

# 锥栗种质资源遗传多样性的 SRAP 分析

向 晖<sup>1,2</sup>, 袁德义<sup>1</sup>, 范晓明<sup>1</sup>, 朱周俊<sup>1</sup>, 贾宝光<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>中南林业科技大学/经济林育种与栽培国家林业局重点实验室, 长沙 410004; <sup>2</sup>衡阳市林业局, 衡阳 421001)

**摘要:**应用 SRAP 分子标记法, 采用筛选出的 15 个引物组合, 对采自湖南、浙江、四川、贵州、福建 5 省的 17 个野生锥栗居群资源及 23 份锥栗栽培品种进行了遗传多样性分析, 旨在为锥栗遗传背景分析和种质创新提供依据。17 个野生锥栗居群共扩增出 221 个位点, 平均多态性位点数为 155.06, 多态性位点百分率为 70.16%。总遗传多样性指数(Ht)、居群内遗传多样性指数(Hs)、Nei's 基因多样性指数、Shannon's 信息指数分别为 0.3636、0.2466、0.2460、0.3677, 说明野生锥栗居群具有较高的遗传多样性和变异度。其中, 衡山(HS)居群的多态性位点百分率最高, 为 85.07%, 吉首小溪村(JS)居群次之, 为 83.26%, 表明衡山、湘西一带为湖南省野生锥栗居群遗传多样性最丰富的区域。UPGMA 聚类分析表明, 浏阳溪江居群和衡山居群间的遗传相似性最大, 亲缘关系最近; 贵州黎平居群和岳阳月田镇居群间的遗传相似性最小, 遗传差异较大。23 个锥栗品种多态性位点百分率占比为 89.14%, 遗传相似性系数在 0.66~0.85 之间, 且在遗传相似性系数 0.66 处, 大尖嘴单独聚为一类, 反映出它的遗传基础与其他品种具有较大的差异; 在遗传相似性系数 0.85 处, 华栗 2 号和铁锥被聚为一类, 表明这 2 个品种亲缘关系最近, 遗传差异最小。此外, 还构建了 Em1-Me2、Em2-Me1、Em2-Me2 和 Em2-Me3 共 4 个引物组合的 SRAP 数字指纹图谱, 为锥栗品种的快速鉴定提供了参考依据。

**关键词:** 锥栗; 居群; 品种; 遗传多样性; SRAP

## The Analysis of Genetic Diversity of *Castanea henryi*(Skan) Rehder & E. H. Wilson by Using SRAP

XIANG Hui<sup>1,2</sup>, YUAN De-yi<sup>1</sup>, FAN Xiao-ming<sup>1</sup>, ZHU Zhou-jun<sup>1</sup>, JIA Bao-guang<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>The State Key Laboratory of Economic Forest Breeding and Cultivation of the State Forestry Administration/Central South University of Forestry and Technology, Changsha 410004; <sup>2</sup>Forestry Bureau of Hengyang City, Hengyang 421001)

**Abstract:** Applied with the SRAP molecular labeling method and 15 selected primer combinations, this paper analyzes 23 cultivars of *Castanea henryi*(Skan) Rehder & E. H. Wilson and 17 populations resources of wild *Castanea henryi*(Skan) Rehder & E. H. Wilson in 5 provinces (Hunan, Zhejiang, Sichuan, Guizhou and Fujian), aiming to provide a basis for genetic background analysis and germplasm innovation of *Castanea henryi*(Skan) Rehder & E. H. Wilson. A total of 221 sites were amplified in 17 wild *Castanea henryi*(Skan) Rehder & E. H. Wilson populations, with the average number and ratio of polymorphic loci being 155.06 and 70.16%. The number of total genetic diversity index (Ht), intra-population genetic diversity index (Hs), Nei's genetic diversity index and Shannon's information index were respectively 0.3636, 0.2466, 0.2460 and 0.3677, indicating relatively high genetic diversity and variability of wild *Castanea henryi*(Skan) Rehder & E. H. Wilson populations. Among them, the polymorphic rate of Hengshan (HS) population was the highest, which accounted for 85.07%, followed by Jishou (JS) Brook Village with 83.26%. This evidence suggested that populations in Hengshan and Jishou had the richest genetic diversity in Hunan province. UPGMA cluster analysis showed that Xijiang population in Liuyang and Hengshan population had the closest genetic similarity and relationship, while the contrary was the case of Liping population in Guizhou and Yuetianzhen population in

收稿日期: 2015-10-22 修回日期: 2016-03-10 网络出版日期: 2016-10-17

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20161017.1529.004.html>

基金项目: 国家“十二五”科技支撑计划课题(2013BAD14B04)

第一作者研究方向为经济林栽培育种。E-mail: wdj\_zg@163.com

通信作者: 袁德义, 研究方向为经济林栽培育种。E-mail: yuan-deyi@163.com

Yueyang. The polymorphic rate of 23 varieties of *Castanea henryi* was 89.14% and the genetic similarity coefficient was between 0.66 and 0.85. At coefficient 0.66, Dajianzui alone were clustered into one category, which reflected there was a big difference in genetic basis between Dajianzui and others. At coefficient 0.85, Huali2 and Tiezhu were clustered into one category, implying they shared the closest relationship with minimum genetic diversity. In addition, during the research, we had built a SRAP digital fingerprint for the 23 varieties of *Castanea henryi* (Skan) Rehder & E. H. Wilson by using 4 primer combinations, named Em1-Me2, Em2-Me1, Em2-Me2 and Em2-Me3, thus providing references for rapid identification of *Castanea henryi* (Skan) Rehder & E. H. Wilson varieties.

**Key words:** *Castanea henryi*; populations; varieties; genetic diversity; SRAP

锥栗 (*Castanea henryi* (Skan) Rehder & E. H. Wilson), 落叶乔木, 为壳斗科 (Fagaceae) 栗属 (*Castanea* Mill.) 植物, 木材坚硬, 纹理微密, 果实肉质细嫩甘美, 是我国重要的木本粮食树种。其原产我国中部, 长江以南野生锥栗资源丰富, 分布广泛, 遗传背景复杂。开展锥栗种质资源的遗传多样性研究, 对于挖掘利用锥栗野生种质资源和开展种质创新有着重要意义, 也有助于科学合理地评价现有品种资源。

分子标记技术以 DNA 序列多态性为基础<sup>[1]</sup>, 是 DNA 水平遗传多态性的直接反映, 在遗传多样性研究中已被广泛应用<sup>[2-7]</sup>。SRAP 是一项基于 PCR 的新型分子标记技术, 由美国加州大学蔬菜系的两位博士发明<sup>[8]</sup>, 与其他分子标记技术相比, 其操作简单, 重复性好, 具有高频率的共显性, 不需要预知物种的序列信息, 扩增条带多态性和信息量丰富, 且易于分离测序<sup>[9]</sup>。目前, 虽然 SRAP 技术已广泛应用于其他植物的研究<sup>[10-13]</sup>, 但在锥栗研究中应用甚

少。因此, 本研究以 17 个野生锥栗居群和 23 个锥栗栽培品种为研究对象, 利用 SRAP 分子标记方法, 对其进行遗传多样性研究, 旨在为充分挖掘利用锥栗野生种质资源和科学合理评价现有品种资源提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

**1.1.1 野生锥栗居群资源** 以湖南省锥栗资源为主, 兼顾长江以南的其他省份, 选取了 17 个野生锥栗居群共 221 份锥栗样本。居群选择上, 结合前期调查结果和此次研究目的与条件, 选择较有代表性、野生锥栗分布较集中、资源数量充足且方便调查取样的区域。每个居群取样数设定为 15 个, 株距为 10~30 m, 因客观原因, 如树体过高、坡度过陡、不安全等因素造成无法取样或取样株数不够的, 按实际能取株数采样, 样本详细信息见表 1。

表 1 野生锥栗居群样本信息

Table 1 The information of wild *Castanea henryi* populations

居群名称 Population name	纬度 (N) Latitude	经度 (E) Longitude	海拔 (m) Altitude	林分类型 Stand type	立地 Site	取样数 Sample size
岳阳张谷英镇 (ZGY)	29°04'	113°30'	185~580	针阔混交、落叶与常绿阔叶林	山腰	11
岳阳月田镇 (YT)	29°04'	113°35'	178~302	竹阔混交、落叶与常绿阔叶林	山腰	10
衡山 (HS)	27°16'	112°41'	394~924	落叶与常绿阔叶林	山腰	15
衡阳四方山林场 (SFS)	26°57'	113°03'	432~462	竹阔混交	山顶	15
郴州汝城 (RC)	25°33'	113°39'	200~350	落叶与常绿阔叶林	山底	10
张家界桑植县 (SZ)	29°40'	109°55'	912~1075	落叶与常绿阔叶林	山顶	13
张家界慈利县 (CL)	29°25'	110°56'	635~657	落叶与常绿阔叶林	山腰	15
吉首芙蓉镇小溪村 (JS)	28°48'	110°15'	533~794	落叶与常绿阔叶林	山腰	12
永顺县长官镇集坪村 (JP)	28°49'	110°07'	405~610	落叶与常绿阔叶林	山腰	15
怀化沅陵县芦洞村 (YL)	28°10'	110°29'	415	针阔混交、落叶与常绿阔叶林	山腰	12
怀化鹤城区板栗坪村 (HC)	27°39'	109°51'	259	针阔混交、落叶与常绿阔叶林	山腰	15
浏阳溪江 (XJ)	28°18'	113°39'	261~355	落叶与常绿阔叶林	山腰	15
浏阳大围山镇 (DWSZ)	28°30'	113°58'	370~431	落叶与常绿阔叶林、竹阔混交	山顶	12
浏阳大围山景区 (DWS)	28°25'	113°4'	807~1158	落叶与常绿阔叶林、竹阔混交	山腰	11
四川青城山 (QCS)	30°53'	103°34'	300~750	落叶与常绿阔叶林	山腰	15
浙江白云山 (BYS)	28°29'	119°54'	200~650	落叶与常绿阔叶林	山腰	15
贵州黎平县 (GZ)	26°09'	109°03'	623~845	落叶与常绿阔叶林	山腰	10

**1.1.2 锥栗品种资源** 选取了福建和湖南 2 个锥栗品种主栽区的 23 份样本材料,其中福建省 10 份,

湖南省 13 份,样本具体信息见表 2。

表 2 锥栗品种信息

Table 2 The information of *Castanea henryi* varieties

编号 Number	品种名 Name	来源地 Source	编号 Number	品种名 Name	来源地 Source
1	油榛	福建	13	温阳红	湖南
2	大尖嘴	福建	14	毛榛	湖南
3	白露仔	福建	15	北榛	湖南
4	小尖嘴	福建	16	圆蒂仔	湖南
5	黄油	福建	17	厚蕊仔	湖南
6	乌壳长芒	福建	18	麦寒仔	湖南
7	牛角仔	福建	19	薄壳仔	湖南
8	铁锥	福建	20	华栗 1 号	湖南
9	中尖嘴	福建	21	华栗 2 号	湖南
10	双峰仔	福建	22	华栗 3 号	湖南
11	蔓榛	湖南	23	华栗 4 号	湖南
12	材榛	湖南			

## 1.2 方法

**1.2.1 基因组 DNA 提取** 采用改良 CTAB 法,利用北京天根生物工程有限公司提供的植物基因组 DNA 提取试剂盒(离心柱式),提取锥栗样本的基因组 DNA。

**1.2.2 PCR 反应体系及程序** PCR 反应体系: 20  $\mu$ L 体系中,模板 DNA 浓度 40 ng, Taq 酶浓度 2.0 U,  $Mg^{2+}$  浓度 1.8 mmol/L, dNTP 浓度 280  $\mu$ mol/L, 引物浓度 0.6  $\mu$ mol/L。PCR 反应程序: 94  $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94  $^{\circ}$ C 1 min, 35  $^{\circ}$ C 1 min, 72  $^{\circ}$ C 1 min, 共 5 个循环; 94  $^{\circ}$ C 1 min, 50  $^{\circ}$ C 1 min, 72  $^{\circ}$ C 1 min, 共 35 个循环; 72  $^{\circ}$ C 再延伸 10 min, 4  $^{\circ}$ C 保存。

**1.2.3 数据统计分析** 从 100 个引物组合中筛选出 15 个引物组合,对所有样本进行扩增。人工读取扩增电泳图,记录位点上的每一条清晰条带,有条带的记为“1”,没条带或条带模糊的记为“0”,并导入 0-1 二元矩阵表。根据 0-1 矩阵,计算引物的品种鉴别率,并利用 POPGENE Version 1.32、NTSYS Version 2.1 等软件分析样本的遗传多样性。

## 2 结果与分析

### 2.1 野生锥栗居群分析

**2.1.1 遗传多样性** 15 个引物组合共扩增出 221 个位点,平均多态性位点数为 155.06,多态性位点

百分率为 70.16%。其中,衡山(HS)居群的多态性位点百分率最高,为 85.07%;其次为吉首芙蓉镇小溪村(JS)居群,为 83.26%;岳阳月田镇(YT)居群最低,为 42.99%。居群观测等位基因数为 1.7016,有效等位基因数为 1.4267,相差不多,而居群的 Shannon's 信息指数( $I^*$ )均大于 Nei's 基因多样性指数( $h^*$ ),说明遗传变异在野生锥栗居群内分布较均匀<sup>[14]</sup>。由表 3 可知,野生锥栗居群具有极高的遗传多样性和变异度,且衡山、湘西一带为湖南省野生锥栗居群遗传多样性最丰富的区域。

**2.1.2 居群间遗传分化** 遗传分化结果如表 4。17 个居群总遗传多样性指数( $H_t$ )为 0.3636,居群内遗传多样性指数( $H_s$ )为 0.2466,居群间遗传多样性指数( $D_{st}$ )为 0.1170。17 个居群间的基因分化系数( $G_{st}$ )为 0.3217,居群间基因流( $Nm^*$ )为 1.0541,表明 17 个野生锥栗居群间基因交流频繁,且种级水平上有 67.83% 的遗传变异存在于居群内部。

**2.1.3 遗传距离与聚类分析** 利用 POPGENE Version 1.32 与 NTSYS 2.1 软件进行遗传距离与聚类分析(图 1,表 4),在遗传距离 0.24 处,17 个野生锥栗居群被分为两大类,分别记为 I 类和 II 类。其中,贵州居群单独聚为第 I 类,其与岳阳月田镇居群间的遗传距离最远(0.3728),遗传相似性最小(0.6888),

表 3 野生锥栗居群的遗传多样性指数

Table 3 The genetic diversity index of wild *Castanea henryi* (Skan) Rehder & E. H. Wilson populations

居群名称 Population name	多态性位点数 Polymorphic loci	多态性位点	观测等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	Nei's 基因 多样性指数 h*	Shannon's 信息指数 I*
		百分率(%) Percentage of polymorphic loci				
岳阳张谷英镇(ZGY)	170	76.92	1.7692 ± 0.4223	1.4764 ± 0.3788	0.2736 ± 0.1947	0.4065 ± 0.2692
岳阳月田镇(YT)	95	42.99	1.4299 ± 0.4962	1.2774 ± 0.3818	0.1579 ± 0.2013	0.2342 ± 0.2876
衡山(HS)	188	85.07	1.8507 ± 0.3572	1.4969 ± 0.3473	0.2917 ± 0.1773	0.4371 ± 0.2423
衡阳四方山林场(SFS)	165	74.66	1.7466 ± 0.4359	1.4882 ± 0.3860	0.2780 ± 0.1964	0.4109 ± 0.2727
郴州汝城(RC)	137	61.99	1.6199 ± 0.4865	1.4145 ± 0.4090	0.2335 ± 0.2095	0.3443 ± 0.2943
张家界桑植县(SZ)	179	81.00	1.8100 ± 0.3932	1.5056 ± 0.3840	0.2873 ± 0.1934	0.4259 ± 0.2637
张家界慈利县(CL)	179	81.00	1.8100 ± 0.3932	1.4700 ± 0.3602	0.2753 ± 0.1847	0.4132 ± 0.2543
吉首芙蓉镇小溪村(JS)	184	83.26	1.8326 ± 0.3742	1.5353 ± 0.3723	0.3043 ± 0.1865	0.4496 ± 0.2536
永顺县长官镇集坪村(JP)	141	63.80	1.6380 ± 0.4817	1.3423 ± 0.3700	0.2015 ± 0.1972	0.3050 ± 0.2787
怀化沅陵县芦洞村(YL)	109	49.32	1.4932 ± 0.5011	1.3095 ± 0.3864	0.1772 ± 0.2037	0.2636 ± 0.2901
怀化鹤城区板栗坪村(HC)	149	67.42	1.6742 ± 0.4697	1.4336 ± 0.3957	0.2473 ± 0.2034	0.3665 ± 0.2849
浏阳溪江(XJ)	171	77.38	1.7738 ± 0.4193	1.4582 ± 0.3645	0.2676 ± 0.1898	0.4003 ± 0.2641
浏阳大围山镇(DWSZ)	176	79.64	1.7964 ± 0.4036	1.4386 ± 0.3648	0.2584 ± 0.1868	0.3908 ± 0.2568
浏阳大围山景区(DWS)	151	68.33	1.6833 ± 0.4663	1.4158 ± 0.3800	0.2420 ± 0.1965	0.3622 ± 0.2763
四川青城山(QCS)	137	61.99	1.6199 ± 0.4865	1.4064 ± 0.4006	0.2306 ± 0.2082	0.3407 ± 0.2934
浙江白云山(BYS)	173	78.28	1.7828 ± 0.4133	1.4863 ± 0.3444	0.2848 ± 0.1858	0.4227 ± 0.2611
贵州黎平县(GZ)	132	59.73	1.5973 ± 0.4916	1.3025 ± 0.3551	0.1813 ± 0.1902	0.2779 ± 0.2706
平均值 Mean	155.06	70.16	1.7016 ± 0.4407	1.4267 ± 0.3753	0.2460 ± 0.1944	0.3677 ± 0.2714

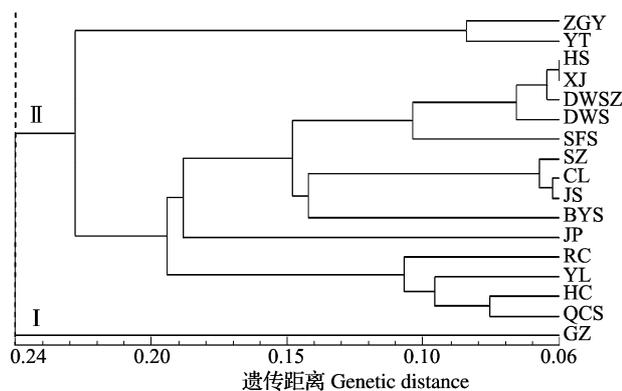


图 1 基于遗传距离的聚类图

Fig. 1 The dendrogram based on the genetic distance

表明它们之间的亲缘关系最远,也说明贵州居群与其他居群存在较远的亲缘关系,具有不同的遗传基础。在遗传距离 0.1 处,按亲缘关系远近,第 II 类又被分为 8 个组。其中,衡山、溪江、大围山镇和大围山 4 个居群被划入一组,且浏阳溪江居群和衡山居群间的遗传距离最近(0.0572),遗传相似性最大

(0.9444),表明它们之间的亲缘关系最近。居群间亲缘关系的远近与居群的地理分布相关,地理距离越近,由地理产生的阻碍越小,居群间的基因交流越容易发生。

## 2.2 锥栗品种分析

**2.2.1 遗传多样性** 15 个引物组合扩增片段大小主要集中在 150~2500 bp 的区间,共扩增出 221 个位点,多态性位点 197 个,多态性位点百分率为 89.14%,其中,引物组合 C13、C22、C42、C87、C89 的多态性位点百分率均为 100%(表 5)。说明锥栗基因组 DNA 中 SRAP 位点丰富,分布广泛,SRAP 分子标记方法能很好地被应用于锥栗品种遗传多样性研究中,且这 15 个引物组合对锥栗品种具有很好的鉴别率。23 个锥栗品种的观测等位基因数(Na)、有效等位基因数(Ne)、Nei's 基因多样性指数(h\*)、Shannon's 信息指数(I\*)分别为 1.8914、1.5303、0.3077、0.4591,表明锥栗品种间存在较高的遗传变异度和丰富的遗传多样性水平。

表 4 野生锥栗居群的遗传距离与相似性系数

Table 4 The genetic distance and similarity coefficient of wild *Castanea henryi* populations

popID	ZGY	YT	HS	SFS	RC	SZ	CL	JS	JP	YL	HC	XJ	DWSZ	DWS	QCS	BYS	GZ
ZGY	****	0.9152	0.8688	0.8540	0.8000	0.9095	0.8674	0.8672	0.7987	0.7954	0.8165	0.8516	0.8325	0.8350	0.8242	0.8360	0.7618
YT	0.0887	****	0.8018	0.7795	0.7315	0.8420	0.8265	0.8002	0.7043	0.7329	0.7194	0.7871	0.7448	0.7522	0.7493	0.7556	0.6888
HS	0.1406	0.2209	****	0.9253	0.8363	0.8753	0.8816	0.8991	0.8369	0.8406	0.8417	0.9444	0.9404	0.9192	0.8528	0.8898	0.7985
SFS	0.1579	0.2491	0.0777	****	0.8121	0.8603	0.8641	0.8902	0.7921	0.8078	0.8309	0.8994	0.8923	0.8778	0.8309	0.8723	0.7872
RC	0.2231	0.3127	0.1788	0.2081	****	0.8366	0.8457	0.8532	0.8174	0.9000	0.8912	0.8258	0.8196	0.8055	0.8969	0.8151	0.7992
SZ	0.0949	0.1719	0.1332	0.1504	0.1784	****	0.9380	0.9384	0.8685	0.8105	0.8536	0.8529	0.8373	0.8362	0.8310	0.8634	0.7976
CL	0.1422	0.1905	0.1261	0.1461	0.1676	0.0640	****	0.9424	0.8443	0.8125	0.8243	0.8632	0.8299	0.8249	0.8240	0.8673	0.7787
JS	0.1425	0.2229	0.1063	0.1163	0.1587	0.0636	0.0593	****	0.8614	0.8197	0.8633	0.8790	0.8697	0.8587	0.8493	0.8714	0.8230
JP	0.2248	0.3506	0.1781	0.2331	0.2016	0.1410	0.1693	0.1493	****	0.7869	0.8151	0.8262	0.8177	0.8163	0.7967	0.8207	0.8017
YL	0.2289	0.3107	0.1736	0.2134	0.1053	0.2101	0.2076	0.1988	0.2397	****	0.9061	0.8219	0.8210	0.8040	0.9046	0.8130	0.7724
HC	0.2027	0.3294	0.1723	0.1853	0.1152	0.1583	0.1932	0.1470	0.2044	0.0986	****	0.8337	0.8403	0.8163	0.9225	0.8420	0.7957
XJ	0.1606	0.2394	0.0572	0.1060	0.1914	0.1592	0.1471	0.1289	0.1909	0.1961	0.1819	****	0.9407	0.9349	0.8355	0.8727	0.7820
DWSZ	0.1833	0.2946	0.0614	0.1139	0.1989	0.1775	0.1865	0.1396	0.2012	0.1972	0.1740	0.0612	****	0.9385	0.8368	0.8672	0.7954
DWS	0.1804	0.2848	0.0842	0.1304	0.2164	0.1789	0.1925	0.1523	0.2030	0.2181	0.2030	0.0673	0.0635	****	0.8117	0.8348	0.7639
QCS	0.1933	0.2886	0.1593	0.1853	0.1088	0.1852	0.1935	0.1633	0.2273	0.1002	0.0807	0.1798	0.1782	0.2087	****	0.8380	0.8018
BYS	0.1792	0.2802	0.1167	0.1366	0.2044	0.1468	0.1424	0.1377	0.1976	0.2070	0.1719	0.1362	0.1425	0.1806	0.1767	****	0.8248
GZ	0.2720	0.3728	0.2251	0.2393	0.2241	0.2261	0.2501	0.1948	0.2211	0.2583	0.2285	0.2459	0.2289	0.2693	0.2209	0.1926	****

左下角数据为遗传距离, 右上角数据为遗传相似性系数, 下同

The data at the bottom-left of this table is the genetic distance. The data at the upper-right of this table is the similarity coefficient. The same as below

表 5 锥栗品种的引物多态性参数

Table 5 Polymorphic primers parameters of *Castanea henryi* varieties

编号 Number	引物组合 Primer combination	总位点数 Total loci	多态性位点数 Polymorphic loci	多态性位点百分率(%) Percentage of polymorphic loci
C2	Em1-Me2	21	20	95.24
C3	Em1-Me3	13	12	92.31
C11	Em2-Me1	13	10	76.92
C12	Em2-Me2	18	16	88.89
C13	Em2-Me3	14	14	100
C22	Em3-Me2	14	14	100
C25	Em3-Me5	16	10	62.50
C42	Em5-Me2	13	13	100
C61	Em7-Me1	14	12	85.71
C63	Em7-Me3	15	14	93.33
C87	Em9-Me7	13	13	100
C89	Em9-Me9	14	14	100
C90	Em9-Me10	12	9	75
C96	Em10-Me6	14	12	85.71
C100	Em10-Me10	17	14	82.35
合计 Total	—	221	197	89.14

**2.2.2 遗传距离与聚类分析** 图 2 和表 6 分别为 23 个锥栗品种的聚类图、遗传距离信息和遗传相似性信息。从图表中可知,23 个品种的遗传距离变化范围为 0.1404 ~ 0.5738,平均变幅为 0.3571,表明 23 个锥栗品种间存在一定的遗传变异。在遗传相似性系数为 0.66 处,大尖嘴独立于其他 22 个锥栗品种,被单独聚为 I 类,说明它的遗传基础与其他品

种有较大的差异;在相似性系数为 0.75 处,第 II 类又被分为 9 个组。其中,华栗 2 号、铁锥、北榛和毛榛被划入一组,且华栗 2 号与铁锥的遗传相似性系数最大(0.8507),说明华栗 2 号与铁锥的亲缘关系最近,遗传差异最小;而华栗 3 号与油榛、温阳红有着较小的相似性系数(0.5792),说明它们之间的亲缘关系疏远。

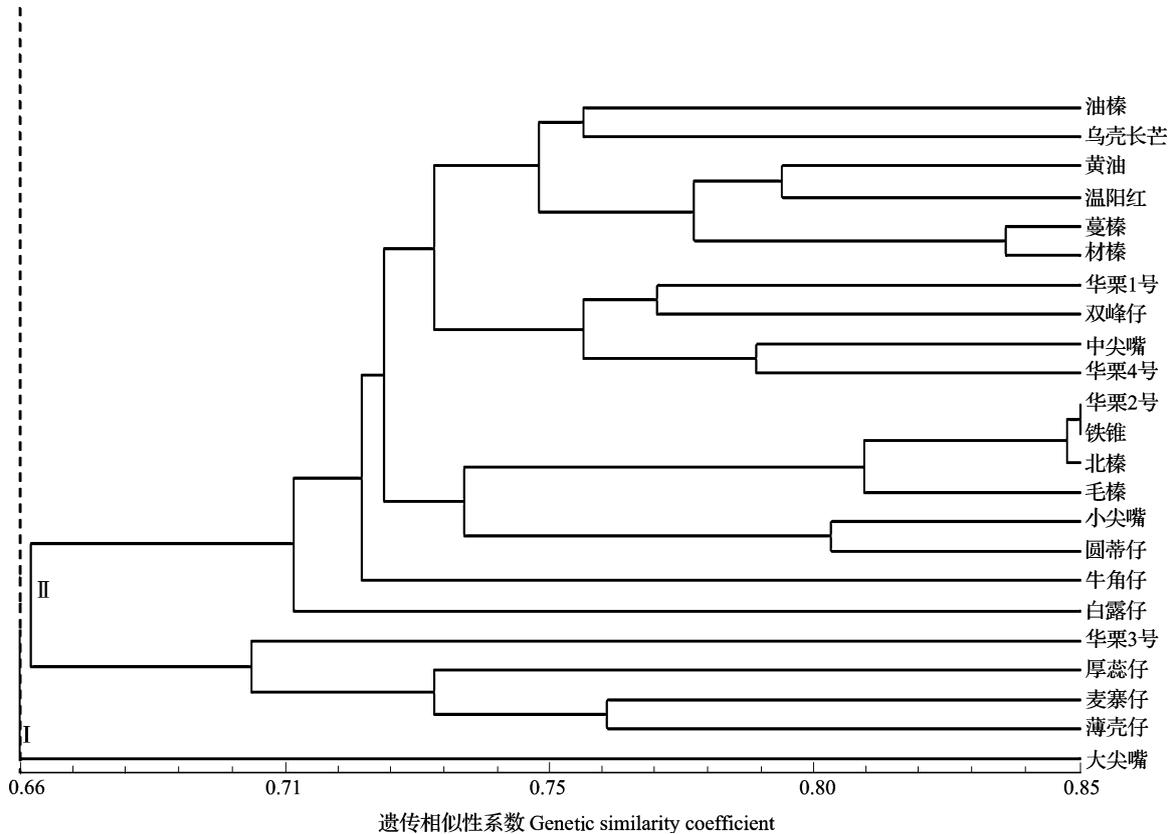


图 2 锥栗品种聚类图  
Fig. 2 Hierarchical diagram of *Castanea henryi* varieties

**2.2.3 锥栗品种鉴别与指纹图谱构建** 15 个引物组合鉴别结果如表 7 所示。其中,引物组 C2、C11、C12 和 C13 的品种鉴别率为 100%,因此,通过这 4 个引物组合,构建了 23 个锥栗品种的 DNA 数字指纹图谱(图 3 和表 8),为快速鉴别锥栗品种资源及锥栗遗传背景分析提供了依据。

### 3 讨论

#### 3.1 野生锥栗居群的遗传多样性

本研究利用筛选出的 15 个引物组合对 17 个野生锥栗居群的 221 个样本进行扩增,共扩增出 221 个位点,多态性位点百分率为 100%,略高于引物筛选阶段的 96.05%,也略高于刘国彬<sup>[15]</sup>研究的 99.74%。造成偏差的原因主要有 3 个方面:一是较

之引物筛选阶段,样本数大量增加;二是条带统计时人工读带造成主观偏差;三是取样不同和不同的分子标记手段会产生不同的试验结果。SRAP 是一种基于 PCR 且适用性广的新型分子标记技术,目前已成功应用于甜菜、牡丹、野牛草、苹果、柑橘、樱桃等植物的遗传图谱构建、品种鉴定以及遗传多样性研究中<sup>[16-23]</sup>。该分子标记由正反引物组合同时特异性地对启动子、内含子和外显子区域进行扩增,从而产生更丰富的多态性<sup>[9,21,24-25]</sup>。

通过统计分析,居群遗传多样性水平为 70.16%,高于蕙兰的 59.40%<sup>[26]</sup>、珙桐的 54.78%<sup>[27]</sup>、杜仲的 45.25%<sup>[28]</sup>等。无论是在物种水平上,还是在居群水平上,本研究结果均反映出野生锥栗具有非常丰富的遗传多样性水平和极高的遗传变异度。原因是多方

表 6 锥栗品种的遗传距离与相似性系数

Table 6 The genetic distance and similarity coefficient of *Castanea henryi* varieties

	油榛	大尖嘴	华栗 2 号	华栗 白露仔	小尖嘴	黄油	乌壳 长芒	华栗 1 号	牛角仔	铁锥	中央嘴	双峰仔	华栗 4 号	蔓榛	材榛	温阳红	毛榛	北榛	圆蒂仔	华栗 3 号	厚蕊仔	麦寒仔	薄壳仔
油榛	****	0.7104	0.7511	0.7149	0.7376	0.7602	0.7014	0.7014	0.7014	0.7557	0.7014	0.6833	0.6561	0.7421	0.7421	0.7738	0.6697	0.7059	0.7421	0.5792	0.6833	0.7330	0.6878
大尖嘴	0.3427	****	0.6425	0.6968	0.7014	0.6425	0.6697	0.6018	0.6109	0.6833	0.6833	0.6561	0.6199	0.6697	0.6697	0.6652	0.6606	0.6335	0.6425	0.6154	0.6109	0.7059	0.6787
华栗 2 号	0.2495	0.3989	****	0.6923	0.7330	0.7466	0.7104	0.7240	0.7330	0.8507	0.7059	0.7059	0.7240	0.7557	0.6833	0.6878	0.7828	0.8462	0.7195	0.6561	0.6425	0.6923	0.7195
白露仔	0.3347	0.3820	0.3305	****	0.7421	0.7466	0.7104	0.6878	0.6787	0.7149	0.7421	0.7149	0.6425	0.7376	0.7557	0.6968	0.7104	0.6652	0.6742	0.5837	0.5792	0.7014	0.6290
小尖嘴	0.2964	0.3643	0.2744	0.3045	****	0.7149	0.7149	0.6923	0.6833	0.7828	0.7466	0.7376	0.7285	0.7330	0.7330	0.7104	0.6968	0.7149	0.8054	0.6516	0.6742	0.7240	0.6968
黄油	0.2337	0.3889	0.2343	0.2554	0.2893	****	0.7557	0.7873	0.7059	0.7330	0.7511	0.7330	0.7602	0.8100	0.7195	0.7964	0.6923	0.7466	0.7104	0.6018	0.6335	0.7195	0.6652
乌壳长芒	0.2473	0.3757	0.2848	0.3190	0.3070	0.2301	****	0.7330	0.7330	0.7421	0.7149	0.7602	0.7059	0.7647	0.7195	0.7511	0.7104	0.7285	0.7014	0.5928	0.6697	0.7104	0.6471
华栗 1 号	0.3207	0.4785	0.2706	0.3514	0.3381	0.1977	0.2679	****	0.7104	0.7466	0.7828	0.7738	0.7285	0.8054	0.7330	0.7376	0.7059	0.7421	0.6968	0.5882	0.6380	0.6697	0.6425
牛角仔	0.3242	0.4704	0.2625	0.3684	0.3541	0.2877	0.2704	0.2985	****	0.7376	0.7104	0.7195	0.7647	0.7421	0.6968	0.7285	0.6697	0.7511	0.7330	0.6154	0.6561	0.6606	0.6425
铁锥	0.2649	0.3773	0.1404	0.3308	0.2360	0.2627	0.2666	0.2626	0.2763	****	0.7557	0.7285	0.7014	0.7602	0.7511	0.7195	0.8235	0.8507	0.7511	0.6697	0.6742	0.7149	0.7602
中央嘴	0.3382	0.3820	0.3030	0.2975	0.2846	0.2438	0.3020	0.2223	0.3127	0.2649	****	0.7557	0.7919	0.7511	0.7511	0.6833	0.7059	0.7421	0.7059	0.6244	0.6199	0.6697	0.6335
双峰仔	0.3667	0.4280	0.3053	0.3387	0.2996	0.2661	0.2492	0.2346	0.3039	0.3021	0.2703	****	0.7738	0.7692	0.7602	0.7285	0.7059	0.7511	0.6968	0.6335	0.6290	0.6878	0.6606
华栗 4 号	0.3757	0.4450	0.2684	0.4100	0.2882	0.2245	0.2969	0.2719	0.2331	0.3145	0.2096	0.2319	****	0.7602	0.7149	0.7104	0.7059	0.7692	0.7059	0.6335	0.6290	0.6787	0.6425
蔓榛	0.2636	0.3852	0.2382	0.2911	0.2909	0.1762	0.2352	0.1912	0.2648	0.2505	0.2636	0.2439	0.2391	****	0.8371	0.8145	0.7195	0.7738	0.7195	0.5928	0.6244	0.6923	0.6652
材榛	0.2919	0.4145	0.3373	0.2875	0.3106	0.2848	0.3025	0.2871	0.3375	0.2770	0.2801	0.2713	0.3064	0.1673	****	0.7783	0.7466	0.7014	0.7285	0.5928	0.6425	0.6833	0.6742
温阳红	0.2277	0.3749	0.3070	0.3308	0.3073	0.1858	0.2429	0.2591	0.2717	0.2892	0.3365	0.2827	0.2877	0.1780	0.2263	****	0.6878	0.7330	0.7511	0.5792	0.6652	0.6968	0.6606
毛榛	0.3960	0.4339	0.2181	0.3553	0.3651	0.3201	0.3166	0.3244	0.3777	0.1896	0.3441	0.3481	0.3205	0.3123	0.2969	0.3402	****	0.8281	0.7376	0.6290	0.6244	0.6471	0.7104
北榛	0.3133	0.4276	0.1410	0.3804	0.3070	0.2397	0.2719	0.2576	0.2495	0.1453	0.2688	0.2600	0.2251	0.2250	0.3257	0.2631	0.1742	****	0.7738	0.6561	0.6606	0.6833	0.7557
圆蒂仔	0.2805	0.4357	0.2834	0.3863	0.2075	0.2878	0.3148	0.3222	0.2806	0.2666	0.3270	0.3423	0.3076	0.2987	0.3048	0.2509	0.2956	0.2288	****	0.6471	0.7692	0.7014	0.7014
华栗 3 号	0.5270	0.4966	0.3698	0.5478	0.4236	0.4336	0.4733	0.4829	0.4479	0.3836	0.4550	0.4463	0.4119	0.4846	0.5198	0.4851	0.4662	0.3829	0.4139	****	0.6878	0.6923	0.7195
厚蕊仔	0.3781	0.5203	0.3958	0.5738	0.4007	0.3983	0.3725	0.4198	0.3987	0.3868	0.4748	0.4660	0.4278	0.4480	0.4525	0.3719	0.4878	0.3851	0.2558	0.3782	****	0.7059	0.7602
麦寒仔	0.3155	0.3768	0.3350	0.3815	0.3365	0.2915	0.3239	0.3828	0.4011	0.3369	0.4083	0.3857	0.3651	0.3578	0.4000	0.3357	0.4639	0.3612	0.3540	0.3813	0.3722	****	0.7647
薄壳仔	0.3697	0.4054	0.2938	0.4831	0.3651	0.3547	0.4025	0.4114	0.4164	0.2678	0.4509	0.4143	0.4065	0.3864	0.4008	0.3765	0.3514	0.2594	0.3444	0.3309	0.2830	0.2841	****

表 7 锥栗品种的引物鉴别结果

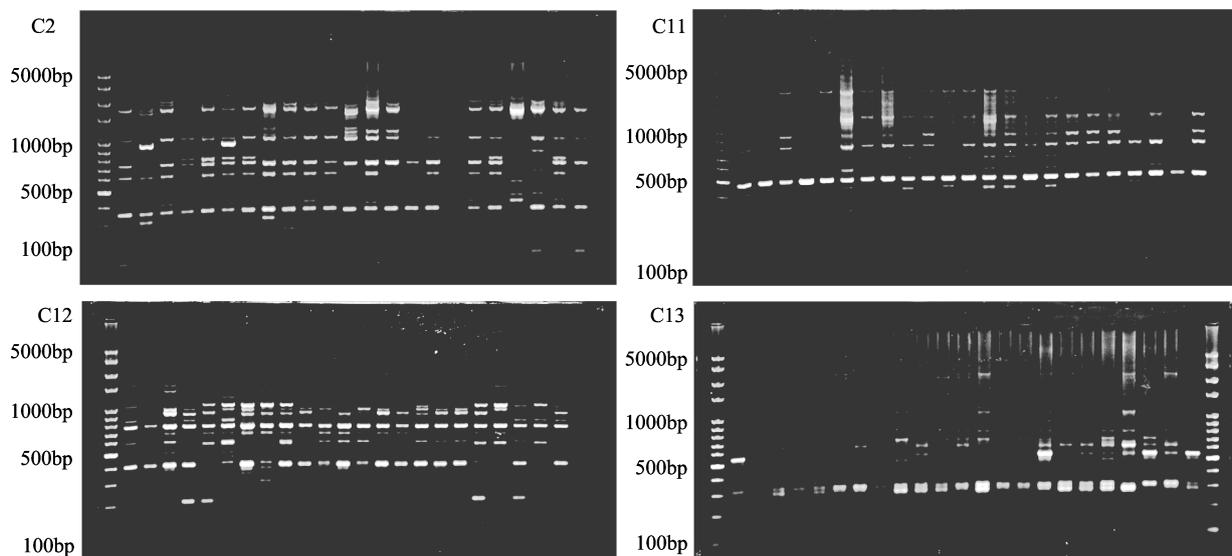
Table 7 The result of primer identification of *Castanea henryi* varieties

编号 Number	引物组合 Primer combination	可鉴别品种数 Number of identifiable species	鉴别率(%) Detectability
C2	Em1-Me2	23	100
C3	Em1-Me3	19	82.61
C11	Em2-Me1	23	100
C12	Em2-Me2	23	100
C13	Em2-Me3	23	100
C22	Em3-Me2	21	91.30
C25	Em3-Me5	15	65.22
C42	Em5-Me2	11	47.83
C61	Em7-Me1	21	91.30
C63	Em7-Me3	15	65.22
C87	Em9-Me7	21	91.30
C89	Em9-Me9	11	47.83
C90	Em9-Me10	7	30.43
C96	Em10-Me6	9	39.13
C100	Em10-Me10	20	86.96

面的:(1)繁育系统对植物的遗传多样性有着显著影响,植物群体的遗传多样性会随着植物自交(近交)

率的提高而降低,反之,异交植物的遗传多样性则较高<sup>[29]</sup>。而锥栗属于异花授粉植物,花粉传播方式为风媒和虫媒,高杂合性导致了锥栗居群的高遗传变异度。(2)栗属植物在我国属于广适性物种,地理分布广泛。野生锥栗主要分布在长江流域及其以南的大部分地区,地理上的宽分布和不同地区小气候的差异导致了野生锥栗在长期自然选择的基础下,形成了高水平的遗传多样性和变异度<sup>[5,30-31]</sup>。(3)根据 S. Wright<sup>[32]</sup> 和 J. L. Hamrick<sup>[33]</sup> 的研究,风媒和虫媒授粉的异交类植物的基因流值最高,且当  $Nm^*$  值大于 1 时,基因流足以抵制遗传漂变的影响,防止遗传分化的发生,而当  $Nm^*$  值小于 1 时,漂变就成为了影响群体遗传结构的主导因素。由于锥栗风媒、虫媒的异交授粉特性,以及基因突变、人为采伐、引种或鸟类等动物在迁徙过程中携带了种子等因素,使得地理隔离的影响减少,频繁基因交流成为可能。通过统计分析,野生锥栗居群间基因流 ( $Nm^*$ ) 为 1.0541,大于 1,表明其居群间基因交流频繁,居群遗传多样性丰富,且种级水平上有 67.83% 的遗传变异存在于居群内部。

研究发现,湖南野生锥栗居群的多态性位点百分率、遗传多样性和聚类分析均高于其他外省居群,表明湖南的野生锥栗居群具有更为丰富的基因多样性,居群间的基因交流更频繁。本研究的 14 个湖南



点样顺序(从左至右):油榛、大尖嘴、华栗 2 号、白露仔、小尖嘴、黄油、乌壳长芒、华栗 1 号、牛角仔、铁锥、中尖嘴、双峰仔、华栗 4 号、蔓榛、材榛、温阳红、毛榛、北榛、圆蒂仔、华栗 3 号、厚蕊仔、麦寒仔、薄壳仔  
Order (from left to right): Youzhen, Dajianzui, Huali2, Bailuzi, Xiaojianzui, Huangyou, Wukechangmang, Huali1, Niujiacaozi, Tiezui, Zhongjianzui, Shuangfengzi, Huali4, Manzhen, Caizhen, Wenyanghong, Maozhen, Beizhen, Yuandizi, Huali3, Houruizi, Maihanzi, Bokezi

图 3 4 个引物组合 (C2、C11、C12、C13) 扩增的电泳结果

Fig. 3 The electrophoresis results of four primer combinations (C2, C11, C12, and C13)

表 8 锥栗品种的 DNA 数字指纹图谱

Table 8 The digital DNA fingerprint of *Castanea henryi* varieties

品种名称 Name of cultivars	编号 Code
油榛	[ C2 ]101001011101110100011-[ C11 ]0101110101001-[ C12 ]011011101101111101-[ C13 ]01010111001000
大尖嘴	[ C2 ]101011011100001100110-[ C11 ]0101110100001-[ C12 ]111010101111111101-[ C13 ]01100010010010
华栗 2 号	[ C2 ]101001101101010100011-[ C11 ]1110111111001-[ C12 ]101111101111111011-[ C13 ]01110011011001
白露仔	[ C2 ]101111100001110100100-[ C11 ]1110101100001-[ C12 ]111110100011110010-[ C13 ]01010011010011
小尖嘴	[ C2 ]101011110101110110010-[ C11 ]1100110110001-[ C12 ]111011101111001000-[ C13 ]01110011110001
黄油	[ C2 ]101001111101111100011-[ C11 ]1110111111111-[ C12 ]111111101111111101-[ C13 ]01010001011111
乌壳长芒	[ C2 ]100001011101100101111-[ C11 ]1101110100101-[ C12 ]111011100011111101-[ C13 ]01010111111100
华栗 1 号	[ C2 ]101011110101010101011-[ C11 ]1100110110101-[ C12 ]101101111011101111-[ C13 ]01011001110001
牛角仔	[ C2 ]101101111101010100011-[ C11 ]1111111100100-[ C12 ]101010100111111011-[ C13 ]011101001111100
铁锥	[ C2 ]101001111101010100011-[ C11 ]0100110110101-[ C12 ]001101101111110011-[ C13 ]01110011010001
中尖嘴	[ C2 ]001001111101000100111-[ C11 ]0110100100001-[ C12 ]111111111111010110-[ C13 ]01111000110011
双峰仔	[ C2 ]100001010001010111111-[ C11 ]1101111100101-[ C12 ]111111110111100101-[ C13 ]01010001110001
华栗 4 号	[ C2 ]001001110101000110011-[ C11 ]1111111101101-[ C12 ]101011101111010111-[ C13 ]11111000111101
蔓榛	[ C2 ]101001010101010110011-[ C11 ]1100111110101-[ C12 ]111110101011110101-[ C13 ]01010010111001
材榛	[ C2 ]101001010001010110011-[ C11 ]0100111110100-[ C12 ]101110101011110000-[ C13 ]01010010110000
温阳红	[ C2 ]101001010101110110011-[ C11 ]1100111110111-[ C12 ]111110101111111101-[ C13 ]01010111011001
毛榛	[ C2 ]00000000000000000000-[ C11 ]1110110110101-[ C12 ]101101101111110011-[ C13 ]00110011011000
北榛	[ C2 ]100001111101010100011-[ C11 ]1110111110101-[ C12 ]001111101111110011-[ C13 ]01110011011000
圆蒂仔	[ C2 ]001001110101110100011-[ C11 ]1110111110001-[ C12 ]111011101111101000-[ C13 ]011101111111000
华栗 3 号	[ C2 ]100001111110010000110-[ C11 ]0110110100001-[ C12 ]101111011111011101-[ C13 ]11101011011001
厚蕊仔	[ C2 ]101001111110110100011-[ C11 ]1111110100101-[ C12 ]111011101111101101-[ C13 ]00010111100000
麦寒仔	[ C2 ]101001111101100100011-[ C11 ]0100110100101-[ C12 ]101011101111111110-[ C13 ]01010011011011
薄壳仔	[ C2 ]101001101101010100010-[ C11 ]0110110110101-[ C12 ]001111101111111101-[ C13 ]00110111000000

野生锥栗居群样本基本覆盖整个湖南的野生锥栗分布区,其中,衡山、湘西一带居群的多态性位点百分率最高,通过对数据结果进行分析,推测湖南为野生锥栗居群的分布中心,而湘西、衡山又为湖南野生锥栗居群的分布中心。

### 3.2 锥栗品种的遗传多样性

锥栗品种的多态性位点百分率为 89.14%,在物种多态性水平上,相较于烟草 85% 的多态性<sup>[34]</sup>、茶树 88.67% 的多态性<sup>[35]</sup>、枣 85.20% 的多态性<sup>[36]</sup>等,锥栗品种的多态性位点百分率较高,反映出锥栗品种的遗传丰富度高,具有广泛的遗传范围。UPGMA 聚类分析中,来自福建、湖南两省的锥栗品种大部分均与本省品种聚为一类,说明同一省份的锥栗品种,亲缘关系较近。但也存在特殊情况,福建的大尖嘴被单独聚为第 I 类,表明其遗传基础与其他品种具有较大的差异;其余锥栗品种被共同聚为第 II 类。第 II 类中,福建的黄油和湖南的温阳红聚

为一类,福建的小尖嘴和湖南的圆蒂仔聚为一类,聚类结果并不完全与地理位置相一致,有部分品种存在地域交叉现象。锥栗品种间存在地域交流,可能与地方引种栽培、杂交育种有关;23 个锥栗品种中,华栗 2 号和铁锥的遗传距离最小,遗传相似性系数高达 0.85,表明这两个品种亲缘关系极其接近,结合其生物学特性分析,推测这两个品种存在同物异名的可能。

本研究筛选出的 15 个 SRAP 引物组合,均能有效鉴别 23 个锥栗品种,说明锥栗品种的基因组 DNA 含有丰富的 SRAP 标记基因,SRAP 分子标记技术能很好地被应用于锥栗品种的遗传多样性研究。另一方面,通过引物组合 C2、C11、C12 和 C13 构建 23 个锥栗品种的 SRAP 数字指纹图谱,既能为锥栗植株的鉴别提供快速查阅鉴定的资料,解决生产实际中存在的同物异名、同名异物等现象,又为锥栗育种研究的亲本选择及种质创新提供了参考。

## 参考文献

- [1] 袁洪. 烟草种质资源遗传多样性分析及地方种质资源评价 [D]. 重庆:西南大学,2012:1-67
- [2] 韩柏明. 基于 SSR 标记的草莓品种亲缘关系分析[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(3):428-433
- [3] 赵秀娟,宋建文,胡开林. 苦瓜种质遗传多样性的 SRAP 标记[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(1):79-85
- [4] 刘强,尹翔,杨艳,等. 白檀自然居群遗传结构与遗传多样性研究[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(4):751-758
- [5] 龚榜初,刘国彬. 锥栗自然居群遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(4):581-587
- [6] 和志娇,和加卫,程在全,等. 三叶悬钩子自然居群遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 园艺学报,2012,39(11):2142-2150
- [7] 程春明. 江西野生大豆遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(6):928-934
- [8] 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
- [9] Li G, Gao M, Yang B, et al. Gene for gene alignment between the *Brassicaceae* and *Arabidopsis* genomes by direct transcriptome mapping [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107:168-180
- [10] 郑婷婷,林萍,王开良,等. 油茶 SRAP-PCR 反应体系的优化[J]. 林业科学研究,2010,23(2):302-307
- [11] 郭大龙,罗正荣. 部分柿属植物 SRAP-PCR 反应体系的优化[J]. 果树学报,2006,23(1):138-141
- [12] 史红丽,韩明玉,赵彩平. 桃 SRAP-PCR 反应体系的建立与优化[J]. 华北农学报,2008,23(S):201-204
- [13] 徐颖,韩影,赵巍巍,等. 山梨 SRAP 反应体系的建立[J]. 湖北农业科学,2010,49(1):24-26
- [14] 马丽娟. 东北野生杏居群遗传多样性及遗传结构分析[D]. 长春:吉林农业大学,2013:1-61
- [15] 刘国彬. 锥栗自然居群及农家品种遗传多样性的 ISSR 分析[D]. 武汉:华中农业大学,2009:1-59
- [16] Nevena N L, John W, Robert L. Detection of DNA polymorphism in sugarbeet bulks by SRAP and RAPD markers[J]. J Biotechnol, 2007(S):131-132
- [17] Youssef M, James A C, Rivera M R, et al. *Musa* genetic diversity revealed by SRAP and AFLP[J]. Mol Biotechnol, 2011, 47(3):189-199
- [18] Han X Y, Wang L S, Liu Z A, et al. Characterization of sequence-related amplified polymorphism markers analysis of tree peony bud sports[J]. Sci Hort, 2008, 115:261-267
- [19] Han X Y, Wang L S, Shu Q Y, et al. Molecular characterization of tree peony germplasm using Sequence-Related Amplified Polymorphism markers[J]. Biochem Genet, 2008, 46:162-179
- [20] Budak H, Shearman R C, Parmaksiz I. Molecular characterization of buffalograss germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers[J]. Theor Appl Genet, 2004, 108:328-334
- [21] 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(2):271-282
- [22] Wu X M, Qi X H, Zhang M F, et al. Molecular phylogeny of Chinese vegetable mustard (*Brassica juncea*) based on the internal transcribed spacers (ITS) of nuclear ribosomal DNA [J]. Genet Resour Crop Evol, 2007, 54:1709-1716
- [23] 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
- [24] 张安世,邢智峰,刘永英,等. SRAP 分子标记及其应用[J]. 安徽农业科学,2007,35(9):2562-2563
- [25] Espo'sito M A, Martin E A, Cravero V P, et al. Characterization of pea accessions by SRAP's markers [J]. Sci Hort, 2007, 113:329-333
- [26] 汤秀菲. 江西省野生蕙兰遗传多样性的 ISSR 分析[D]. 南昌:南昌大学,2012:1-60
- [27] 张玉梅. 珙桐种群遗传多样性与分子谱系地理学研究[D]. 长沙:中南林业科技大学,2012:1-63
- [28] 朱晓敏. 基于 ISSRs 的安徽省杜仲资源的遗传多样性研究[D]. 合肥:安徽农业大学,2013:1-68
- [29] 文亚峰,韩文军,吴顺. 植物遗传多样性及其影响因素[J]. 中南林业科技大学学报,2011,30(12):80-87
- [30] Gehring J L, Linhart Y B. Population structure and genetic differentiation in native and introduced populations of *Deschampsia caespitosa* (Poaceae) in the Colorado alpine [J]. Am J Bot, 1992:1337-1343
- [31] Taylor D R, Aarssen L W. Complex competitive relationships among genotypes of three perennial grasses: implications for species coexistence [J]. Am Nat, 1990:305-327
- [32] Wright S. Evolution in mendelian populations [J]. Genetics, 1931, 16(2):97
- [33] Hamrick J L. Gene flow and distribution of genetic variation in plant populations [M]. New York:Academes Press, 1987:67
- [34] 王曼. 吉林省 23 份晒烟种质资源遗传多样性与亲缘关系的研究[D]. 延边:延边大学,2013:1-61
- [35] 席春奕. 30 份四川茶树主要种质资源遗传多样性和亲缘关系的 SRAP 分析[D]. 成都:四川农业大学,2012:1-38
- [36] 孙雯雯. 安徽及周边地区枣种质资源遗传多样性及系统关系研究[D]. 合肥:安徽农业大学,2011:1-58

## 欢迎订阅 2017 年《麦类作物学报》

《麦类作物学报》是由西北农林科技大学、中国作物学会、国家小麦工程技术研究中心联合主办(教育部主管)的专业性学术期刊,也是全国唯一的一份麦类作物专刊。本刊为“农业科学中文核心期刊”、“中国科技核心期刊”、“中国科技精品期刊”,现已被英国《国际农业与生物技术文摘》数据库(CABI)、美国《化学文摘》数据库(CA)、美国《剑桥科学文摘》数据库(CSA)、俄罗斯《文摘杂志》(AJ)数据库、日本《科学技术》数据库(JST)、波兰《哥白尼索引》数据库(IC)、《中国科学引文数据库》(核心库)等国内外多家权威性检索系统收录,影响因子排名已连续 3 年居全国农业期刊前 10 位。

本刊主要刊载麦类作物(小麦、大麦、燕麦、黑麦等)遗传育种、生理生化、栽培管理、食品加工、产品贸易等方面有创见性的学术论文、领先水平的科研成果、学术报告、有新意的文献综述以及学术动态等。读者对象为国内外农业科技人员、农业院校师生及高级农业技术推广和管理人员。

月刊,每期定价 30.00 元,全年 360 元,国内刊号:CN61-1359/S,国际刊号:1009-1041。全国各地邮局均可订阅,邮发代号:52-66。漏订者可直接汇款至编辑部补订。国外总发行:北京中国国际图书贸易总公司,代号:1479B。

地址:陕西杨凌邠城路 3 号《麦类作物学报》编辑部

邮编:712100

电话/传真:029-87082642

网址: <http://mlzwb.alljournals.ac.cn/>; <http://www.tcrop.net>