

# 24 个菊芋品种(系)遗传多样性的 ISSR 标记分析

赵孟良, 韩睿, 李莉<sup>①</sup>

(青海省农林科学院菊芋研发中心 青海省蔬菜遗传与生理重点实验室, 青海 西宁 810016)

**摘要:** 利用 ISSR 分子标记技术研究了来源于国内外不同区域的 24 个菊芋 (*Helianthus tuberosus* Linn.) 品种(系)的遗传多样性,并结合块茎特征采用聚类分析法探讨了它们的遗传关系。结果表明:用 16 条 ISSR 引物从 24 个品种(系)的基因组 DNA 共扩增出 242 条带,包含 228 条多态性条带,多态性条带百分率达 94.2%,其中 7 条引物的多态性条带百分率达 100.0%。各品种(系)间的遗传距离为 0.19~1.01,遗传距离平均值为 0.45。聚类分析结果显示:在遗传相似系数 0.68 处可将 24 个品种(系)划分为 5 类,第 I 类仅包含‘青芋 1 号’(‘Qingyu No. 1’),第 II 类仅包含 W12,第 III 类包含 W30、W42、‘青芋 2 号’(‘Qingyu No. 2’)、W09、W18、W26 和 W51,第 IV 类包含 W06 和 W84,第 V 类包含‘青芋 3 号’(‘Qingyu No. 3’)、W23、W36、W43、W54、W75、W50、W62、W64、W79、S150、S138 和 W66;多数块茎特征相似的品种(系)被聚在一起,但也有部分块茎特征不同的品种(系)被聚在同一类中;部分品种(系)的聚类分析结果与其形态分类结果及地理分布不一致。研究结果表明:供试的菊芋品种(系)具有较高的遗传多样性,存在着较为频繁的基因交流;基于 ISSR 标记分析能较准确地揭示出菊芋品种(系)间的遗传多样性。

**关键词:** 菊芋; ISSR 标记; 遗传多样性; 多态性条带; 聚类分析; 块茎特征

中图分类号: Q946-33; S566.9; S632.3 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2013)04-0044-06

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2013.04.06

## ISSR marker analysis on genetic diversity of twenty-four cultivars (lines) of *Helianthus tuberosus*

ZHAO Mengliang, HAN Rui, LI Li<sup>①</sup> (Research and Development Center of Jerusalem Artichoke, Qinghai Key Laboratory of Vegetable Genetics and Physiology, Qinghai Academy of Agriculture and Forestry, Xining 810016, China), *J. Plant Resour. & Environ.* 2013, 22(4): 44-49

**Abstract:** Genetic diversity of twenty-four cultivars (lines) of *Helianthus tuberosus* Linn. from different regions at home and abroad was researched by ISSR molecular marker, and genetic relationship among these cultivars (lines) was discussed by cluster analysis method combined with tuber characteristics. The results show that 242 bands are amplified from genomic DNA of twenty-four cultivars (lines) by sixteen ISSR primers, and there are 228 polymorphic bands with percentage of polymorphic band of 94.2%, in which, the percentage of polymorphic band of seven primers reaches to 100.0%. The genetic distance among all cultivars (lines) is 0.19-1.01 with an average of 0.45. The cluster analysis result shows that twenty-four cultivars (lines) can be divided into five groups at genetic similarity coefficient 0.68. I group only contains ‘Qingyu No. 1’, II group only contains W12, III group contains W30, W42, ‘Qingyu No. 2’, W09, W18, W26 and W51, IV group contains W06 and W84, and V group contains ‘Qingyu No. 3’, W23, W36, W43, W54, W75, W50, W62, W64, W79, S150, S138 and W66. Most cultivars (lines) with similar tuber characteristics are clustered together, but also some cultivars (lines) with different tuber characteristics are clustered into the same groups. And cluster analysis result of a part of cultivars (lines) is inconsistent with morphological classification result and geographical distribution. It is suggested that cultivars (lines) of *H. tuberosus* tested possess higher genetic diversity, and there are frequent gene exchange. The genetic diversity of cultivars (lines) of *H. tuberosus* can be

收稿日期: 2013-04-24

基金项目: 国家大宗蔬菜产业技术体系西宁综合试验站项目(CARS-25-G-49); 青海省蔬菜遗传与生理重点实验室创新基金项目(Sc-zdsys-2011-02)

作者简介: 赵孟良(1986—),男,河南商丘人,硕士研究生,主要从事蔬菜遗传育种方面的研究。

<sup>①</sup>通信作者 E-mail: yslili@163.com

accurately revealed by means of ISSR marker analysis.

**Key words:** *Helianthus tuberosus* Linn.; ISSR marker; genetic diversity; polymorphic band; cluster analysis; tuber characteristics

菊芋 (*Helianthus tuberosus* Linn.) 隶属于菊科 (Compositae) 向日葵属 (*Helianthus* Linn.), 为多年生草本植物, 是一种新兴糖料及非粮能源植物, 具有极大的开发价值。目前国内有关菊芋的研究主要集中在生理生化<sup>[1]</sup>、果聚糖代谢<sup>[2]</sup>、无性繁殖<sup>[3]</sup>、生物能源<sup>[4]</sup>、生态治理<sup>[5]</sup>和栽培技术<sup>[6]</sup>等方面。菊芋具有极强的抗旱、抗寒、耐盐碱、耐贫瘠能力以及对逆境的适应能力, 能够利用非耕地进行种植, 但目前缺少针对非耕地种植的菊芋品种, 亟需科研工作者利用现代生物技术进行菊芋品种的筛选及鉴定。

ISSR (inter-simple sequence repeat) 为简单序列重复区间扩增多态性标记<sup>[7]</sup>, 具有无需知道基因组序列信息、DNA 用量少、稳定性较好和多态性较高等优势<sup>[8]</sup>, 已被广泛应用于植物居群遗传学、品种鉴定、植物分类与系统学比较以及物种的进化关系研究等方面。目前 ISSR 指纹技术已应用于玉米 (*Zea mays* Linn.)、水稻 (*Oryza sativa* Linn.)、马铃薯 (*Solanum tuberosum* Linn.)、小麦 (*Triticum aestivum* Linn.) 和大麦 (*Hordeum vulgare* Linn.) 等<sup>[8]</sup>作物的品种鉴定, 并在园艺树种、小麦、烟草 (*Nicotiana tabacum* Linn.)、朱顶红 [*Hippeastrum rutilum* (Ker-Gawl.) Herb.]、桑 (*Morus alba* Linn.)、红豆杉 [*Taxus chinensis* (Pilger) Rehd.]、罂粟 (*Papaver somniferum* Linn.)、扁蓊豆 [*Medicago ruthenica* (Linn.) Trautv.] 和绿玉树 (*Euphorbia tirucalli* Linn.) 等植物的遗传多样性研究中得到广泛应用<sup>[9-17]</sup>, 但尚未见将 ISSR 分子标记技术应用于菊芋种质资源遗传多样性研究的相关报道。

作者在青海省农林科学院菊芋研发中心保存的 300 余份菊芋种源中选择出外观性状表现特异的 24 个菊芋品种(系), 运用 ISSR 分子标记技术研究其遗传多样性, 以期对菊芋品种鉴定和种质资源遗传关系的研究提供实验依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

供试 24 个菊芋品种(系)均保存于青海省农林科学院菊芋研发中心, 各品种(系)的引种地及块茎特征

见表 1。采集菊芋幼嫩叶片, 置于硅胶中干燥, 然后于 -20 °C 保存备用。

所用仪器和试剂: Eppendorf 5424R 冷冻离心机, Eppendorf 5331 PCR 仪, 上海明澈 TM-D 24UV 超纯水仪, DYY-6C 电泳仪, 美国伯乐 BIO-RAD Gel Doc XR+凝胶成像系统。ISSR 引物由北京三博远志生物技术有限责任公司合成, *Taq* DNA 聚合酶及 *dNTPs* 购自北京全式金生物技术有限公司, DNA Marker 购自广州东盛生物科技有限公司。

### 1.2 方法

1.2.1 DNA 提取 采用改进的 CTAB 法<sup>[18]</sup>从干燥的菊芋叶片中提取植物基因组 DNA, 并用质量分数 0.8% 琼脂糖凝胶电泳对获得的 DNA 进行检测; 然后分别在波长 260 和 280 nm 处测定 *OD* 值, 根据  $OD_{260}/OD_{280}$  的比值判断其纯度; 在紫外检测仪上观察其纯度并判断 DNA 分子的大小及一致性。

1.2.2 引物筛选 参照韩睿等<sup>[19]</sup>的方法对菊芋 ISSR 引物进行筛选。

1.2.3 ISSR-PCR 方法 参照文献<sup>[20]</sup>的方法设置 ISSR-PCR 反应体系和扩增程序。反应体系总体积 20  $\mu$ L, 包含 1.5 mmol  $\cdot$  L<sup>-1</sup> Mg<sup>2+</sup>、200  $\mu$ mol  $\cdot$  L<sup>-1</sup> *dNTPs*、0.5  $\mu$ mol  $\cdot$  L<sup>-1</sup> 引物、1.0 U *Taq* DNA 聚合酶和 50 ng 模板 DNA。扩增程序为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 30 s, 58 °C 退火 40 s, 72 °C 延伸 75 s, 循环 40 次; 最后于 72 °C 延伸 10 min。PCR 产物于 4 °C 保存。以 DNA Marker DSTM5000 为标准分子量标记, 用含 EB 的质量分数 2.0% 琼脂糖凝胶电泳, 电泳结果用凝胶成像系统进行拍照保存。

### 1.3 数据统计及分析

采用 Image Lab 3.0 软件分析电泳图谱; 每一条带 (DNA 片段) 为 1 个分子标记, 代表 1 个引物结合位点; 根据分子标记的迁移率及有无进行统计, 有带 (显性) 记为“1”, 无带 (隐性) 记为“0”, 强带和弱带均相应赋值, 根据“0”、“1”矩阵建立 24 个菊芋品种(系)的 DNA 指纹图谱。利用 Popgene 3.0 (PHYLP 3.5 版) 系统计算各品种(系)间的遗传相似系数和遗传距离, 并采用类平均数聚类方法 (UPGMA) 构建 24 个菊芋品种(系)的遗传关系树状图。

表 1 供试 24 个菊芋品种(系)的引种地及块茎特征

Table 1 Origin and tuber characteristics of twenty-four cultivars (lines) of *Helianthus tuberosus* Linn.

编号 No.	品种(系) Cultivar (line)	引种地 Origin	块茎特征 Tuber characteristics
1	青芋 1 号 Qingyu No. 1	中国北京 Beijing of China	紫色,纺锤状 Purple, spindle shape
2	青芋 2 号 Qingyu No. 2	中国山东 Shandong of China	紫红色,不规则瘤状 Purplish red, irregular tumor shape
3	青芋 3 号 Qingyu No. 3	中国青海 Qinghai of China	白色,不规则瘤状 White, irregular tumor shape
4	W06	中国北京 Beijing of China	紫红色,棒状 Purplish red, stick shape
5	W09	中国北京 Beijing of China	紫红色,不规则瘤状 Purplish red, irregular tumor shape
6	W12	中国北京 Beijing of China	紫色,纺锤状 Purple, spindle shape
7	W18	中国黑龙江 Heilongjiang of China	紫红色,不规则瘤状 Purplish red, irregular tumor shape
8	W23	中国湖南 Hu'nan of China	白色,不规则瘤状 White, irregular tumor shape
9	W26	中国湖南 Hu'nan of China	白色,不规则瘤状 White, irregular tumor shape
10	W30	中国山东 Shandong of China	紫红色,棒状 Purplish red, stick shape
11	W36	中国北京 Beijing of China	白色,不规则瘤状 White, irregular tumor shape
12	W42	中国河南 He'nan of China	紫红色,纺锤状 Purplish red, spindle shape
13	W43	中国河南 He'nan of China	白色,不规则瘤状 White, irregular tumor shape
14	W50	中国湖南 Hu'nan of China	紫红色,棒状 Purplish red, stick shape
15	W51	中国湖南 Hu'nan of China	紫红色,不规则瘤状 Purplish red, irregular tumor shape
16	W54	加拿大 Canada	白色,不规则瘤状 White, irregular tumor shape
17	W62	中国湖南 Hu'nan of China	白色,棒状 White, stick shape
18	W64	中国内蒙古 Inner Mongolia of China	粉红色,棒状 Pink, stick shape
19	W66	中国甘肃 Gansu of China	紫色,楔形 Purple, wedge shape
20	W75	中国宁夏 Ningxia of China	白色,不规则瘤状 White, irregular tumor shape
21	W79	中国河北 Hebei of China	白色,棒状 White, stick shape
22	W84	中国江苏 Jiangsu of China	紫红色,不规则瘤状 Purplish red, irregular tumor shape
23	S150	中国青海 Qinghai of China	白色,球形 White, sphere
24	S138	中国青海 Qinghai of China	粉红色,楔形 Pink, wedge shape

## 2 结果和分析

### 2.1 ISSR 标记的多态性分析

利用优化的反应体系从 100 条 ISSR 引物中选出扩增条带清晰易辨、且重复性和稳定性良好的 16 条引物进行 ISSR-PCR 分析,16 条引物的序列以及扩增结果见表 2。结果显示:用 16 条引物从 24 个菊芋品种(系)的基因组 DNA 中共扩增出 242 条清晰条带,其中多态性条带 228 条;各引物扩增条带数为 6~22 条,平均为 15.1 条。用引物 UBC845 扩增获得的条带数最多,达 22 条;用引物 UBC844 扩增获得的条带数最少,仅 6 条。16 条引物扩增的多态性条带数为 3~22,平均为 14.3 条;其中引物 UBC845 扩增出的多态性条带数最多,达 22 条;引物 UBC844 扩增出的多态性条带数最少,仅 3 条。16 条引物扩增的多态性条带百分率为 50.0%~100.0%,平均为 94.2%;除引物 UBC844 之外,其余的 ISSR 引物扩增获得的多态性条带百分率均大于 80.0%,且引物 UBC827、UBC834、

UBC845、UBC847、UBC850、UBC881 和 UBC895 扩增的多态性条带百分率均达到 100.0%。

引物 UBC827 和 UBC844 对 24 个菊芋品种(系)的扩增图谱见图 1。从图 1 中可以看出:24 份菊芋品种(系)基因组 DNA 的 ISSR-PCR 标记条带丰富,扩增获得的 DNA 片段长度一般为 200~2 000 bp。

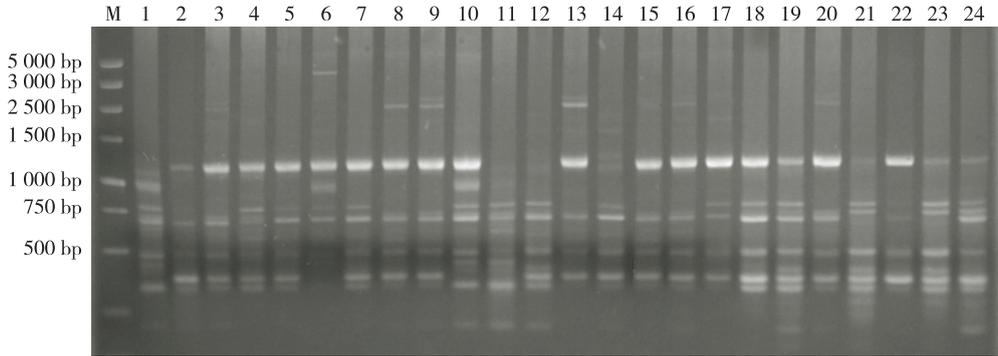
### 2.2 24 个菊芋品种(系)的遗传距离及聚类分析

用 24 个菊芋品种(系)的 242 个条带数据建立原始矩阵,计算 24 个菊芋品种(系)的遗传距离,结果显示:24 个菊芋品种(系)的遗传距离为 0.19~1.01,平均为 0.45;‘青芋 1 号’与 W66 间的遗传距离最大,为 1.01;W62 与 W64 间的遗传距离最小,仅为 0.19,说明不同菊芋品种(系)之间遗传多样性差异较大。在‘青芋 1 号’、‘青芋 2 号’和‘青芋 3 号’3 个已经审定的菊芋品种间,‘青芋 1 号’与‘青芋 2 号’的遗传关系相对较远,遗传距离为 0.80;‘青芋 2 号’与‘青芋 3 号’的遗传关系相对较近,遗传距离为 0.50;‘青芋 1 号’与‘青芋 3 号’的遗传关系介于前两者间,遗传距离为 0.44。

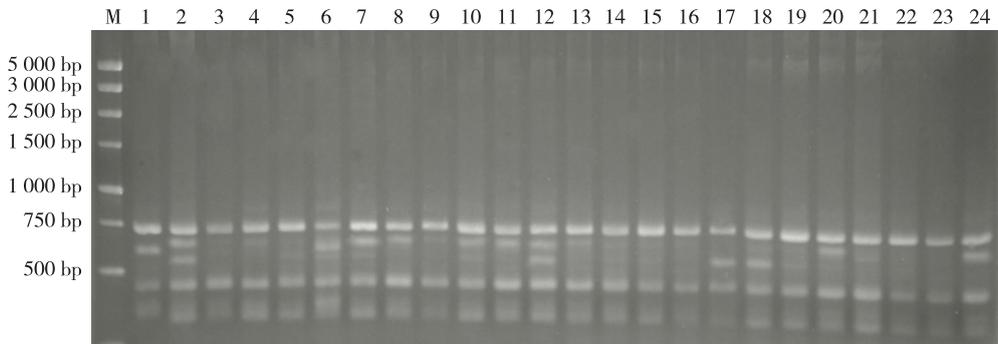
表 2 用于 24 个菊芋品种(系) ISSR-PCR 分析的引物序列及扩增结果

Table 2 Primer sequences used for ISSR-PCR analysis of twenty-four cultivars (lines) of *Helianthus tuberosus* Linn. and their 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
UBC826	ACACACACACACACACC	17	16	94.1
UBC827	ACACACACACACACAG	13	13	100.0
UBC834	AGAGAGAGAGAGAGAGY	12	12	100.0
UBC835	AGAGAGAGAGAGAGAGYC	21	20	95.2
UBC836	AGAGAGAGAGAGAGAGYA	13	12	92.3
UBC842	GAGAGAGAGAGAGAGAYG	16	14	87.5
UBC844	CTCTCTCTCTCTCTCTRC	6	3	50.0
UBC845	CTCTCTCTCTCTCTCTRG	22	22	100.0
UBC847	CACACACACACACACARC	10	10	100.0
UBC850	GTGTGTGTGTGTGTGTYC	19	19	100.0
UBC855	ACACACACACACACACYT	10	8	80.0
UBC873	GACAGACAGACAGACA	16	14	87.5
UBC881	GGGTGGGTTGGGTTG	17	17	100.0
UBC892	TAGATCTGATATCTGAATTCCC	16	15	93.8
UBC895	AGAGTTGCTAGCTCTTGATC	20	20	100.0
UBC899	CATGGTGTGCTCATTGTTCCA	14	13	92.9
合计 Total		242	228	
平均 Average		15.1	14.3	94.2



A



B

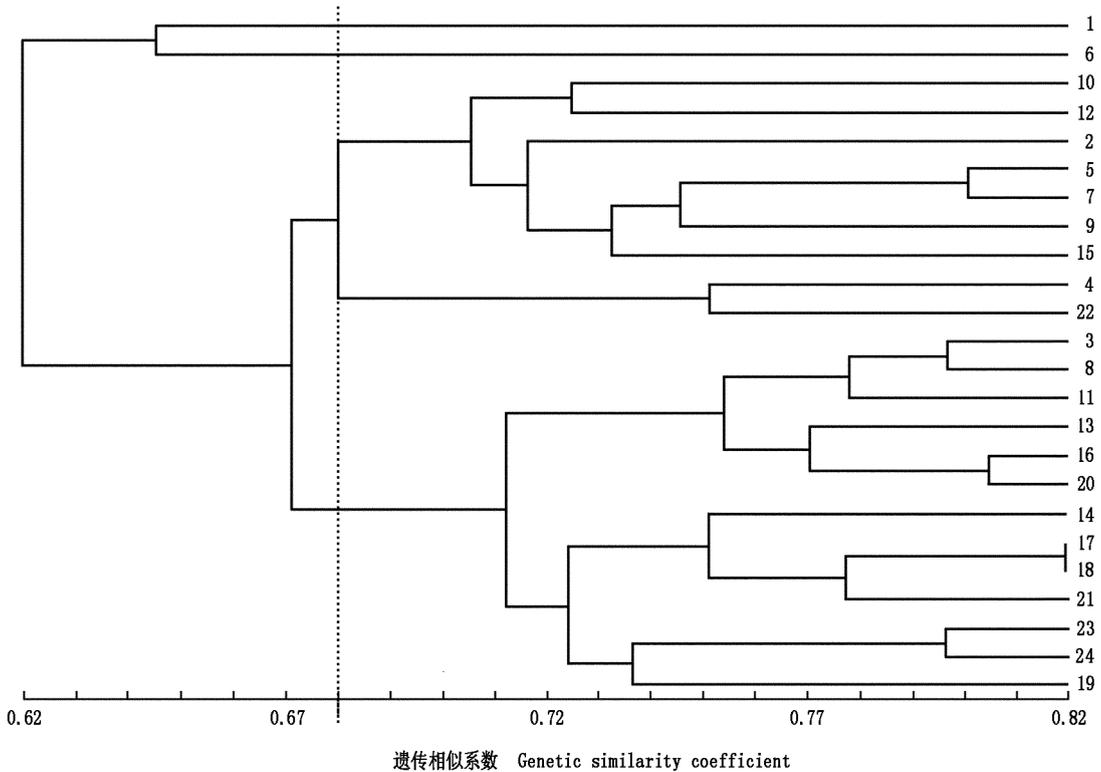
M: Marker; 1-24: 分别为品种(系)青芋 1 号、青芋 2 号、青芋 3 号、W06、W09、W12、W18、W23、W26、W30、W36、W42、W43、W50、W51、W54、W62、W64、W66、W75、W79、W84、S150 和 S138 的编号 Codes of cultivars (lines) of Qingyu No. 1, Qingyu No. 2, Qingyu No. 3, W06, W09, W12, W18, W23, W26, W30, W36, W42, W43, W50, W51, W54, W62, W64, W66, W75, W79, W84, S150 and S138.

图 1 采用引物 UBC827 (A) 和 UBC844 (B) 对 24 个菊芋品种(系)的 ISSR-PCR 扩增图谱

Fig. 1 ISSR-PCR amplification pattern of twenty-four cultivars (lines) of *Helianthus tuberosus* Linn. by primer UBC827 (A) and UBC844 (B)

利用 NTSYS 软件,基于遗传相似系数经聚类分析构建 24 个菊芋品种(系)的遗传关系树状图,结果见图 2。在遗传相似系数 0.68 处,可将 24 个菊芋品种(系)分成 5 类。第 I 类仅包含‘青芋 1 号’,引种于青海,块茎为紫色纺锤状。第 II 类仅包含 W12,引种于北京,块茎为紫色纺锤状。第 III 类包含 W30、W42、‘青芋 2 号’、W09、W18、W26 和 W51;其中‘青芋 2 号’、W09、W18 和 W51 的块茎均为紫红色并呈不规则瘤状;W26 的块茎为白色并呈不规则瘤状;W30 的块茎为紫红色棒状;W42 的块茎为紫红色纺锤状;6 个菊芋品种(系)来自山东、北京、黑龙江、湖南和河南。第 IV 类包含 W06 和 W84,分别引种于北京和江

苏,这 2 个品种(系)的块茎均为紫红色,形状分别为棒状和不规则瘤状。第 V 类包含‘青芋 3 号’、W23、W36、W43、W54、W75、W50、W62、W64、W79、S150、S138 和 W66;‘青芋 3 号’、W23、W36、W43、W54 和 W75 的块茎均为白色不规则瘤状;W50、W62、W64 和 W79 的块茎均为棒状,分别为紫红色、白色、粉红色和白色;W66 和 S138 的块茎均为楔形,分别为紫色和粉红色;S150 的块茎为白色球形;这 13 个菊芋品种(系)来自 9 个不同的引种地,包括中国的青海、湖南、北京、河南、河北、甘肃、宁夏和内蒙古以及加拿大。说明从国内外不同区域引种的菊芋种源经过长期的基因交换后其遗传多样性未发生明显变化。



1-24: 分别为品种(系)青芋 1 号、青芋 2 号、青芋 3 号、W06、W09、W12、W18、W23、W26、W30、W36、W42、W43、W50、W51、W54、W62、W64、W66、W75、W79、W84、S150 和 S138 的编号 Codes of cultivars (lines) of Qingyu No. 1, Qingyu No. 2, Qingyu No. 3, W06, W09, W12, W18, W23, W26, W30, W36, W42, W43, W50, W51, W54, W62, W64, W66, W75, W79, W84, S150 and S138.

图 2 基于 ISSR 标记的 24 个菊芋品种(系)的聚类树状图  
Fig. 2 Dendrogram of twenty-four cultivars (lines) of *Helianthus tuberosus* Linn. based on ISSR marker

### 3 讨 论

上述研究结果显示:供试的 24 个菊芋品种(系)的 ISSR-PCR 的片段多态性较高,不同品种(系)间遗传相似系数差异较大,说明在长期的进化过程中,

菊芋在 DNA 分子水平上形成并保持了较大的变异。本实验中,16 个 ISSR 引物对 24 个菊芋品种(系)的扩增结果均表现出不同程度的多态性和共同性,这一方面说明了菊芋遗传背景的复杂性,另一方面也表明供试品种(系)间具有一定的遗传共性。由此可见,对于亲缘关系较近的植物类群,ISSR 标记也能检测

出较高的多态性,甚至可能应用于同品种不同单株之间的多态性比较<sup>[21]</sup>。用ISSR标记在菊芋不同品种(系)间检测出数量不等的特征带,说明ISSR标记分析技术可以应用于菊芋不同品种(系)间的鉴别。

对24个菊芋品种(系)的聚类分析结果与根据菊芋块茎颜色和形状进行分类的结果部分吻合,说明两者具有一定的相关性。供试的一部分品种(系)从形态学上分类不属于一类,但是在基于ISSR标记的聚类分析中被划分到同一类中,例如W06与W84,二者块茎颜色一致但形状不同,在基于ISSR标记分析的聚类树状图中二者亲缘关系较近并聚在第IV类中。说明传统的形态分类方法不能完全反映出菊芋品种(系)的亲缘关系,必须结合分子标记等其他生物学方法进行完善。

植物种群的遗传结构反映了进化过程中的多种交互作用,如地理分布漂移、栖息地分裂、居群孤立、居群突变和基因漂变<sup>[22]</sup>。从上述聚类分析结果可以看出:某些来源于同一区域的菊芋品种(系)并没有聚在一起,而来源于不同区域的某些品种(系)则被聚在同一类中,如来自加拿大的W54与来自中国河南的W43聚在一组。这一现象可能是引种交流导致基因在不同区域间渗入所致<sup>[23]</sup>,也可能是因为所采用的ISSR分子标记更能反映基因组的本质差异<sup>[24]</sup>。供试的24个菊芋品种(系)的遗传距离与地理距离未表现出很强的相关性,这也反映出菊芋不同品种(系)在不同区域间的频繁交流。

#### 参考文献:

[1] 钟启文,刘素英,王丽慧,等. 菊芋氮、磷、钾吸收积累与分配特征研究[J]. 植物营养与肥料学报, 2009, 15(4): 948-952.

[2] 孙雪梅,李屹,王丽慧,等. 不同海拔梯度对菊芋果聚糖代谢的影响[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(26): 16001-16003.

[3] 陈军. 体外诱变与组织培养在菊芋种质创新中的应用研究[D]. 武汉:华中农业大学植物科学与技术学院, 2009: 17-18.

[4] 朱豫,曹海龙,岳敏,等. 以菊芋为原料发酵生产甘露醇的研究[J]. 西北农业学报, 2009, 18(5): 137-141, 175.

[5] 阎秀峰,李一蒙,王洋. 改良松嫩盐碱草地的优良植物——菊芋[J]. 黑龙江大学自然科学学报, 2008, 25(6): 812-816.

[6] 陈志盛. 菊芋的栽培技术[J]. 内蒙古农业科技, 2012(4): 123.

[7] ZIETKIEWICZ E, RAFALSKI A, LABUDA D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase

chain reaction amplification[J]. Genomics, 1999, 20: 176-183.

[8] REDDY M P, SARLA N, SIDDIQ E A. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding [J]. Euphytica, 2002, 128: 9-17.

[9] 罗瑜萍,龚维,邱英雄,等. 羊蹄甲属3种园艺树种分子鉴定及亲缘关系的ISSR分析[J]. 园艺学报, 2006, 33(2): 433-436.

[10] 马艳明,李斯深,范玉顶,等. 黄淮麦区小麦品种(系)的ISSR位点遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(1): 13-17.

[11] 祁建民,王涛,陈顺辉,等. 部分烟草种质遗传多样性与亲缘关系的ISSR标记分析[J]. 作物学报, 2006, 32(3): 373-378.

[12] 张林,徐迎春,成海钟,等. 基于ISSR标记的62个朱顶红品种的遗传关系分析及指纹图谱构建[J]. 植物资源与环境学报, 2012, 21(4): 48-54.

[13] 李乃伟,贺善安,束晓春,等. 基于ISSR标记的南方红豆杉野生种群和迁地保护种群的遗传多样性和遗传结构分析[J]. 植物资源与环境学报, 2011, 20(1): 25-30.

[14] 张林,黄勇,沈兴家,等. 基于ISSR标记的黄河下游区域鲁桑地方品种遗传关系分析[J]. 植物资源与环境学报, 2010, 19(2): 21-27.

[15] 魏玉杰,张金文,何庆祥,等. 不同生态区罂粟种质的遗传多样性ISSR分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(2): 239-243.

[16] 李志勇,李鸿雁,石凤翎,等. 中国扁蓿豆遗传多样性的ISSR分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(1): 48-51, 56.

[17] 黄文霞,何仪,何觉民,等. 高效能源植物绿玉树种质资源遗传多样性的ISSR分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(4): 487-490.

[18] 赵孟良,韩睿,马胜超,等. 菊芋基因组DNA提取方法的比较[J]. 中国蔬菜, 2012(14): 41-44.

[19] 韩睿,赵孟良,李莉. 3个菊芋品种的ISSR引物筛选及分子鉴别[J]. 西南农业学报, 2013, 26(1): 290-293.

[20] 赵孟良,韩睿,李莉. 菊芋ISSR-PCR反应体系的建立与优化[J]. 西南农业学报, 2012, 25(1): 243-246.

[21] 韦荣昌,李虹,蒋建刚,等. 多倍体无籽罗汉果及其亲本遗传背景的ISSR分析[J]. 园艺学报, 2012, 39(2): 387-394.

[22] SCHAAL B A, HAYWORTH D A, OLSEN K M, et al. Phylogeographic studies in plants: problems and prospects [J]. Molecular Ecology, 1998, 7: 465-474.

[23] 张淑青,刘冬成,刘威生,等. 普通杏品种SSR遗传多样性分析[J]. 园艺学报, 2010, 37(1): 23-30.

[24] 王志峰,孙日飞,孙小镭,等. 山东省黄瓜地方品种资源亲缘关系的AFLP分析[J]. 园艺学报, 2004, 31(1): 103-105.

(责任编辑:张明霞)