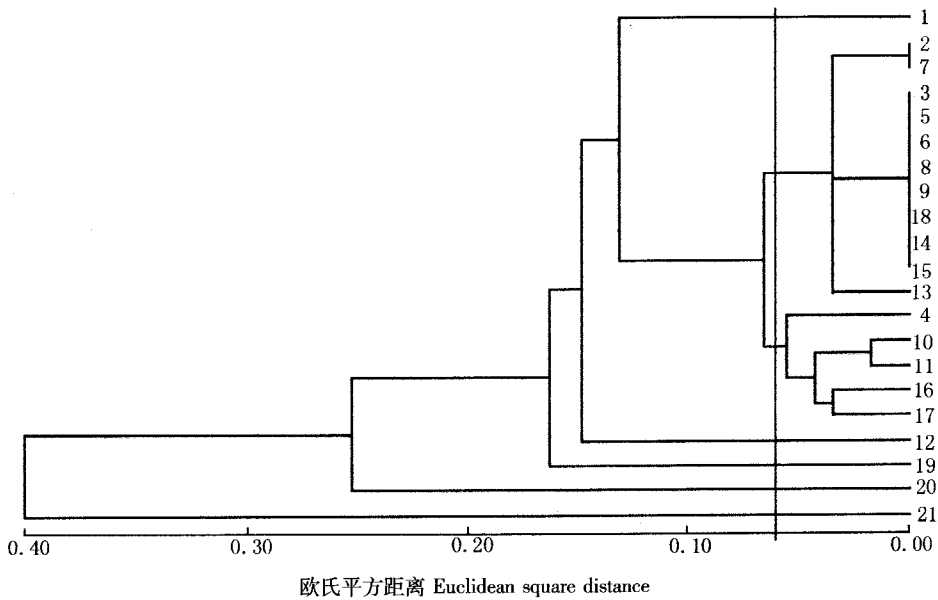
图1 桃李不同种源总基因组 DNA 的 RAPD 扩增图谱

Fig. 1 RAPD amplification patterns of total genomic DNA from different provenances of Zuili (*Prunus salicina* Lindl.)

由表 2 可见, 桃李 18 个种源果实的果皮颜色均为红色, 其中, 洪彭 2、洪魏 2、洪愈 2、洪愈 1、凤陆 1、洪彭 1、洪魏 3、新王和凤表 1 等 9 个种源果实的果皮颜色为暗红色, 姚学明、魏金龙、凤陆 2、新屠、王施、洪彭 3、洪魏 1、凤表 2 和桐李等 9 个种源果实的果皮颜色为深红色。

果实成熟时期明显分成 2 大类, 6 月中下旬成熟的种源包括魏金龙、凤陆 2、洪愈 1、新屠、洪魏 1、新王和桐李; 7 月上中旬成熟的种源包括姚学明、洪彭 2、洪魏 2、洪愈 2、凤陆 1、王施、洪彭 1、洪魏 3、洪彭 3、凤表 1 和凤表 2。

18 个桃李种源的果实均呈扁圆形, 单果质量与



1. 姚学明 YXM; 2. 洪彭 2 HP2; 3. 魏金龙 WJL; 4. 洪魏 2 HW2; 5. 凤陆 2 FL2; 6. 新屠 XT; 7. 洪愈 2 HY2; 8. 洪愈 1 HY1; 9. 凤陆 1 FL1; 10. 王施 WS; 11. 洪彭 1 HP1; 12. 洪魏 3 HW3; 13. 洪彭 3 HP3; 14. 洪魏 1 HW1; 15. 新王 XW; 16. 凤表 1 FB1; 17. 凤表 2 FB2; 18. 桐李 TL; 19. 红心李 HXL; 20. 蜜李 ML; 21. 黑琥珀李 HHPL.

图 2 基于 RAPD 扩增结果的不同种源桃李的 UPGMA 聚类图

Fig. 2 UPGMA dendrogram of different provenances of Zuili (*Prunus salicina* Lindl.) based on RAPD amplification result

表 2 2005 年至 2007 年桃李不同种源果实的主要农艺性状

Table 2 The main agronomic characters of fruit of different provenances of Zuili (*Prunus salicina* Lindl.) from 2005 to 2007

种源 Provenance	果皮颜色 Peel colour	单果质量/g Weight of single fruit	可溶性固形 物含量/% Content of soluble solid	果实成熟期 Maturing stage of fruit	初花期 Initial flowering stage (MM - DD)	盛花期 Full flowering stage (MM - DD)
姚学明 YXM	深红色 Deep red	50.2	15.1	7月中旬 Mid July	03 - 25	03 - 27
洪彭 2 HP2	暗红色 Dark red	34.7	17.2	7月中旬 Mid July	03 - 25	03 - 27
魏金龙 WJL	深红色 Deep red	45.3	12.8	6月中下旬 Mid and late June	03 - 18	03 - 21
洪魏 2 HW2	暗红色 Dark red	33.4	15.3	7月中旬 Mid July	03 - 24	03 - 26
凤陆 2 FL2	深红色 Deep red	51.3	13.8	6月下旬 Late June	03 - 20	03 - 22
新屠 XT	深红色 Deep red	54.9	13.9	6月下旬 Late June	03 - 20	03 - 23
洪愈 2 HY2	暗红色 Dark red	41.1	17.9	7月中旬 Mid July	03 - 25	03 - 27
洪愈 1 HY1	暗红色 Dark red	43.1	14.7	6月下旬 Late June	03 - 20	03 - 23
凤陆 1 FL1	暗红色 Dark red	29.8	17.6	7月上旬 Early July	03 - 20	03 - 22
王施 WS	深红色 Deep red	40.6	15.2	7月上旬 Early July	03 - 22	03 - 24
洪彭 1 HP1	暗红色 Dark red	33.7	16.9	7月中旬 Mid July	03 - 26	03 - 28
洪魏 3 HW3	暗红色 Dark red	35.6	14.3	7月中旬 Mid July	03 - 25	03 - 27
洪彭 3 HP3	深红色 Deep red	38.5	15.3	7月上旬 Early July	03 - 20	03 - 22
洪魏 1 HW1	深红色 Deep red	53.4	13.7	6月中下旬 Mid and late June	03 - 18	03 - 20
新王 XW	暗红色 Dark red	51.9	12.3	6月下旬 Late June	03 - 20	03 - 22
凤表 1 FB1	暗红色 Dark red	30.9	16.9	7月上旬 Early July	03 - 20	03 - 22
凤表 2 FB2	深红色 Deep red	28.7	17.1	7月中旬 Mid July	03 - 24	03 - 26
桐李 TL	深红色 Deep red	55.1	14.3	6月中下旬 Mid and late June	03 - 18	03 - 21

果实的成熟期有一定的关系,6月中下旬成熟的种源单果质量稍大,平均为 50.7 g,可溶性固形物平均含量 13.6%;7月中旬成熟的种源单果质量略低,平均

为 36.1 g,但可溶性固形物含量略高,平均达 16.3%。此外,果实早熟的种源开花期也相应的比晚熟种源稍早 3~4 d。

3 讨 论

采用14个随机引物对18个携李种源的总基因组DNA进行了RAPD分子标记分析,并对各种源间的遗传多样性进行了初步评价,在扩增条带中多态性条带的百分率达40.8%,说明在悠久的栽培过程中,由于人工选择和自然选择等原因致使浙江嘉兴地区的携李存在一定的遗传变异。果树为多年生木本植物,多采用嫁接方法繁殖,且不同栽培区域间互相频繁引种,极易造成同名异物及同物异名现象。基于RAPD分子标记所作的聚类结果显示,在由18个携李种源分成的4组中,姚学明和洪魏3这2个种源分别单独成组,显示出与大多数种源(第2组和第3组)有较远的遗传关系。第2组中有8个种源的遗传距离完全相同,一方面可能是因为RAPD标记的分辨率较低,不能完全反映出这8个种源的遗传关系,对于不同种源间的遗传差异不能完全分辨;另一方面也可能这8个种源原本就来源于同一种源,由于频繁引种而造成同物异名。第2组中的洪彭2、洪愈2和洪彭3等3个种源的成熟期与该组中的大部分种源有一定的差异,说明这3个种源产生了表达选择。第3组中的5个种源的遗传关系与形态分类结果基本一致。据调查,作为一个种,携李在成熟期上已经具有了稳定的差异,由于成熟期的特征是遗传的重要指征,因此,这一形态特征提示有产生新变种的可能。

实验结果表明,基于总基因组DNA的RAPD标记分析结果所作的18个携李种源的遗传关系与其生物学性状基本对应,但也有不对应之处。魏金龙、凤陆2、新屠、洪愈1、凤陆1、洪魏1、新王和桐李等8个种源可能为同物异名或芽变类型,属于早熟型,但它们与晚熟型的洪彭2、洪愈2和洪彭3等

3个种源的遗传差异较小,与同样为晚熟型的洪魏2、王施、洪彭1、凤表1和凤表2等5个种源的遗传差异较大。形态特征是植物群体分类的一个重要依据,虽然单独的形态学资料难以准确判断群体的亲缘程度,但形态学资料在群体划分中的作用却是不可或缺的,可以作为遗传标记分析的辅助证据。因此,只有将生物学特征、农艺性状、分子标记结合起来进行综合分析,才能更准确地描述植物群体间的遗传特征。

在18个携李种源中,姚学明这一种源兼具大多数种源的优良特性,即果实大、糖度高、晚熟。结合生物学特征和农艺性状调查结果,可以认为“姚学明”是1个优良种源,可对其具有的特异基因进行挖掘,从而为携李的良种选育提供育种材料。

参考文献:

- [1] 孙宏宇. 浙江桐乡李树品种的调查研究[J]. 浙江大学学报: 农业与生命科学版, 1957(02): 59-70.
- [2] 中国农业科学院果树研究所. 果树种质资源目录: 第一集[M]. 北京: 中国农业出版社, 1993.
- [3] 中国农业科学院果树研究所. 果树种质资源目录: 第二集[M]. 北京: 中国农业出版社, 1998.
- [4] 钱剑林, 俞文生, 王化坤, 等. 江浙地区杨梅主要品种的ISSR分析[J]. 植物资源与环境学报, 2006, 15(3): 17-20.
- [5] 阮颖, 周朴华, 刘春林. 九种李属植物的RAPD亲缘关系分析[J]. 园艺学报, 2002, 29(3): 218-223.
- [6] 乔玉山, 章镇, 房经贵, 等. 中国李RAPD的优化反应体系及其在品种鉴定中的应用[J]. 果树学报, 2003, 20(6): 445-449.
- [7] 吴少华, 张大生, 潘东明, 等. 应用RAPD技术对棕、李、桃亲缘关系的探讨[J]. 园艺学报, 2002, 29(1): 66-68.
- [8] 张俊卫, 包满珠, 陈龙清. 梅、桃、李、杏、樱的RAPD分析[J]. 北京林业大学学报, 1998, 20(2): 12-15.
- [9] 沈向, 郑学勤, 任小林, 等. 核果类基因组DNA提取和RAPD条件优选[J]. 山东农业大学学报, 1999, 30(2): 154-160.