

基于SCoT分子标记的19份黄桃种质遗传多样性分析

李 森, 董晓民, 高晓兰, 李桂祥, 刘 伟, 张安宁*

(山东省果树研究所, 山东泰安 271000)

摘要:【目的】分析黄桃种质的遗传多样性和亲缘关系,为选育新品种提供理论依据,有效避免骨干亲本重复利用和新品种遗传背景单一的问题。【方法】基于SCoT引物对19份黄桃材料进行遗传多样性分析,并利用软件NTSYS2.10进行聚类分析和主坐标分析。【结果】15条SCoT共扩增出283条清晰条带,多态性条带共277条,多态性比率为97.88%。19份黄桃材料遗传相似系数的变异范围为0.186~0.635,平均为0.324。聚类分析将19份桃材料分为5个群组,表明19份黄桃材料的遗传背景存在差异,遗传背景丰富。经主坐标分析,得到与聚类分析类似的结果。【结论】15条SCoT引物对19个黄桃材料进行有效区分,并将其分为5个组。19个黄桃材料的遗传背景存在显著差异。

关键词:黄桃; SCoT标记; 聚类; 遗传多样性

中图分类号:S662.1

文献标志码:A

文章编号:1009-9980(2021)05-0664-08

Genetic relationship analysis of 19 accessions of yellow peach germplasms based on SCoT markers

LI Miao, DONG Xiaomin, GAO Xiaolan, LI Guixiang, LIU Wei, ZHANG Anning*

(Shandong Institute of Pomology, Taian 271000, Shandong, China)

Abstract:【Objective】Many yellow peach germplasms are difficult to distinguish because of their similar biological morphology. SCoT (Start Codon Targeted polymorphism) molecular markers were screened to analyze the genetic diversity and genetic relationship of yellow peach germplasms to provide theoretical basis for breeding new yellow peach variety and avoid the reuse of core parents and narrow genetic background of new variety. 【Methods】19 accessions of yellow peach including 18 peach cultivars and 1 excellent strain were collected, and most of them were mainstream varieties in peach industry. The genomic DNA of 19 peach materials was extracted from young leaves by CTAB method. The SCoT technique was based on the single primer amplified region principle since it used a single primer as a forward and reverse primer. The SCoT primers were designed with fixed principles. Firstly, the ATG codon (+1, +2, and +3) and the base G, A, C and T, at positions +4, +7, +8, and +9 were fixed. Secondly, primers were sequences of 18 bases and ranged in GC content between 50% and 72%. 15 SCoT primers, including 10 primers beginning with name “SCoT” designed by previous researches and 5 primers beginning with the name “HSCoT” designed by this study, were selected to analyze the 19 yellow peach varieties (lines). The SCoT-PCR reaction system was 20.0 μL, and its reaction mixtures contained 1 μL 2.5 mmol·L⁻¹ Mg²⁺, 0.4 μL 0.3 mmol·L⁻¹ dNTPs, 1 μL 30 mg·L⁻¹ DNA template, 0.5 μL 10.0 μmol·L⁻¹ primer, 0.5 μL 0.4 U Taq DNA polymerase and 16.6 μL ddH₂O. A PCR cycle reaction program was applied: an initial denaturation step at 94 °C for 5 min, followed by 35 cycles of 94 °C for 30 seconds, 48 °C for 30 seconds, 72 °C for 2 min and the final extension at 72 °C was held for 10 min. The PCR amplification products were separated by 1.8% agarose gels and photographed on the SAGE CREATION ChamlGel 6000 imaging system under UV light. To form a “1/0” matrix, detected PCR-

收稿日期:2020-11-05 接受日期:2021-01-25

基金项目:国家桃产业技术体系(CARS-30-Z-08)

作者简介:李森,男,助理研究员,博士,主要从事桃分子育种研究。Tel:0538-8237532, E-mail:limiao6543@163.com

*通信作者 Author for correspondence. Tel:0538-8260176, E-mail:zan_hope@163.com

amplified fragment was recorded “1” and no amplified fragment was recorded “0” at the same level of gel. The “1/0” matrix was utilized to carry out cluster analysis, genetic similarity coefficient and principal coordinate analysis with Software NTSYS 2.10.【Results】15 SCoT primers were used to amplify 19 cultivars (lines) of yellow peach by PCR program. A total of 283 clear bands were amplified by 15 primers, with an average of 18.86 bands amplified by each primer. Among the amplified bands, 277 bands were polymorphic, with a ratio of 97.88%. Using the Software NTSYS 2.10, the genetic similarity coefficients of 19 peach cultivars were calculated, they ranged from 0.186 to 0.635, with an average of 0.324. The highest genetic similarity coefficient between cultivars Jinhong and Jinchun was 0.635, and the lowest coefficient between cultivars Guantao 5 and line 1 was 0.188. The cluster analysis of 19 peach cultivars (lines) was carried out by UPGMA method, and when the genetic similarity coefficient was 0.27, the 19 cultivars could be divided into 5 groups. The first group mainly contained foreign cultivars Golden boy 6 and Xiweihuangjin. The second group mainly contained a series of Huangjinmi cultivars bred by Zhengzhou Fruit Research Institute. The third group mainly contained a series of Jin cultivars bred by Shanghai Forest and Fruit Tree Research Institute. The fourth group contained two cultivars of Jin series and one cultivar of Huangjinmi series, showing distant differences from other Jin series and Huangjinmi series in the genetic background. The last group contained only one cultivar Guantao 5, which mainly was used for canned food processing. The principal coordinate analysis divided 19 peach cultivars (lines) into 6 groups. Compared with the cluster analysis, the extra group in the principal coordinate analysis came from a division of the third group in the cluster analysis, and the other four groups were consistent.【Conclusion】19 accessions of yellow peach were divided into 5 or 6 groups by SCoT marker analysis.

Key words: Yellow peach; SCoT marker; Cluster; Genetic diversity

过去黄桃品种肉质致密强韧,酸味浓,汁液较少,主要用于加工制罐^[1]。随着人们生活水平的提高和消费习惯的改变,黄桃市场发生了很大变化。现在黄桃以鲜食为主,营养丰富,成熟时果肉软中带硬,甜多酸少,有香气,水分中等^[2],深受消费者的喜爱,在我国南、北桃产区均有种植。随着黄桃产业蓬勃发展,品种更新替代加快,新品种不断涌入市场,果农种植品种时面临多样化选择。目前,黄桃品种急需科学严谨的分类和全面的遗传评价,为后续选育新品种提供科学的理论依据。

DNA分子标记技术在分子遗传学中具有广泛的应用。随着DNA分子标记技术的发展,DNA分子标记种类日趋多样,包括RAPD^[3]、AFLP^[4]、SSR^[5]、ISSR^[6]等。近年来,新发展的SCoT(Start Codon Targeted polymorphism)分子标记,即目标起始密码子多态性标记,是一种依据植物基因中ATG翻译起始位点侧翼序列的保守性,设计单引物并对基因组进行扩增的新型目的基因分子标记^[7]。在种质资源鉴定分类方面,SCoT分子标记比其他分子标记具有一

定优势:首先,SCoT分子标记引物是单引物,引物序列较短,设计简单,成本低;其次,SCoT分子标记在多种作物如梔子^[8]、龙眼^[9]、猕猴桃^[10]、柿^[11]、杨桃^[12]、月季^[13]、枸杞^[14]、茶树^[15]等上已有应用,在不同植物基因组中SCoT引物序列展现出较强的通用性;再次,应用SCoT分子标记进行品种鉴别的操作步骤和流程相对简单,成本较低,只需进行常规的PCR扩增和电泳凝胶实验,可以借助画图软件或电泳胶泳道识别软件,如Quantity One读带并进行线性化后统计;最后,应用SCoT分子标记扩增条带清晰,结果稳定,重复性较好。综上所述,SCoT分子标记在桃种质资源分类方面具有较大的应用空间。

山东是中国黄桃种植的主要产区,有丰富的黄桃资源,但目前没有对现有黄桃群体进行遗传多样性分析的报道。笔者采集山东黄桃产区有代表性的品种,利用多态性好的15条SCoT引物分析19份黄桃种质,区分品种间的遗传多样性,结合各个品种的农艺性状(如成熟期、硬度、含糖量等),总结不同亚群体的共性特点,为桃种质鉴定工作和培育新品种

提供理论依据,同时有助于果农选择所需的黄桃品种。

1 材料和方法

1.1 材料

材料来源于黄桃18个品种和1个优系(表1)。

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取 2019年9月4—6日,采集19个品种(系)的材料;每个样品均随机采摘10枚叶片

(成熟叶),放入液氮保存,置于-80 °C冰箱。利用CTAB法^[16]提取样品DNA,利用核酸蛋白测定仪检测DNA质量和浓度,稀释至30 mg·L⁻¹用于试验扩增,放置于-20 °C保存备用。

1.2.2 SCoT 引物及 PCR 扩增 试验所用15条SCoT引物包括已公布的10条SCoT引物和5条自行设计的HSCoT引物,详见表2。SCoT-PCR反应体系20.0 μL:1 μL 30 mg·L⁻¹ DNA模板,0.5 μL 10.0 μmol·L⁻¹引物,1 μL 2.5 mmol·L⁻¹ Mg²⁺,0.5 μL 0.4 U

表1 19 黄桃材料的名称及来源

Table 1 Name and origin of 19 yellow peach materials

序号 Code	品种 Varieties	选育单位(起源地) Breeding institution(Origin)	亲本 Parent
1	优系1号 Line 1	山东省果树研究所 Shandong Institute of Pomology	晚黄金 Wanhuangjin
2	金黄金 Jinhuangjin	山东省淄博市沂源县果品产销服务中心 Fruit production and marketing service center of Yiyuan county, Zibo, Shandong	未知 Unknown
3	晚黄金 Wanhuangjin	山东省临沂市 Linyi city, Shandong province	未知 Unknown
4	罐桃5号 Guantao 5	日本 Japan	(金桃×Tuscan-43)×(冈山3号×Orange Cling) (Jintao × Tuscan- 43) × (Gangshan 3×Orange Cling)
5	黄金蜜4号 Huangjinmi 4	中国农业科学院郑州果树研究所 Zhenzhou Fruit Research Institute, CAAS	黄金蜜3号×中桃5号 Huangjinmi 3×Zhongtao 5
6	黄金蜜3号 Huangjinmi 3	中国农业科学院郑州果树研究所 Zhenzhou Fruit Research Institute, CAAS	92-3-39×91-2-2
7	锦绣 Jinxiu	上海市农业科学院林业果树研究所 Forestry and Pomology Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences	白花×云署1号 Baihua×Yunshu 1
8	锦香 Jinxiang	上海市农业科学院林业果树研究所 Forestry and Pomology Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences	北农二号×60-24-7 Beinong 2×60-24-7
9	金秋 Jinqiu	山西省农业科学院果树研究所 Pomology Institute, Shanxi Academy of Agricultural Science, Taigu, Shanxi	阳泉肉桃×明星 Yangquanroutao×Mingxing
10	锦硕 Jinshuo	上海市农业科学院林业果树研究所 Forestry and Pomology Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences	迎庆×阳桃 Yingqing×Yangtao
11	锦春 Jinchun	上海市农业科学院林业果树研究所 Forestry and Pomology Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences	沪油018×锦绣 Huyou 018×Jinxiu
12	锦园 Jinyuan	上海市农业科学院林业果树研究所 Forestry and Pomology Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences	锦绣×75-1-3 Jinxiu×75-1-3
13	黄金蜜1号 Huangjinmi 1	中国农业科学院郑州果树研究所 Zhenzhou Fruit Research Institute, CAAS	92-3-32×中油桃4号 92-3-32×Zhongyoutao 4
14	金黄金3号 Jinhuangji 3	山东省淄博市沂源县果品产销服务中心 Fruit production and marketing service center of Yiyuan county, Zibo, Shandong	未知 Unknown
15	金童6号 Golden boy 6	美国新泽西州 New Jersey, America	NJ13232
16	黄金蜜2号 Huangjinmi 2	中国农业科学院郑州果树研究所 Zhenzhou Fruit Research Institute, CAAS	未知 Unknown
17	西尾巨黄 Xiweijuahuang	日本 Japan	未知 Unknown
18	金黄金2号 Jinhuangjin 2	山东省淄博市沂源县果品产销服务中心 Fruit production and marketing service center of Yiyuan county, Zibo, Shandong	未知 Unknown
19	锦花 Jinhua	上海市农业科学院林业果树研究所 Forestry and Pomology Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences	锦绣 Jinxiu

表 2 15 条 SCoT 引物信息和对 19 黄桃材料的扩增信息

Table 2 Information of 15 SCoT primer and amplification details for 19 yellow peach materials

引物名称 Primer name	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	总条带数 Total bands	多态性条带数 Polymorphic bands	多态性百分率 Polymorphism ratio/%
SCoT3	CAACAAATGGCTACCACCG	13	13	100.00
SCoT6	CAACAAATGGCTACCACGC	19	19	100.00
SCoT7	CAACAAATGGCTACCACCGG	22	22	100.00
SCoT17	ACCATGGCTACCACCGAG	22	22	100.00
SCoT23	CACCATGGCTACCACCGAG	16	15	93.75
SCoT26	ACCATGGCTACCACCGTC	22	22	100.00
SCoT29	CCATGGCTACCACCGGCC	19	18	94.73
SCoT31	CCATGGCTACCACCGCCT	14	12	85.71
SCoT32	CCATGGCTACCACCGCAC	16	16	100.00
SCoT33	CCATGGCTACCACCGCAG	15	15	100.00
HSCoT1	GAACAAATGGCTACCACGC	21	21	100.00
HSCoT2	CAGCAATGGCTACCACCA	20	18	90.00
HSCoT3	ACGACATGGCGACCATCT	24	24	100.00
HSCoT4	ATGACATGGCGACCATGC	21	21	100.00
HSCoT5	TCGACATGGCGACCCACG	19	19	100.00

Taq DNA 聚合酶, 0.4 μL 0.3 mmol·L⁻¹ dNTPs, 16.6 μL ddH₂O。扩增程序: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 30 s; 48 °C 30 s; 72 °C 2 min, 进行 35 个循环; 72 °C 延伸 10 min。PCR 扩增产物用 1.8% (w) 琼脂糖凝胶电泳进行检测, 利用 SAGE CREATION ChamlGel 6000 型凝胶成像系统观察和拍照。

1.3 统计分析

观察电泳图谱, 统计每个样品 DNA 条带, 记录迁移位置, 对同一迁移位置的电泳胶条带进行赋值, 无条带记为“0”, 有条带记为“1”, 形成(0, 1)矩阵。采用 NTSYSpc2.10 软件计算不同品种(系)间的遗传相似系数, 利用 UPGMA 法进行聚类分析, 利用遗传相似系数对 19 份黄桃品种(系)进行主坐标分析。

2 结果与分析

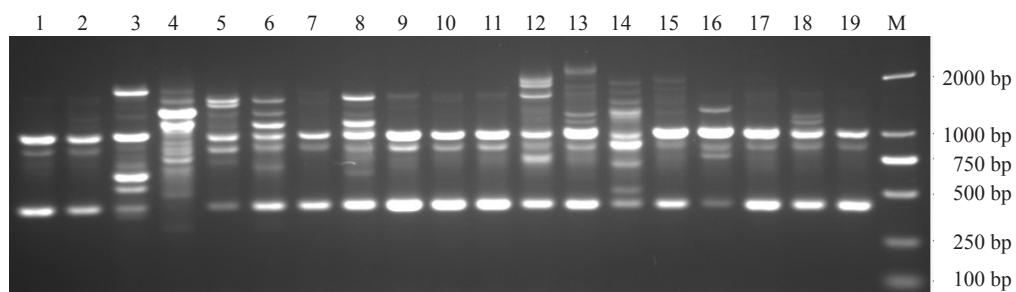
2.1 19 份黄桃品种(系)的 SCoT-PCR 扩增产物多

态性分析和指纹图谱

利用 15 条 SCoT 引物分别对 19 份黄桃品种(系)进行 PCR 扩增, 经电泳胶检测, 15 条引物共扩增出 283 条清晰整齐的谱带, 平均每条引物扩增出 18.86 条; 其中, 多态性条带 277 条, 多态性比率为 97.88%。具体到每条引物, 其多态性变化范围为 85.71% (SCoT31)~100.00% (SCoT3、6、7、17、26、32、33 和 HSCoT1、2、3、4、5)。引物 SCoT29 对 19 份桃品种的扩增结果如图 1 所示。本研究应用的引物多态性极高, 能够满足本试验的要求。利用 15 条引物扩增产生的 277 条扩增条带对 19 份黄桃品种(系)进行指纹图谱分析, 经统计, 迁移率相同的条带从 1 条到 18 条为逐渐减少的趋势(图 2), 条带出现 1 条的比例最多(16.6%), 12~17 条的比例较少(共 9.03%)。

2.2 遗传相似性分析

根据指纹图谱分析转换的 0-1 矩阵表, 利用 NT-



M. DL2000 DNA Marker; 1~19 编号对应表 1 的 19 份供试黄桃种质。

M. DL2000 DNA Marker; Numbers 1~19 in the figure correspond to Numbers in the table 1 of the 19 tested yellow peaches materials.

图 1 引物 SCoT29 对 19 份黄桃种质的扩增分析

Fig. 1 Amplification of 19 yellow peaches materials by primer SCoT29

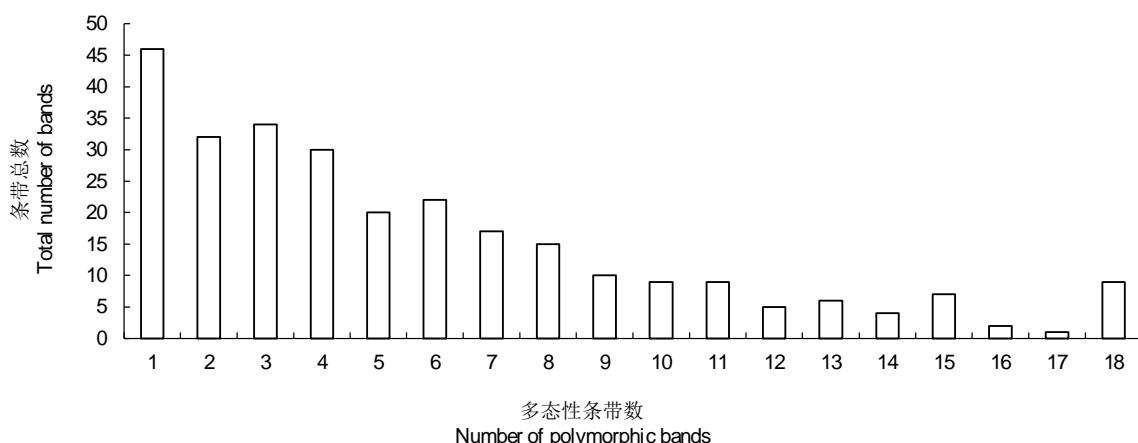


图 2 15 条 SCoT 引物对 19 份黄桃材料扩增条带多态性分析

Fig. 2 Analysis of amplified polymorphisms of 19 yellow peach materials by 15 SCoT primers

SYS-pc 软件计算品种(系)间的遗传相似系数(图 3)。结果表明,19 份桃品种(系)之间的遗传相似系数范围为 0.186~0.635,平均值是 0.324。锦硕和锦春的遗传相似系数最大,为 0.635;说明 19 个品种(系)中,锦硕和锦春的亲缘关系最近。罐桃 5 号和

优系 1 号遗传相似系数最小,为 0.188,表明 19 个品种(系)中,罐桃 5 号和优系 1 号的亲缘关系较远,说明该优系具有罐桃 5 号遗传背景的可能性较小。19 份桃品种(系)相似系数均在 0.75 以下,19 份桃品种(系)之间的遗传相似性较低,遗传多样性较高。

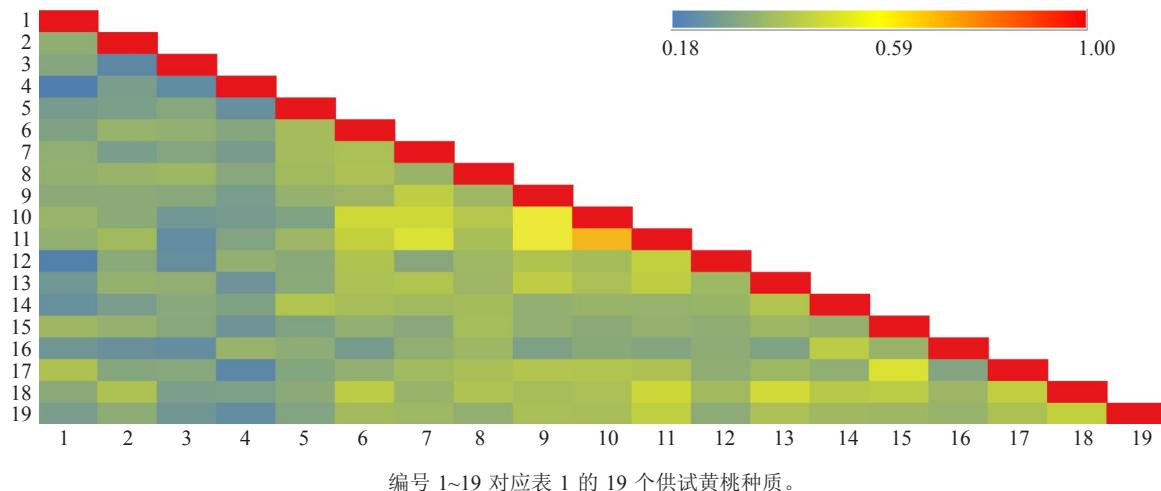


图 3 19 份黄桃材料遗传相似系数的热图

Fig. 3 Heat map of genetic similarity coefficient among 19 yellow peach materials

2.3 聚类分析和主坐标分析

利用 NTSYS-pc 软件的 UPGMA 法对 19 个桃品种(系)进行聚类分析,构建聚类分析图(图 4)。从中可以发现,在遗传相似系数为 0.27 的水平上,可以将 19 份桃品种(系)分为 5 组:第 I 组包括 5 个品种(系),分别为优系 1 号、金黄金、金童 6 号、西尾巨黄、晚黄金。第 II 组包括 3 个品种,分别为黄金蜜 2 号、金黄金 3 号、黄金蜜 4 号。第 III 组包括 7 个品种,分别为锦绣、锦硕、锦春、金秋、黄金蜜 1 号、金黄金 2 号

和锦花。第 IV 组包括 3 个品种,分别为锦香、锦园、黄金蜜 3 号。第 V 组包括 1 个品种,为罐桃 5 号。

此外,利用相似系数对 19 份桃品种(系)进行主坐标分析,绘制二维散点图(图 5)。图中第一主坐标和第二主坐标分别解释了 9.12% 和 8.25% 材料间的相关性,累计贡献率为 17.37%。根据黄桃品种(系)的距离,可分为 6 组:A 组包括优系 1 号、金黄金、晚黄金、金童 6 号、西尾巨黄;B 组包括黄金蜜 1 号、金黄金 2 号、锦花;C 组包括锦绣、金秋、锦硕、锦

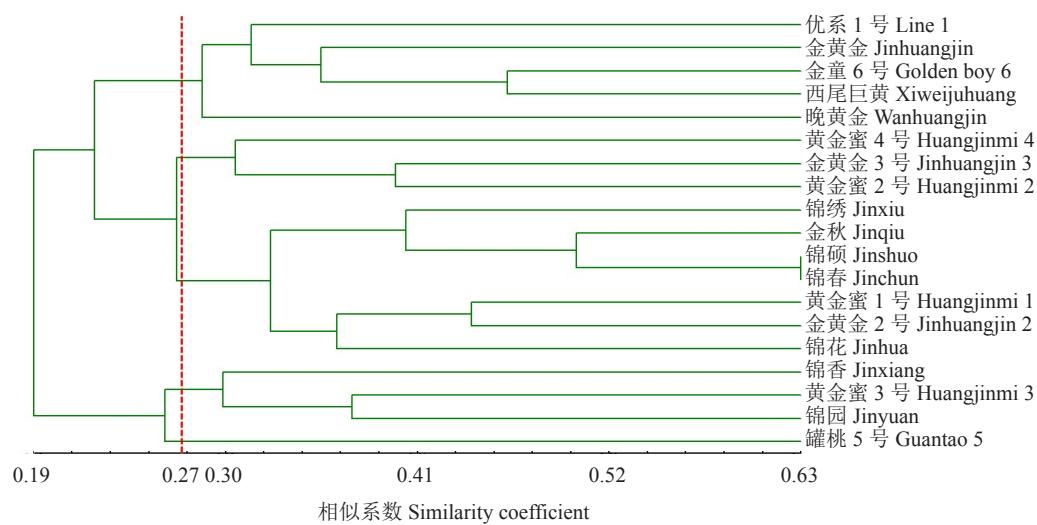
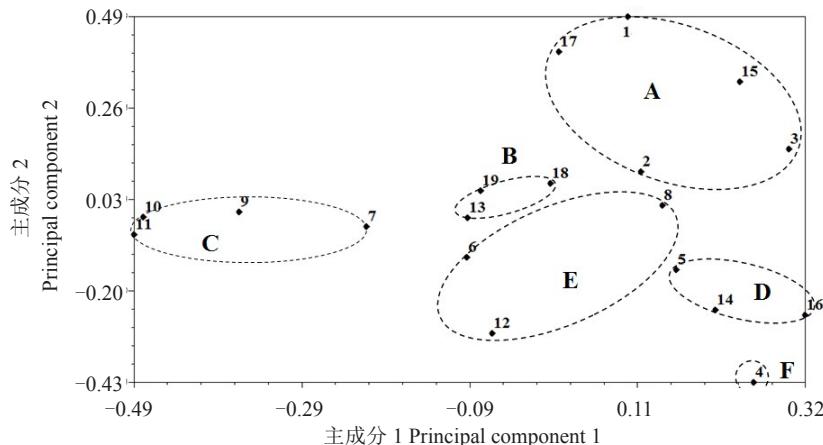


图4 19份黄桃材料的聚类分析

Fig. 4 Cluster analysis of 19 yellow peach materials



编号1~19对应表1的19个供试黄桃种质。A~E组对应主成分的分组。

1-19 in the figure correspond to Numbers in the Table 1 of the 19 tested yellow peaches materials. A-E groups correspond to the result of principal components.

图5 19份黄桃材料的主坐标分析
Fig. 5 Principal coordinate analysis of 19 yellow peach materials

春;D组包括黄金蜜4号、金黄金3号、黄金蜜2号;E组包括黄金蜜3号、锦香、锦园;F组包括罐桃5号。主坐标分析的6个组(A、B、C、D、E和F组)与聚类分析结果(I、II、III、IV和V组)大致相似,但主坐标分析对19份黄桃分类更加细致,直观清晰地显示了黄桃品种的亲缘关系远近。

3 讨 论

随着科学技术的发展和市场需求的升级,我国黄桃产业发生明显的变化,由以前加工罐装黄桃为主向鲜食黄桃进行转变,具有果个大、含糖量高、色泽明亮、香味浓郁、口感细腻特点的黄桃深受消费者喜爱。随着黄桃新品种的不断更新,系统地对黄桃

品种进行分析,可为后续育种选择提供依据。

目前,鉴定桃资源的高效分子标记并不多,笔者在本研究中应用的15条SCoT引物中,10条SCoT引物来自前人已有文献^[7],其中该文献发表有36条SCoT引物,通过预实验,从36条SCoT引物中筛选出10条多态性非常好的引物应用于本研究;并根据SCoT引物设计原则,自行设计多条SCoT类引物,同样经过预实验筛选出5条多态性好的引物,并命名为HSCoT1~5,应用于黄桃种质资源分析。本试验选取的15条引物多态性好,能清晰分辨桃种质资源,在以后桃种质资源分析鉴定中,可以直接应用,操作简单,可大大节省筛选成本,提高效率,为批量鉴定桃种质资源鉴定提供了一种高效、快捷、低成本

的鉴定方式,为后续SCoT分子标记在桃中的广泛应用奠定了基础。相比于其他标记,SCoT分子标记在种质资源划分和鉴定方面具有低成本性、操作简单等特点,在筛选资源遗传数量多、背景多样亲本的应用中具有重要作用。

笔者利用SCoT标记对19份黄桃品种(系)进行种质资源遗传多样性分析,15条SCoT引物共扩增出283条清晰整齐的谱带,差异条带共有277条,多态性比率为97.88%,多态性极高;其中有12条引物扩增的多态性条带比率为100%,说明SCoT标记能有效区分19份黄桃品种(系)之间的差异。19份黄桃品种(系)的遗传相似系数范围在0.186~0.635,表明19份黄桃品种(系)总体相似度较低,具有较高的遗传多样性;主坐标分析第一二主坐标累计贡献率为17.37%,主效性较低,也从侧面说明19份黄桃品种(系)的遗传多样性丰富。笔者利用聚类分析将19份黄桃品种(系)分为5组。I组包含国外代表性品种金童6号和西尾巨黄,这两者聚类关系较近,遗传背景相近。II组主要以中国农业科学院郑州果树研究所选育的黄金蜜系列为主,III组以上海市农业科学院林业果树研究所选育的锦系列黄桃为主。IV组包括锦香、锦园和黄金蜜3号,亲缘关系与II组黄金蜜系列黄桃、III锦系列黄桃相距较远,说明锦香、锦园和黄金蜜3号选育过程中亲本与其他黄金蜜系列、锦系列黄桃差异较大。V组只有一个罐制品种罐桃5号,其高酸甜的特性与其他鲜食黄桃的高甜低酸差异较大,亲缘关系分析显示,罐桃5号与其他品种关系较远。5个类组表明19份黄桃材料的遗传背景存在差异,遗传背景丰富;再对19份黄桃材料进行主坐标分析,得到与聚类分析类似的结果,但主坐标分析结果更加直观、清晰。

常规创制桃优系和选育桃品种的方式分为3种:实生苗选种^[17]、自然芽变选种^[18]和杂交群体选种^[19]。自然芽变选种受自然环境和品种差异因素的影响,效率低、偶然性大,想要得到特定优良性状的品种或优系难度较大;实生苗选种方式仍存在不确定性,难以掌控,但其优点是具有较大的筛选数目,开展育种相对容易;杂交群体选种能够选育结合两个亲本优势的品种(或优系),这种育种方式可以有计划地融合两个或者更多个品种的基因组,这种育种方式可控且目的性较强、效率高^[20]。但近年发现,杂交选种时重复利用骨干亲本的现象严重,导致后

代品种(或优系)遗传背景逐渐变窄,不利于桃产业的可持续发展。黄桃育种工作应避免类似问题,后续新品种培育需避免从I~V组内部选定杂交双亲本;可适当引入遗传背景差别大的黄桃品种如罐桃5号作为亲本,通过杂交丰富后代的遗传背景,使杂交后代群体的生物学特性多样化,为下一步黄桃育种工作的一个方向。此外,黄桃种质材料的形态特征具有相似性,本研究利用SCoT标记鉴定分析黄桃种质能解决黄桃外观形态特征难以辨别的难题。综上,本研究利用SCoT分子标记高效鉴定黄桃种质资源对黄桃种质资源的梳理划分、构建杂交群体亲本的选择具有一定的参考依据;同时可为开展其他果树类种质资源的鉴定提供借鉴。

参考文献 References:

- [1] 李友萍.现代罐桃品种标准及其适宜加工品种[J].中国南方果树,2004,33(3):51.
LI Youping. Standard of modern canned peach varieties and its suitable processing varieties[J]. South China Fruits, 2004, 33 (3): 51.
- [2] 谭彬,郑先波,程钧,王伟,叶霞,李继东,冯建灿.中熟黄肉鲜食桃新品种‘豫金蜜1号’的选育[J].果树学报,2019,36(8):1093-1096.
TAN Bin, ZHENG Xianbo, CHENG Jun, WANG Wei, YE Xia, LI Jidong, FENG Jiancan. ‘Yujinmi 1’, a new middle-maturing yellow-fleshed peach cultivar[J]. Journal of Fruit Science, 2019, 36(8): 1093-1096.
- [3] 汪小全,邹喻萍,张大明,张志宪,洪德元.RAPD应用于遗传多样性和系统学研究中的问题[J].植物学报,1996,38(12):954-962.
WANG Xiaoquan, ZOU Yuping, ZHANG Daming, ZHANG Zhixian, HONG Deyuan. Problems in the use of rapd to the study of genetic diversity and systematics [J]. Acta Botanica Sinica, 1996, 38(12): 954-962.
- [4] 翁跃进.AFLP:一种DNA分子标记新技术[J].遗传,1996,18 (6): 29-31.
WENG Yuejin. AFLP: A novel technique for DNA molecular marker [J]. Hereditas, 1996,18(6): 29-31.
- [5] 罗冉,吴委林,张旸,李玉花.SSR分子标记在作物遗传育种中的应用[J].基因组学与应用生物学,2010,29(1):137-143.
LUO Ran, WU Weilin, ZHANG Yang, LI Yuhua. SSR marker and its application to crop genetics and breeding [J]. Genomics and Applied Biology, 2010, 29(1): 137-143.
- [6] 李海生.ISSR分子标记技术及其在植物遗传多样性分析中的应用[J].生物学通报,2004,39(2):19-21.
LI Haisheng. ISSR Molecular marker technology and its application in plant genetic diversity analysis[J]. Bulletin of Biology,

- 2004, 39(2):19-21.
- [7] COLLARD B, MACKILL J. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: A simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants[J]. Plant Molecular Biology Reporter, 2009, 27(1): 86-89.
- [8] 潘媛,陈大霞,宋旭红,王钰,李隆云.基于 SCoT 标记的栽培栀子种质资源遗传多样性研究[J].中草药,2018,49(14):3376-3381.
PAN Yuan, CHEN Daxia, SONG Xuhong, WANG Yu, LI Longyun. Genetic diversity of cultivated *Gardenia jasminoides* germplasms detected by SCoT markers[J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 2018, 49(14):3376-3381.
- [9] 陈虎,何新华,黄桂香,李峰,姜建初,朱建华.不同龙眼资源遗传多样性的 SCoT 和 ISSR 比较分析[J].广西植物,2012,32(4):536-541.
CHEN Hu, HE Xinhua, HUANG Guixiang, LI Feng, JIANG Jianchu, ZHU Jianhua. Comparison and analysis of SCoT and ISSR markers for genetic diversity of longan[J]. Guihaia, 2012, 32(4): 536-541.
- [10] 陈伯伦,张晋,黄继魁,黄诚梅,周秋娟,陶伟,唐娟. SCoT 分子标记在猕猴桃遗传多样性分析与变异鉴定上的应用[J].农业生物技术学报,2018,26(1):77-86.
CHEN Bolun, ZHANG Jin, HUANG Jikui, HUANG Chengmei, ZHOU Qiujuan, TAO Wei, TANG Juan. Application of SCoT markers on genetic diversity analysis and variation identification of *Actinidia*[J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 2018, 26(1): 77-86.
- [11] 关长飞,胡超琼,王孟珂,阮小凤,王仁梓,杨勇.陕西省柿种质资源遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2019,20(5):1340-1348.
GUAN Changfei, HU Chaoqiong, WANG Mengke, RUAN Xiaofeng, WANG Renzi, YANG Yong. Genetic diversity analysis of persimmon germplasm resources in Shaanxi province[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(5):1340-1348.
- [12] 欧景莉,朱杨帆,陈豪军,周俊岸,陈燕,何江,宁琳,潘祖建,甘卫堂.基于 SCoT 分子标记的 48 份杨桃种质遗传多样性分析[J].南方农业学报,2019,50(8):1680-1687.
OU Jingli, ZHU Yangfan, CHEN Haojun, ZHOU Junan, CHEN Yan, HE Jiang, NING Lin, PAN Zunjian, GAN Weitang. Genetic relationship analysis of 48 *Averrhoa carambola* L. germplasms based on SCoT marker [J]. Journal of Southern Agriculture, 2019, 50(8): 1680-1687.
- [13] 鲍丹凤,周索,郭国业.基于 SCoT 分子标记的月季品种资源遗传多样性分析[J].南阳师范学院学报,2019,18(6):32-36.
BAO Danfeng, ZHOU Suo, GUO Guoye. Genetic diversity analysis of rose germplasm resources based on SCoT markers[J]. Journal of Nanyang Normal University, 2019, 18(6):32-36.
- [14] 马利奋,尹跃,赵建华,王亚军,戴国礼,安巍.17 个枸杞品种的 SCoT 遗传多样性[J].浙江农业学报,2018,30(10):1665-1670.
MA Lifen, YIN Yue, ZHAO Jianhua, WANG Yajun, DAI Guoli, AN Wei. Analysis on genetic diversity of 17 goji (wolfberry) cultivars by SCoT markers[J]. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2018, 30(10):1665-1670.
- [15] 林伟东,陈志丹,孙威江,杨如兴.基于 SCoT 标记的福建茶树品种(系)遗传多样性分析[J].茶叶科学,2018,38(1):43-57.
LIN Weidong, CHEN Zhidan, SUN Weijiang, YANG Ruxing. Analysis of genetic diversity of Fujian tea varieties by SCoT markers[J]. Journal of Tea Science, 2018, 38(1):43-57.
- [16] SUZANA M, RAHIMAH M, SINGH R. A simple and rapid protocol for isolation of genomic dna from oil palm leaf tissue[J]. Journal of Oil Palm Research, 2015, 27(3):282-287.
- [17] 张学英,陈海江,邸葆,曹洪波,张永升,许淑芳,张佳俊.桃新品种‘保佳红’[J].园艺学报,2015,42(11):2317-2318.
ZHANG Xueying, CHEN Haijiang, DI Bao, CAO Hongbo, ZHANG Yongsheng, XU Shufang, ZHANG Jiajun. A new peach cultivar ‘Baojiahong’[J]. Acta Horticultural Sinica, 2015, 42(11):2317-2318.
- [18] 王者钧.深州蜜桃的变异品种:深州早蜜[J].山西果树,1989(1):15-16.
WANG Zejun. Shenzhou zaomi, a variant of Shenzhou honey peach[J]. Shanxi Fruits, 1989(1):15-16.
- [19] 陈双建,董冰,杨萍,黄丽萍,邵敏.早熟桃新品种‘锦玉’[J].园艺学报,2014,41(2):389-390.
CHEN Shuangjian, DONG Bing, YANG Ping, HUANG Liping, GAO Min. A new early ripening peach cultivar ‘Jinyu’[J]. Acta Horticulture Sinica, 2014, 41(2):389-390.
- [20] 张振.杂交育种在新品种培育中的优缺点[J].北京农业,2014(36):31.
ZHANG Zhen. Advantages and disadvantages of hybrid breeding in new variety cultivation[J]. Beijing Agricultura, 2014(36): 31.