

丝瓜种质资源亲缘关系的 SRAP 分析

崔俊杰¹, 宋建文¹, 汪国平¹, 林明宝¹, 李连芳², 胡开林¹

(¹华南农业大学园艺学院, 广州 510642; ²广州市农业科学院, 广州 510308)

摘要: 利用 SRAP 标记, 对来源不同的 56 份有棱丝瓜和 8 份无棱丝瓜种质的亲缘关系进行了分析。从 144 对 SRAP 引物中筛选出 60 对多态性强、重复性好的 SRAP 引物。共扩增得到 1433 条谱带, 其中多态性谱带 1280 条, 平均每对引物扩增得到 21.33 条多态性谱带, 多态性位点百分率为 88.74%。将丝瓜种质利用 UPMGA 方法进行聚类分析, 结果表明, 64 份丝瓜种质的遗传相似系数为 0.17~0.98。在遗传相似系数 0.17 处, 供试种质被分为 2 大类群, 第一大类群为普通丝瓜, 第二大类群为有棱丝瓜, 在第二大类群中又被分为以长绿型丝瓜为主和短果型丝瓜 2 亚群。丝瓜类群的划分与形态学性状比较一致, 即首先与棱沟的有无密切相关, 其次与瓜条的长短、颜色有较高的相关性。

关键词: 丝瓜; 种质资源; 亲缘关系; SRAP

Genetic Diversity Analysis of Germplasm Resources of Towel Gourd Based on SRAP Markers

CUI Jun-jie¹, SONG Jian-wen¹, WANG Guo-ping¹, LIN ming-bao¹, LI Lian-fang², HU Kai-lin¹

(¹College of Horticulture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642;

²Guangzhou Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510308)

Abstract: SRAP was used to analyse the genetic relationships of 56 angular sponge gourds and 8 sponge gourds from different areas. 60 pairs of polymorphic and stable primers were screened from 144 primer pairs. A total of 1433 DNA bands were amplified, 1280 of which were polymorphic. The average number of polymorphic DNA bands amplified by each primer pair was 21.33 and the ratio of polymorphic bands was 88.74%. UPMGA method was used to make cluster analysis and result showed that the genetic similarity coefficient among 64 towel gourds germplasm ranged from 0.17-0.98. The tested species were classified into 2 cluster groups with the similarity coefficient of 0.17. The first group is sponge gourd and the second group is angular sponge gourd with two sub-groups including long green types and short cyan types. Classification and morphological traits of towel gourds are relatively consistent, namely, they are closely related to have ridges or not at first, followed by fruit length and color.

Key words: Towel gourd; Germplasm resources; Genetic relationship; SRAP

丝瓜为葫芦科丝瓜属一年生攀缘性草本植物, 作为瓜类蔬菜栽培的有普通丝瓜 [*Luffa cylindrica* (L.) Roem.] 和有棱丝瓜 [*Luffa acutangula* (L.) Roxb.] 2 个种, 其中普通丝瓜在 6 世纪传入我国, 在我国南北各地区均有栽培; 有棱丝瓜于 19 世纪传入我国, 主要在华南地区栽培^[1]。经过长期的自然选择和进化, 丝瓜在我国形成了许多不同的栽培类型。普通丝瓜和有棱丝瓜通过有性杂交虽然也可以获得

果实以及杂交种子, 但是, 每个杂交果实内只有数粒种子, 且发芽率较低^[2], 与种内杂交每个果实内可得杂交种子数 10 粒且发芽率较高相比较, 存在显著差异, 说明两者之间还是存在一定的生殖隔离。此外, 在有棱丝瓜种质中, 按照长期的栽培生产以及消费习惯, 通常将有棱丝瓜分为瓜长 50cm 或以上的长绿型以及瓜长 45cm 或以下的短青型或短青麻型, 而且长绿型有棱丝瓜长期以来主要在珠江三角

收稿日期: 2011-12-26 修回日期: 2012-03-09

基金项目: 广州市科技计划项目 (2010Z1-E381); 广东现代农业产业技术体系建设专项资金

作者简介: 崔俊杰, 硕士研究生, 主要研究方向为蔬菜遗传育种及生物技术。E-mail: seedcui@sina.com

通信作者: 胡开林, 博士, 教授, 主要从事蔬菜遗传育种及生物技术研究。E-mail: hukailin@scau.edu.cn

洲各地栽培,产品也主要供应珠江三角洲各城镇和港澳地区,短青型或短青麻型有棱丝瓜则在整个华南地区广泛栽培及消费。国内外有关丝瓜种质亲缘关系的研究仅见少数报道,且均以普通丝瓜为主,如夏军辉等^[3]以 21 份普通丝瓜和 5 份有棱丝瓜为材料,利用形态标记和 16 个 RAPD 引物扩增得到的 125 条多态性谱带将丝瓜分为普通丝瓜和有棱丝瓜 2 大类,但是在利用 RAPD 标记进行聚类时,将其中的 2 份有棱丝瓜与普通丝瓜聚为一类,与形态标记聚类结果不一致。刘军等^[4]以 26 份普通丝瓜和 4 份有棱丝瓜为材料,分别利用 10 对 SSR 引物和 12 对 SRAP 引物扩增得到的 32 条和 118 条多态性谱带,将 30 份丝瓜种质划分为普通丝瓜与有棱丝瓜 2

大类。苏小俊等^[5]以 9 个 ISSR 引物扩增得到的 47 条多态性谱带,将 42 份普通丝瓜和 1 份有棱丝瓜划分为 6 个类群。而以有棱丝瓜为主探讨种质间亲缘关系的研究尚鲜见报道。本研究以来源不同、形态不同的 56 份有棱丝瓜和 8 份普通丝瓜为材料,应用多态性较为丰富的 SRAP 标记对丝瓜种质进行亲缘关系分析,从分子水平重点探究有棱丝瓜种内的亲缘关系,旨在更好开展丝瓜选育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为 64 个丝瓜品种或自交系,其中普通丝瓜 8 份,有棱丝瓜 56 份(表 1)。

表 1 供试材料来源及主要特点

Table 1 The cultivars and its main characteristics in the study

编号	材料	收集地	主要特点	编号	材料	收集地	主要特点
No.	Cultivar	Origin	Main characteristics	No.	Cultivar	Origin	Main characteristics
1	SPR2031	广州	有棱丝瓜,长绿型,80cm	33	6-1	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
2	满绿 440124	广州	有棱丝瓜,长绿型,70cm	34	9-0-1	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
3	秀丽	广州	有棱丝瓜,长绿型,80cm	35	11-0-0	广州	有棱丝瓜,长绿型,50cm
4	春宝	广州	有棱丝瓜,长绿型,80cm	36	13-0-0	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
5	YL251703	广州	有棱丝瓜,长绿型,55cm	37	14-0-0	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
6	YL251706	广州	有棱丝瓜,长绿型,55cm	38	7-1	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
7	四季青 222	广州	有棱丝瓜,长绿型,55cm	39	8-0	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
8	四季青 12	广州	有棱丝瓜,长绿型,55cm	40	12-0-0	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
9	四季青 131	广州	有棱丝瓜,长绿型,55cm	41	39-0-0	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
10	满绿 440122	广州	有棱丝瓜,长绿型,70cm	42	17-1-2	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
11	满绿 1110911	广州	有棱丝瓜,长绿型,70cm	43	24-1-1	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
12	YL653	广州	有棱丝瓜,长绿型,55cm	44	27-1-1	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
13	YL642	广州	有棱丝瓜,长绿型,55cm	45	67-1-1	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
14	春丰	深圳	有棱丝瓜,长绿型,50cm	46	柯-1	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
15	春绿	广州	有棱丝瓜,长绿型,80cm	47	SL20	广州	有棱丝瓜,短青型,35cm
16	BGS131	广州	有棱丝瓜,长绿型,70cm	48	SL21	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
17	满青 111121	广州	有棱丝瓜,短青型,35cm	49	SL22	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
18	满青 SI623	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm	50	SL44	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
19	满青 SI6251	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm	51	SL45	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
20	S16 青	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm	52	SL50	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
21	满青 11214	广州	有棱丝瓜,短青型,35cm	53	SL51	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm
22	新秀 30	江门	有棱丝瓜,短青麻型,30cm	54	37-0-1-1	广州	普通丝瓜,120cm
23	BGS132	广州	有棱丝瓜,长绿型,70cm	55	45-1-0	广州	普通丝瓜,40cm
24	新秀 52	江门	有棱丝瓜,短青麻型,45cm	56	40-2-0	广州	普通丝瓜,55cm
25	姚 VANDA	增城	有棱丝瓜,长麻型,50cm	57	36-1-0	广州	普通丝瓜,40cm
26	泰大肉 142	海南	有棱丝瓜,短青麻型,40cm	58	41-1-0	广州	普通丝瓜,50cm
27	谭胜 14	中山	有棱丝瓜,短青麻型,35cm	59	35-1	广州	普通丝瓜,30cm
28	谭胜 11	中山	有棱丝瓜,短青麻型,35cm	60	46-1-0	广州	普通丝瓜,40cm
29	泰大肉 143	海南	有棱丝瓜,短青麻型,35cm	61	48-1-0	广州	普通丝瓜,45cm
30	谭胜 23	中山	有棱丝瓜,短青麻型,35cm	62	穗抗-A	广州	有棱丝瓜,短青型,40cm
31	3-0	广州	有棱丝瓜,长绿型,50cm	63	穗感-B	广州	有棱丝瓜,长绿型,60cm
32	5-0-0	广州	有棱丝瓜,短青型,45cm	64	28-0-0	广州	有棱丝瓜,短青型,30cm

长绿型表示长度为 50cm 或以上的果皮绿色类型;短青型表示长度为 45cm 或以下的果皮青色类型;短青麻型表示长度为 45cm 或以下的果皮青色且带灰白麻点类型

Long green types indicate the length is 50cm or more and the peel is green;Short cyan types indicate the length is 45cm or less and the peel is cyan;Short cyan pocking types indicate the length is 45cm or less and the peel is cyan with grayish white pocks

1.2 基因组 DNA 提取

植株大田种植按常规管理。在开花结果期,分别取各材料植株生长顶端的幼嫩叶片,按陈洁等^[6]的方法提取基因组 DNA。以 λ DNA 浓度为参照,用 1.0% 的琼脂糖电泳检测 DNA 浓度与纯度,最终用 ddH₂O 稀释至 50ng/ μ l 作为模板 DNA,存放于 -20℃ 冰箱备用。

1.3 基因组 DNA 的 SRAP-PCR 扩增及电泳

在吴红等^[7]建立的 SRAP 反应体系基础之上进一步优化,对 64 份丝瓜基因组 DNA 进行扩增。本试验所用的 SRAP 引物由上海生工合成。优化 PCR 反应总体积为 20 μ l,其中含 0.1mmol/LdNTPs、0.3 μ mol/L 引物、50ng 模板 DNA、1.0u Taq 聚合酶、2.0 μ l 10 $\times$ buffer、2mmol/LMgCl₂ 和 ddH₂O。反应程序为:94℃ 预变性 5min;94℃ 变性 1min,35℃ 复性 1min,72℃ 延伸 1min,5 个循环;94℃ 变性 1min,50℃ 复性 1min,72℃ 延伸 1min,35 个循环;最后 72℃ 延伸 10min。用 6% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离 PCR 产物,电泳缓冲液为 0.5 $\times$ TBE,电泳电压 300V,时间 2h,银染检测。

表 2 SRAP 引物组合在 64 份丝瓜种质中扩增出的多态性

Table 2 Polymorphism in 64 samples of Luffa accessions revealed by SRAP primer combinations

普通丝瓜 <i>L. acutangula</i> Roxb. & <i>L. cylindrica</i> Roem.					有棱丝瓜 <i>L. acutangula</i> Roxb.			
引物组合	扩增带数	多态性带数	多态性比率(%)	多态性	扩增带数	多态性带数	多态性比率(%)	多态性
Primer	Total No.	No. of	Polymorphic	信息含量	Total No.	No. of	Polymorphic	信息含量
combination	of fragments	polymorphic	rate	PIC	of fragments	polymorphic	rate	PIC
		bands				bands		
me1/em4	30	26	86.67	0.973	18	10	55.56	0.939
me1/em6	26	24	92.31	0.909	17	6	35.29	0.747
me1/em7	24	23	95.83	0.956	12	6	50.00	0.894
me1/em8	23	20	86.96	0.938	17	5	29.41	0.728
me1/em10	31	28	90.32	0.965	20	6	30.00	0.908
me1/em12	12	12	100.00	0.938	9	5	55.56	0.883
me2/em2	27	26	96.30	0.966	19	7	36.84	0.932
me2/em4	23	20	86.96	0.930	14	4	28.57	0.797
me2/em5	27	25	92.59	0.964	18	9	50.00	0.939
me2/em6	29	25	86.21	0.887	17	5	29.41	0.792
me2/em8	27	25	92.59	0.960	15	5	33.33	0.890
me2/em9	20	20	100.00	0.940	12	4	33.33	0.596
me2/em10	18	13	72.22	0.928	11	4	36.36	0.830
me3/em2	30	26	86.67	0.965	22	8	36.36	0.913
me3/em3	35	32	91.43	0.955	22	6	27.27	0.824
me3/em4	22	19	86.36	0.952	12	3	25.00	0.787
me3/em5	19	17	89.47	0.834	13	5	38.46	0.758
me3/em6	22	20	90.91	0.921	17	4	23.53	0.756
me3/em7	27	24	88.89	0.959	17	8	47.06	0.883
me3/em9	23	21	91.30	0.958	13	4	30.77	0.883
me3/em12	15	15	100.00	0.912	12	6	50.00	0.838
me4/em1	26	24	92.31	0.903	21	6	28.57	0.822
me4/em2	27	24	88.89	0.938	18	7	38.89	0.780
me4/em3	23	20	86.96	0.959	18	5	27.78	0.762
me4/em5	21	17	80.95	0.952	13	4	30.77	0.781
me4/em8	25	24	96.00	0.960	19	6	31.58	0.902
me5/em4	14	11	78.57	0.920	10	3	30.00	0.803
me5/em5	36	32	88.89	0.958	28	13	46.43	0.942
me5/em7	21	19	90.48	0.917	17	3	17.65	0.624

1.4 数据统计及聚类分析

将电泳图谱上 100 ~ 2000bp 范围内清晰且可重复出现的条带记为 1,同一位置没有条带记为 0,由此生成 0 和 1 原始矩阵。统计每对引物扩增出的总条带数和多态性条带数。用 NTSYS-pc (2.10) 软件中 SimQual 程序计算相似系数矩阵,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;用 Tree plot 模块生成聚类图,构建分子进化树。

2 结果与分析

2.1 多态性引物的筛选

以两个形态学特征差异明显的长度只有 30cm 的短青型有棱丝瓜自交系 28-0-0 和长度达 120cm 的普通丝瓜自交系 37-0-1-1 为材料,利用 144 对 SRAP 引物组合进行多态性筛选。结果筛选得到能够扩增条带清晰、多态性强的 60 对 SRAP 引物组合(表 2),其中部分引物组合的扩增结果见图 1。由图 1 可知,扩增片段的大小在 100 ~ 2000bp 之间。

续表

普通丝瓜 <i>L. acutangula</i> Roxb. & <i>L. cylindrica</i> Roem.					有棱丝瓜 <i>L. acutangula</i> Roxb.			
引物组合	扩增带数	多态性带数	多态性比率(%)	多态性	扩增带数	多态性带数	多态性比率(%)	多态性
Primer	Total No.	No. of	Polymorphic	信息含量	Total No.	No. of	Polymorphic	信息含量
combination	of fragments	polymorphic	rate	<i>PIC</i>	of fragments	polymorphic	rate	<i>PIC</i>
		bands				bands		
me5/em8	24	21	87.50	0.962	17	7	41.18	0.867
me5/em9	18	14	77.78	0.822	13	3	23.08	0.484
me5/em10	9	4	44.44	0.786	8	2	25.00	0.672
me6/em5	26	20	76.92	0.929	20	5	25.00	0.727
me6/em7	23	21	91.30	0.925	16	9	56.25	0.469
me7/em1	25	22	88.00	0.918	20	6	30.00	0.789
me7/em3	26	22	84.62	0.955	19	6	31.58	0.762
me7/em4	29	28	96.55	0.931	17	4	23.53	0.664
me7/em5	17	16	94.12	0.941	12	4	33.33	0.883
me7/em7	21	21	100.00	0.953	15	6	40.00	0.871
me7/em9	26	24	92.31	0.928	18	5	27.78	0.484
me8/em1	29	28	96.55	0.939	17	7	41.18	0.878
me8/em2	21	18	85.71	0.854	16	7	43.75	0.490
me8/em5	36	31	86.11	0.943	25	8	32.00	0.871
me8/em12	21	20	95.24	0.901	15	6	40.00	0.667
me9/em5	25	22	88.00	0.939	15	4	26.67	0.245
me9/em8	17	12	70.59	0.922	12	4	33.33	0.773
me9/em10	22	20	90.91	0.916	18	6	33.33	0.484
me10/em5	17	13	76.47	0.926	14	6	42.86	0.715
me10/em6	16	15	93.75	0.931	13	3	23.08	0.759
me10/em7	24	23	95.83	0.966	17	5	29.41	0.751
me11/em3	26	22	84.62	0.951	20	8	40.00	0.881
me11/em4	29	26	89.66	0.951	18	6	33.33	0.846
me11/em7	25	23	92.00	0.968	14	5	35.71	0.894
me11/em9	24	22	91.67	0.947	14	6	42.86	0.816
me12/em2	36	32	88.89	0.967	24	7	29.17	0.904
me12/em3	22	20	90.91	0.947	12	4	33.33	0.840
me12/em6	25	21	84.00	0.945	20	4	20.00	0.753
me12/em7	22	21	95.45	0.958	14	4	28.57	0.784
me12/em9	22	20	90.91	0.957	13	6	46.15	0.832
me12/em12	27	26	96.30	0.967	15	5	33.33	0.928
总计	1433	1280			972	335		
平均	23.88	21.33	88.74	0.934	16.20	5.58	34.64	0.779

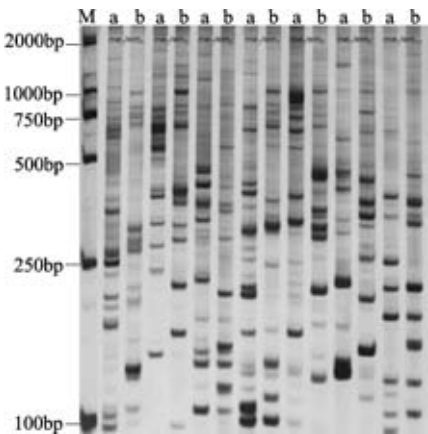


图1 部分SRAP引物对丝瓜2个自交系基因组DNA扩增结果

Fig.1 SRAP pattern amplified by part of primer combinations from two luffa inbred lines

a:有棱丝瓜自交系 28-0-0;

b:普通丝瓜自交系 37-0-1-1;M:Marker DNA

从左到右所用SRAP引物组合分别为:me2/em4~me2/em10

a: Inbred line 28-0-0;b: Inbred line 37-0-1-1;M:Marker DNA The primer combinations from left to right are:me2/em4-me2/em10

2.2 丝瓜种质DNA的SRAP-PCR扩增多态性分析

利用筛选出的60对具多态性SRAP引物组合对64份丝瓜种质基因组DNA进行了扩增,其中SRAP引物组合me1/em4对64份丝瓜种质DNA扩增图谱如图2所示。通过统计得到的结果(表2)表明,64对SRAP引物组合共扩增出1433条谱带,其中1280条为多态性谱带,平均每个引物组合扩增出23.88条谱带,产生21.33条多态性谱带;各引物多态性比率为44.44%~100%,平均多态性比率为88.74%。不同引物组合*PIC*值为0.786~0.973,平均为0.934。在56份有棱丝瓜中共扩增出972条谱带,其中多态性谱带335条,平均每对引物组合扩增出16.20条谱带,产生5.58条多态性谱带;各引物多态性比率为17.65%~55.56%,平均多态性比率为34.64%;不同引物的*PIC*值为0.245~0.942,平均为0.779。

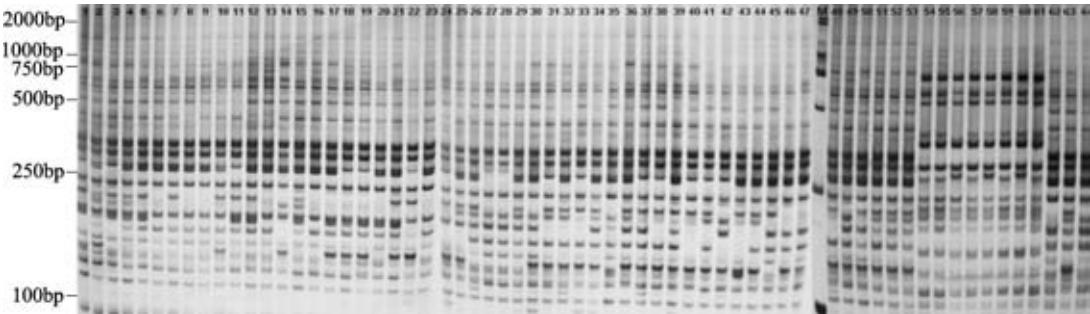


图2 SRAP 引物组合 me1/em4 对 64 份丝瓜种质 DNA 扩增图谱

Fig.2 Amplifications of 64 germplasm of luffas using SRAP primer combination me1/em4

1 ~ 64;材料编号

1 ~ 64;Cultivar code

2.3 丝瓜种质的聚类分析

聚类结果如图 3 所示,64 份丝瓜种质的遗传相似系数为 0.17 ~ 0.98。在相似系数 0.17 处,将 64 份丝瓜种质分为 2 大类群,即有棱丝瓜和普通丝瓜,表明有棱丝瓜和普通丝瓜亲缘关系较远。在相似系数 0.88 处,将 56 个有棱丝瓜种质分为 2 个亚群;在相似系数 0.94 处,将 8 个普通丝瓜也分为 2 个亚群,表明在有棱丝瓜或普通丝瓜种内,其种质间亲缘关系较近,遗传基础相对狭窄。

26、27、28、29、30、11、45、64、35、17、21、18 和 19 的共 31 个有棱丝瓜种质。该亚群以长绿型丝瓜为主,占其中的 19 个丝瓜种质,另有编号 17、18、19、20、21、45 和 64 的 7 个丝瓜种质为短青型;编号 26、27、28、29 和 30 的 5 个丝瓜种质为短青麻型。

在有棱丝瓜第 2 亚群(II b)中,包括编号为 22、24、47、50、25、42、41、43、31、39、32、34、36、37、44、48、51、49、63、38、40、46、52、53 和 33 的共 25 个有棱丝瓜种质。该亚群除编号为 31 的是长绿型有棱丝瓜外,其余都是短青型或短青麻型有棱丝瓜。

在普通丝瓜第 1 亚群(I a)中,包括编号为 54、56 和 58 的共 3 个普通丝瓜种质。该亚群均为长形普通丝瓜,其中编号为 54 的是特长普通丝瓜,平均长度为 120cm。

在普通丝瓜第 2 亚群(I b)中,包括编号为 55、59、57、61 和 60 的共 5 个普通丝瓜种质。该亚群均为短状普通丝瓜,平均长度均不超过 45cm。

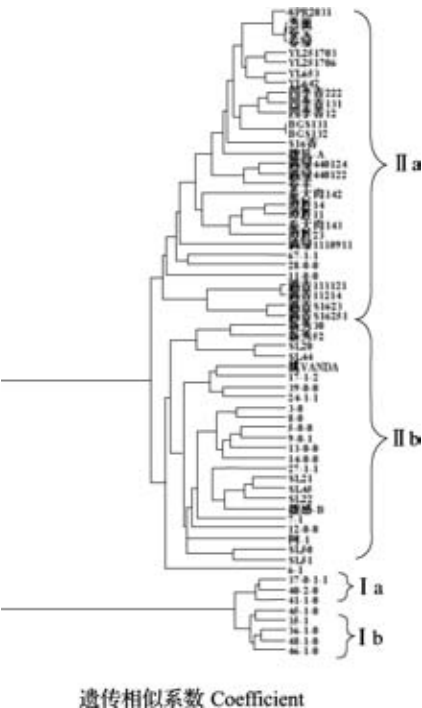


图3 64 份丝瓜种质 UPGMA 聚类图

Fig.3 A dendrogram of 64 Luffa accessions generated by UPGMA method

在有棱丝瓜第 1 亚群(II a)中,包括编号为 1、3、4、15、5、6、12、13、7、9、8、16、23、20、62、2、10、14、

3 讨论

作物遗传多样性的评估对于育种程序的制定和基因资源的保护具有重要意义^[8]。通常可利用形态学特征、系谱关系及分子标记等方法来研究作物的遗传多样性,其中由 Li 等^[9]开发的 SRAP 标记,现已广泛应用于多种植物的遗传多样性研究,如西葫芦^[10]、西瓜^[11]、辣椒^[12]、小麦^[13]、菠萝^[14]、甜瓜^[15]、大花蕙兰^[16]、梅^[17]、鸭茅^[18]等,并且普遍认为该方法简单、可靠和有效。

SRAP 标记的平均 PIC 值可反映引物的多态性水平和鉴别能力。PIC > 0.5 被认为是高多态性信息引物^[19-20],对于有棱丝瓜,平均每对引物可扩增出 16.20 条谱带,平均提供 5.58 个多态性位点,平均多态率为 34.64%。本试验所用 SRAP 不同引物

组合对有棱丝瓜的平均 *PIC* 值为 0.779。可见,虽然 SRAP 引物组合对 56 份有棱丝瓜扩增谱带的平均多态率比在 64 份丝瓜中的平均多态率低,但是其平均 *PIC* 值没有降低太多,说明鉴别能力没有降低。

本试验研究结果表明,丝瓜种质之间的遗传相似系数为 0.17 ~ 0.98。一方面说明丝瓜种质之间具有较为丰富的遗传多样性,但是细分之后发现这种多样性主要来自于有棱丝瓜与普通丝瓜之间的较远亲缘关系。因此,试验结果将 64 份丝瓜种质分为有棱丝瓜和普通丝瓜 2 大类群。这与夏军辉等^[2]、刘军等^[3]的研究结果相一致。另一方面,普通丝瓜种内各种质之间的遗传相似系数为 0.93 ~ 0.96,有棱丝瓜种内各种质之间的相似系数为 0.84 ~ 0.98,结果同时表明在普通丝瓜或有棱丝瓜种内各种质之间的亲缘关系较近,其遗传背景相对比较狭窄。本试验的研究结果还表明,将有棱丝瓜种质可以再分为以长形绿果皮为主的长绿型和短青型或短青麻型 2 个亚群,这与长期的栽培生产及消费习惯基本一致。对于在以长绿型丝瓜为主的有棱丝瓜第 1 亚群(Ⅱa)中,同时存在短青型或短青麻型有棱丝瓜,以及在短青型或短青麻型有棱丝瓜第 2 亚群(Ⅱb)中,存在编号为 31 的长绿型有棱丝瓜的现象,可能由于其中供试材料是用不同类型经过杂交选育获得的。因此,为了拓宽有棱丝瓜遗传背景以及获得有棱丝瓜优异种质,除了应该进一步发掘、收集和利用丝瓜野生材料以外,也可以适当利用有棱丝瓜和普通丝瓜以及利用长绿型有棱丝瓜和短青型或短青麻型有棱丝瓜相互杂交,然后进行培育的途径。

参考文献

[1] 王益奎,黎炎,李文嘉.我国丝瓜资源及遗传育种研究进展[J].北方园艺,2009(4):121-124
[2] 苏小俊,单奇伟,安林海,等.普通丝瓜和有棱丝瓜种间 F₁ 主

要性状表达[J].浙江农业科学,2009(2):249-251
[3] 夏军辉,向长萍.丝瓜种质资源遗传多样性的形态和 RAPD 标记分析[J].中国蔬菜,2008(10):21-25
[4] 刘军,许美荣,赵志伟,等.丝瓜种质资源遗传多样性的 SSR 与 SRAP 分析[J].中国瓜菜,2010(2):1-4
[5] 苏小俊,徐海,陈龙正,等.丝瓜种质资源亲缘关系的 ISSR 分析[J].南京农业大学学报,2010,33(3):42-46
[6] 陈洁,苏小俊,安林海,等.丝瓜 DNA 的提取与质量鉴定[J].江苏农业科学,2008(5):61-62
[7] 吴红,林清,雷开荣,等.丝瓜 SRAP-PCR 体系建立与优化[J].中国农学通报,2009,25(4):30-34
[8] Soleimani V D, Baum B R, Johnson D A. AFLP and pedigree-based genetic diversity estimates in modern cultivars of durum wheat [*Triticum turgidum* L. subsp. *durum* (Desf.) Husn] [J]. Theor Appl Genet, 2002, 104:350-357
[9] 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
[10] 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
[11] 李严,张春庆.西瓜杂交种遗传多态性的 SRAP 标记分析[J].园艺学报,2005,32(4):643-647
[12] 张素勤,耿广东,周贤婷,等.贵州辣椒种质资源的表型和 SRAP 分析[J].山地农业生物学报,2008,27(3):228-232
[13] 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
[14] 窦美安,邱文武,吴青松,等.菠萝遗传多样性的 SRAP 分析[J].果树学报,2010,27(6):930-937
[15] 陈芸,李冠,王贤磊.甜瓜种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J].遗传,2010,32(7):744-751
[16] 马红勃,赖鋈英,许旭明,等.基于 SRAP 标记的大花蕙兰种质资源遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(4):551-556
[17] 张俊卫,毛庆山,包满珠.梅遗传多样性的 SRAP 分析[J].园艺学报,2011,38(1):117-124
[18] 曾兵,左福元,张新全,等.鸭茅种质资源遗传多样性的 SRAP 研究[J].植物遗传资源学报,2011,12(5):709-715
[19] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms [J]. Am J Hum Genet, 1980, 32(3):314-331
[20] Smith J S C, Chin E C L, Shu H, et al. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPS and pedigree [J]. Theor Appl Genet, 1997, 95:163-173