

新疆枸杞种质资源遗传多样性 分析及 DNA 指纹图谱构建

查美琴¹, 赵玉玲², 李 疆¹, 朱 瑜¹, 罗淑萍¹, 胡 月¹

(¹新疆农业大学林学与园艺学院, 乌鲁木齐 830052; ²新疆精河县枸杞管理中心, 精河 833300)

摘要: 利用 SCoT 分子标记对新疆枸杞种质资源进行遗传多样性分析和 DNA 指纹图谱构建, 为杂交育种和种质鉴定提供理论依据。结果显示: 9 条 SCoT 引物扩增出条带 256 条, 其中 219 条为多态性条带, 多态性比率达 85.62%, 多态性信息含量 (PIC) 值变化范围在 0.77~0.91 之间, 平均值为 0.85, 观测等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、Nei's 基因多样性指数 (H) 和 Shannon 信息指数 (I) 的平均值分别为 1.8562、1.4350、0.2611、0.3989, 聚类分析表明, 遗传相似系数变化范围在 0.5938~0.8398 之间, 在遗传相似系数为 0.66 和 0.71 处, 可将 30 份材料分别分为 2 大类和 4 个亚类, 主坐标分析结果和聚类结果基本一致, 同时利用 5 条多态性 SCoT 引物构建了 30 份材料的 DNA 指纹图谱。新疆枸杞种质资源遗传多样性水平较高, 且 SCoT 分子标记适于新疆枸杞种质资源遗传多样性分析和 DNA 指纹图谱构建, 该研究结果为新疆枸杞种质资源评价、鉴定和新品种选育奠定了基础。

关键词: 枸杞; SCoT; 种质资源; 遗传多样性; DNA 指纹图谱

Analysis of Genetic Diversity and Construction of DNA Fingerprint of Germplasm Resources of Wolfberry (*Lycium barbarum* L.) Revealed by SCoT in Xinjiang of China

ZHA Mei-qin¹, ZHAO Yu-lin², LI Jiang¹, ZHU Yu, LUO Shu-ping¹, HU Yue¹

(¹ College of forestry Science and horticulture, Xinjiang Agricultural University, Urumqi 830052;

² Management Center of Jinghe County Wolfberry, Jinghe 833300)

Abstract: The purpose of this experiment is to construct a DNA fingerprinting database of 30 wolfberry Germplasm Resources in Xinjiang of China, and analyze the genetic diversity based on start codon targeted polymorphism (SCoT), which will provide some guidance for crossbreeding and germplasms identification. The results are: Among the 30 wolfberry samples, 9 SCoT primers produced 256 bands, of which 219 were polymorphic bands, and the percentage of polymorphic rate was up to 85.62%, The polymorphism information content (PIC) values of these markers varied from 0.77 to 0.91 with an average of 0.85. The average value of the observed number of alleles (N_a), effective number of alleles (N_e), Nei's gene diversity (H) and Shannon's Information index (I) were 1.8562, 1.4350, 0.2611 and 0.3989. Range of genetic similarity (GS) was 0.5938 to 0.8398 among 30 wolfberry samples, cluster analysis showed that samples could be divided into 2 groups and 4 subgroups accordingly at the GS of 0.66 and 0.71. The principal coordinate analysis and clustering results are basically consistent. In addition, the DNA fingerprints of 30 wolfberry samples was constructed by using the 5 SCoT primers. The wolfberry germplasms in Xinjiang have a high level of genetic diversity, SCoT molecular markers are suitable for the analysis of genetic diversity and construction of DNA fingerprinting of the germplasm resources. Moreover, It provides a wealth of genetic basis

收稿日期: 2015-12-15 修回日期: 2016-02-12 网络出版日期: 2016-10-12

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20161012.0917.020.html>

基金项目: 国家林业公益性行业科研专项课题 (201304701-1); 新疆自治区果树学重点学科基金资助

第一作者研究方向为林木生物技术。E-mail: zmq2019@sina.com

通信作者: 李疆, 研究方向为林木种质资源。E-mail: lijiangxj@163.com

for evaluation, identification and selection of new varieties of the germplasm resources.

Key words: wolfberry; SCoT; germplasm resources; genetic diversity; DNA fingerprint

枸杞 (*Lycium barbarum* L.) 是茄科 (Solanaceae) 枸杞属 (*Lycium* L.) 多分枝灌木植物^[1], 是中国传统的名贵中药材, 具有重要的药用价值和经济价值。枸杞属植物全球约有 80 多个种, 中国多数种类分布于西北和华北的干旱和半干旱地区^[2], 新疆枸杞属植物分布广泛, 由于独特的气候条件使其成为中国为数不多的枸杞主产区之一^[3-4], 蕴藏着丰富的种质资源。然而, 长期的自然选择和人工选育使得枸杞基因型高度杂合, 遗传背景十分复杂^[5], 从分子生物学角度对其种质资源遗传变异的研究往往滞后于育种实践, 这些均给其种质资源的有效利用及鉴定带来很大麻烦, 给品种选育中的亲本选配带来极大困难, 从而影响了遗传育种效率的提高。因此, 开展新疆枸杞种质资源遗传多样性和构建 DNA 指纹图谱研究, 对其种质资源评价、鉴定和新品种选育具有重要意义。目标起始密码子多态性 (SCoT, start codon targeted polymorphism) 标记是在水稻上开发的一种基于单引物扩增反应的新的目的基因分子标记技术。该技术兼具了 ISSR 和 RAPD 两种标记的优点, 具有操作简单、引物通用、重复性好、扩增效率高、可获得遗传信息量大等优点^[6-7], 目前, 已成功应用于多种植物种质资源遗传多样性和亲缘关系分析、种质鉴定、基因差异表达、分子标记辅助育种等研究中, 如柳枝稷^[8]、桃儿七^[9]、葡萄^[10]、芒果^[11]、

土豆^[12]等。近年来, 国内外科研工作者已从形态学分类^[13]、细胞生物学^[14]、生物化学^[15]等方面对枸杞种质资源进行了分析, 后来, 随着分子生物技术的迅速发展, 也包括利用 DNA 分子标记技术如 AFLP^[16]、ISSR^[17]、RAPD^[18]、SSR^[19] 对枸杞种质间遗传多样性及 DNA 指纹图谱构建等方面进行了研究。前人已从形态学、生物化学及不同分子标记等层面对部分枸杞种质资源进行了分析并取得了较大进展, 但目前应用 SCoT 分子标记针对新疆枸杞种质资源遗传多样性分析尚无报道, 也没有利用 SCoT 分子标记构建新疆枸杞种质资源 DNA 指纹图谱的报道。本试验以新疆地区不同栽培类型和野生种的枸杞种质资源为试材, 拟采用 SCoT 标记对供试材料的遗传多样性进行分析, 并构建其 DNA 指纹图谱, 以期新疆枸杞种质鉴定、育种实践及更深入的分子遗传研究提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究所用的试验材料 (表 1) 于 2014 年 7 月采自新疆精河县枸杞管理中心枸杞种质资源圃, 共计 30 个样品, 包括 26 个栽培类型和 4 个野生种, 采摘新鲜健康幼嫩叶片, 置于写好编号且放有变色硅胶的自封袋中, 带回实验室, 在室温下保存即可。

表 1 试验材料编号及名称

Table 1 Number and name of the materials

编号 Code	名称 Name	编号 Code	名称 Name	编号 Code	名称 Name
1	精杞 1 号	11	1021	21	宁杞 7 号
2	精杞 3 号	12	1101	22	宁菜 1 号
3	精杞 4 号	13	1102	23	大麻叶枸杞
4	精杞 5 号	14	1103	24	蒙杞 1 号
5	精杞 7 号	15	1104	25	柱筒枸杞
6	精杞 8 号	16	1202	26	白刺枸杞
7	1012	17	1407	27	野红果枸杞
8	1016	18	0901	28	野黑果枸杞
9	1017	19	宁杞 1 号	29	野生雪青色果
10	1018	20	宁杞 5 号	30	野生黄果枸杞

1.2 方法

1.2.1 DNA 的提取与检测 枸杞基因组 DNA 的提取采用改良 CTAB 法^[20], 用核酸蛋白检测仪检测

DNA 的浓度, 1% 琼脂糖凝胶电泳检测其质量, 用 ddH₂O 稀释 DNA 浓度至 50 ng/μL 后分装, 保存于 -40 °C 冰箱中备用。

1.2.2 引物筛选 SCoT 引物参照 C. Y. Collard 等^[6]公布的引物序列(表 2),由上海生工生物工程有限公司合成,PCR 反应所需其他试剂 10 × Buffer(含 Mg^{2+})、dNTPs、*Taq* DNA 聚合酶、ddH₂O 和 100 bpDNA marker 均购自天根生化科技(北京)

表 2 筛选出的引物和退火温度

Table 2 Screened primers and annealing temperatures

编号 Code	序列(5'→3') Primer sequence(5'→3')	退火温度(℃) Annealing temperature	编号 Code	序列(5'→3') Primer sequence(5'→3')	退火温度(℃) Annealing temperature
SCOT12	ACGACATGGCGACCAACG	61.9	SCOT26	ACCATGGCTACCACCGTC	59.6
SCOT16	ACCATGGCTACCACCGAC	56.1	SCOT34	ACCATGGCTACCACCGCA	64.9
SCOT21	ACGACATGGCGACCCACA	64.9	SCOT43	CAATGGCTACCACCGCAG	65.2
SCOT23	CACCATGGCTACCACCAG	64.1	SCOT56	ACAATGGCTACCACTAGC	60.8
SCOT25	ACCATGGCTACCACCGGG	64.3			

1.2.3 PCR 扩增 PCR 反应在 Bio-Rad PCR 仪上进行。在 25 μL SCoT-PCR 反应体系中,含 10 × Buffer(含 Mg^{2+}) 2.5 μL, dNTPs (10 mmol/L) 0.5 μL, DNA 模板(50 ng) 1 μL, 引物(10 μmol/L) 1 μL, *Taq* DNA 聚合酶(2.5 U/μL) 0.4 μL, 加 ddH₂O 至 25 μL。PCR 反应程序为:94 ℃ 预变性 5 min, 94 ℃ 变性 45 s, 复性 45 s(不同引物,退火温度不同,表 2), 72 ℃ 延伸 1 min 反应 35 个循环, 72 ℃ 延伸 10 min, 4 ℃ 保存。

1.2.4 PCR 扩增产物的检测 PCR 扩增产物与 2 μL 6 × Loading Buffer 混匀后,在 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳分离,电极缓冲液为 1 × TBE,在 200 V 恒电压下电泳约 50 min,电泳结束后,利用银染法进行染色,照相记录,试验设定 3 个重复,选择鉴别力高的进行分析比较。

1.3 数据的处理与分析

根据 PCR 扩增产物的电泳结果,按凝胶上不同材料的同一迁移位点上有无 DNA 条带进行统计,有带的记为“1”,无带的记为“0”,从而构建由“1”和“0”组成的原始矩阵。统计每个 SCoT 引物扩增的总条带数和多态性条带数;利用 PIC_CALC Version 0.6 软件^[21]计算多态信息含量(PIC)值;利用 POP-GENE version1.32 软件^[22]进行遗传多样性参数分析,计算扩增产物多态性百分率(PPB)、观测等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Nei's 基因多样性指数(H)和 Shannon 信息指数(I);利用 NTSYS-pc2.1e 软件^[23]按 UPGMA 方法进行聚类分析,构建聚类图,此外,在此基础上进行主坐标分析,利用 5 条引物多态位点的不同组合及参照云天海等^[24]方

法构建 30 份枸杞样品的 DNA 指纹图谱。

2 结果与分析

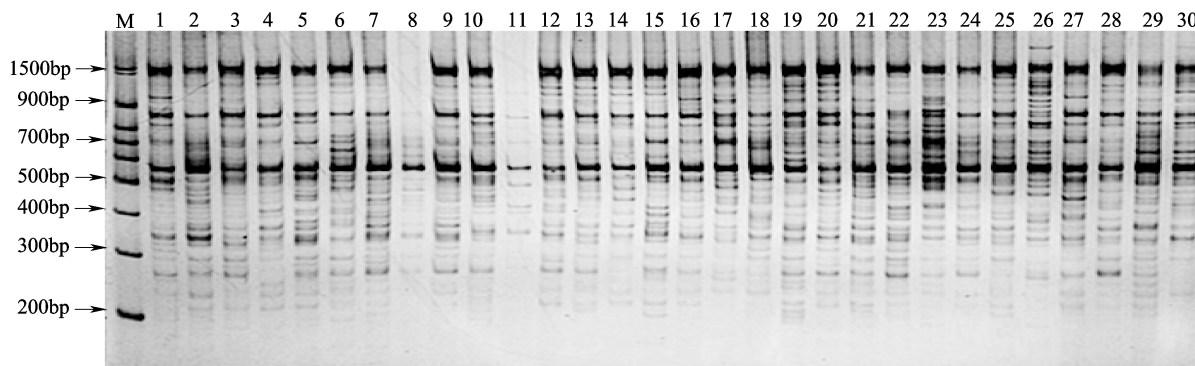
2.1 SCoT 引物扩增结果分析

利用筛选出的 9 条 SCoT 引物分别对 30 份枸杞材料进行 SCoT-PCR 扩增,扩增条带分子量范围大部分在 100 ~ 1500 bp 之间,其中引物 SCoT25 的扩增图谱(图 1)。扩增结果统计(表 3),9 条 SCoT 引物共获得清晰可辨条带 256 条,其中多态性条带 219 条,多态性条带比率(PPB)占 85.62%,每条引物扩增条带变化范围在 18 ~ 36 条之间,平均为 28.44 条,多态性条带变化范围在 13 ~ 35 条之间,平均为 24.33 条,不同引物扩增多态性百分率相差较大,每个引物的多态百分率变幅为 52% ~ 100%,其中,引物 SCoT26 和 SCoT56 多态性百分率最高,均达 100%,引物 SCoT43 多态性百分率最低,只有 52%,各引物多态信息含量(PIC)值变化范围在 0.77 ~ 0.91 之间,平均为 0.85,说明供试材料间大部分具有相对较高的多态性水平,所筛选的引物具有较高的多态性检测效率,较适于对供试材料进行遗传多样性分析和种质鉴定。

如表 3 数据所示,30 份供试材料观测等位基因数(N_a)变化范围在 1.5200 ~ 2.0000 之间,平均为 1.8562,有效等位基因数(N_e)变化范围在 1.3596 ~ 1.5723 之间,平均为 1.4350,Nei's 基因多样性指数(H)变化范围在 0.2029 ~ 0.3011 之间,平均为 0.2611,Shannon 信息指数(I)变幅为 0.2977 ~ 0.5096,平均为 0.3989,就各引物而言, N_a 值最高的引物为 SCoT26 和 SCoT56,最低的引物为 SCoT43,

N_e 值、 I 值最高和最低的引物分别为 SCoT26 和 SCoT43, H 值最高的引物为 SCoT21, 最低的引物为

SCoT43, 说明新疆枸杞种质资源遗传多样性较丰富。



1 ~ 30 编号同表 1, 下同

1-30 are the same as Table 1, the same as below

图 1 引物 SCoT25 对枸杞所有试材的 SCoT-PCR 扩增

Fig. 1 SCoT-PCR amplification of *Lycium barbarum* L. germplasm by primer SCoT25

表 3 供试枸杞遗传多样性的统计

Table 3 The statistics of genetic diversity of wolfberry

引物 Primer	扩增总带数 Total bands	多态性条带 Polymorphic bands	多态百分率 (%) PPB	多态性信息含量 (%) PIC	观测等位基因数 N_a	有效等位基因数 N_e	Nei's 基因多样性 H	香农指数 I
SCoT12	35	28	80.00	0.87	1.8000	1.3998	0.2502	0.3861
SCoT16	23	18	78.26	0.87	1.7826	1.3637	0.2203	0.3383
SCoT21	36	35	97.22	0.85	1.9722	1.5124	0.3011	0.4571
SCoT23	29	25	86.21	0.77	1.8621	1.3618	0.2158	0.3351
SCoT25	31	29	93.55	0.85	1.9355	1.5234	0.3044	0.4585
SCoT26	18	18	100.00	0.86	2.0000	1.5723	0.3384	0.5096
SCoT34	36	30	83.33	0.84	1.8333	1.4058	0.2498	0.3846
SCoT43	25	13	52.00	0.91	1.5200	1.3596	0.2029	0.2977
SCoT56	23	23	100.00	0.81	2.0000	1.4166	0.2670	0.4233
平均 Mean	28.44	24.33	85.62	0.85	1.8562	1.4350	0.2611	0.3989

2.2 遗传相似性分析

以 30 份枸杞材料和 256 个位点的条带数据为原始矩阵, 利用 NTSYS-pe2.1e 软件计算供试材料间的遗传相似系数 (GS), 结果表明任意 2 份材料间的相似系数在 0.5938 ~ 0.8398 之间, 平均 (GS) 值为 0.7149, 精杞 1 号和精杞 4 号亲缘关系最近, 遗传相似系数最大为 0.8398, 野黑果枸杞和蒙杞 1 号亲缘关系最远, 遗传相似系数最小为 0.5938。

2.3 聚类分析

基于遗传相似系数用 UPGMA 法进行聚类分析显示, 在相似系数为 0.66 处, 可将 30 份枸杞材料分为 2 大类 (图 2), 野黑果枸杞单独作为第 I 类, 第 II 类包括剩余的 29 份样品。在相似系数为 0.71 时,

第 II 大类又细分为 4 个亚类, 第 II - i 和 II - ii 亚类分别为白刺枸杞和 1202, 第 II - iii 亚类由宁菜 1 号、野红果枸杞、野生雪青色果和野生黄果枸杞 4 份材料聚在一起, 其中, 野生雪青色果和野生黄果枸杞亲缘关系最近, 第 II - iv 亚类是品种 (系) 最多的一类, 占参试材料的 80%, 其中, 精杞 1 号、精杞 4 号、精杞 3 号、精杞 5 号、宁杞 7 号表现出非常近的亲缘关系, 精杞 8 号和 1016, 1012 和 1018, 1102 和柱筒枸杞, 精杞 7 号和 1104, 1101 和 1103 分别被聚在一起, 说明它们之间存在明显的遗传关系, 宁杞 1 号和大麻叶枸杞被分为一小类, 这与相关文献记载相对应, 大麻叶枸杞是宁夏枸杞原来的主栽品种, 宁杞 1 号是从大麻叶枸杞中选育出的优良新品种^[25]。

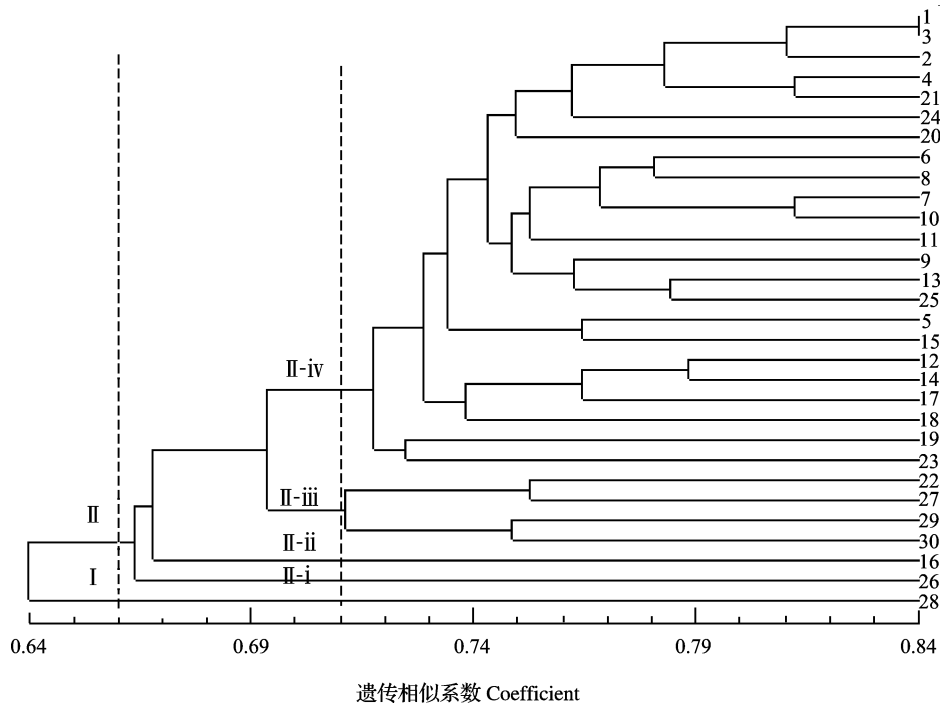


图 2 30 份枸杞种质的 UPGMA 聚类分析图

Fig. 2 UPGMA dendrogram for 30 resources of *Lycium barbarum* L. based on SCoT data

2.4 主坐标分析

根据 SCoT 标记所获得的结果,利用 NTSYS-pc2.1e 软件进行主坐标分析(图 3),不同材料在坐标图中的位置分布能直观地反映出它们之间的亲缘关系,位置越靠近,表明它们之间的遗传变异越小,亲缘关系越近,反之,则表明遗传变异越大,亲缘关系越远。由图 3 可以看出,主坐标分析可以将 30 份枸杞材料分为 5 组,野黑果枸杞、野生雪青色果和野生黄果枸杞组成第 A 组,宁菜 1 号和野红果枸杞 2 个材料被划归为第 B 组,白刺枸杞、1202、宁杞 1 号、柱筒枸杞、0901、1017、1101、1102、1103、1104 和 1407 共 11 份栽培类型枸杞材料被聚为第 C 组,1012、1018 和精杞 5 号 3 个材料聚在一起组成第 D 组,第 E 组包括精杞 8 号、1016、1021、精杞 1 号、精杞 4 号、精杞 7 号、精杞 3 号、宁杞 5 号、宁杞 7 号、蒙杞 1 号和大麻叶枸杞共 11 份栽培类型枸杞材料。比较图 2 和图 3 可知,两种方法在群组划分上趋向一致,但组群内分析结果却存在一定差异,从主坐标图看,主坐标分析更加直观地体现了供试材料的遗传差异。

2.5 特异条带与 DNA 指纹图谱构建

通过对 30 份枸杞材料的 SCoT 扩增图谱分析,结合特异性条带扩增引物和对材料的鉴别能力,从

筛选出的 9 条 SCoT 引物中筛选了 5 条 SCoT 引物扩增的 18 个多态性位点,用于供试材料的 DNA 指纹图谱构建(图 4),每份种质均有唯一的指纹图谱,能比较容易地把 30 份枸杞材料鉴别出来。

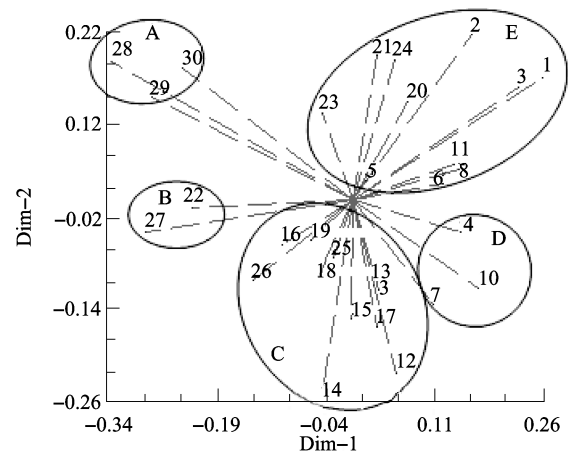


图 3 枸杞各试材的 SCoT 标记二维主坐标分析散点图

Fig. 3 The scatter plot of principal coordinates analysis of *Lycium barbarum* L. genotypes from SCoT markers

3 讨论

种质资源是遗传育种的物种基础,遗传多样性水平的高低代表了该物种在特定环境中基因的丰富

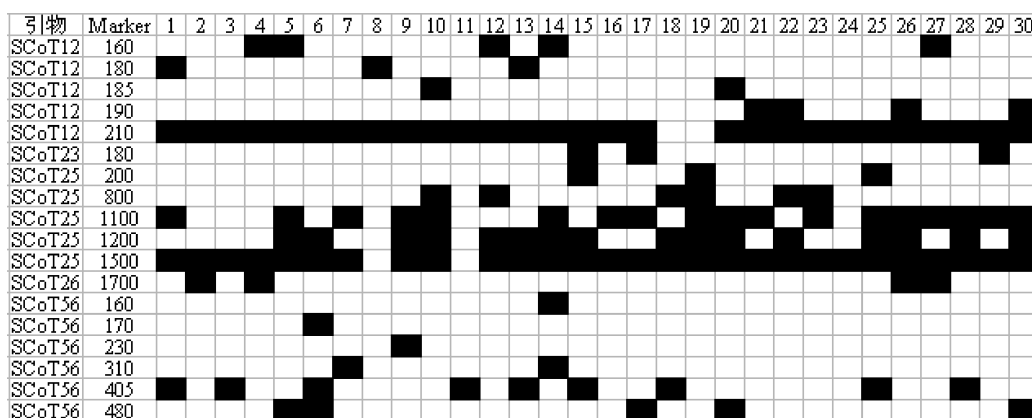


图4 SCoT 标记构建 30 份枸杞材料 DNA 指纹图谱

Fig. 4 Establishment of DNA fingerprint of 30 wolfberry samples by SCoT marker

程度,对种质资源遗传多样性进行研究是掌握种质资源有效利用和优良新品种培育的重要环节,通过对种质间遗传变异信息及亲缘关系的研究可以有效地为杂交亲本选配,分子标记辅助选择育种提供良好的理论依据^[26]。本试验利用筛选出的 9 条 SCoT 引物对 30 份枸杞材料基因组 DNA 进行扩增,分析获得物种水平的多态位点百分率达 85.62%,这与李彦龙等^[27]在枸杞种质遗传多样性的 AFLP 分析中多态性比率为 83.3% 接近,高于鲍红春等^[28]在枸杞遗传多样性的 ISSR 分析中多态性比率为 48.9%,分析表明新疆枸杞种质资源在长期的自然选择和人工选育过程中,基因组 DNA 发生了较为丰富的遗传变异,SCoT 引物对新疆枸杞种质具有较高的鉴别能力。多态性信息含量(PIC)值是衡量分子标记多态性的一个重要指标,当 $PIC < 0.25$ 时包含很少信息,当 $0.25 < PIC < 0.5$ 时表明具有合适信息,只有 $PIC > 0.5$ 时具有高度信息^[29],本试验平均每条引物多态信息含量(PIC)值达 0.85,属于高度多态性引物。30 份枸杞样品间 Nei's 基因多样性指数介于 0.2029 ~ 0.3011 之间,与柴达木地区野生黑果枸杞相当^[30],聚类分析和主坐标分析结果显示,30 份样品可分为 2 大类和 4 个亚类,任意 2 份样品间的遗传相似系数在 0.5938 ~ 0.8398 之间,揭示了新疆枸杞种质间较为丰富的遗传多样性,因此,在以后的枸杞新品种选育过程中,应该发掘和利用不同基因型枸杞种质资源进行杂交亲本选配,从而提高新疆枸杞种质资源利用率和育种效率。

目前,中国在枸杞种质资源生产和经营方面还很不规范,同时,由于部分品种(系)在形态上相似性极高或同一品种(系)在不同地区皆有栽培,使得

地方品种(系)或不同地区之间部分引种没有确切的科学名称,给枸杞种质鉴定带来一定困难,然而,传统种质鉴定分类方法由于受条件限制、鉴定周期长及误差大等因素影响而具有很大的局限性。因此,应具备客观、高效及准确的种质鉴定技术,分子标记直接反映 DNA 水平的遗传变异,具有受外界因素影响小、更加客观、准确的优点,标准 DNA 指纹图谱的构建成为种质鉴定中最有效的方法,将需要鉴定的种质指纹与标准指纹进行比较分析,即可知该种质的真伪,现已在多种植物种质资源鉴定中相继构建了 DNA 指纹图谱。

构建植物 DNA 指纹图谱主要方法有单引物法、特征谱带法和引物组合法^[31],本试验采用引物组合法,利用 5 条多态性丰富且鉴别力强的 SCoT 引物构建了 30 份枸杞样品的 DNA 指纹图谱,每份种质的指纹图谱都是唯一的,为新疆枸杞种质鉴定、新品种登记提供了参考依据。今后随着新疆枸杞种质资源数量的不断增加,这 5 条 SCoT 引物可能不足以鉴定区分,可根据具体情况适当增加具有鉴别力引物的数量,或选择新的分子标记技术将其鉴别开,以进一步补充本研究初步建立的 30 份枸杞材料的 DNA 指纹图谱。

4 结论

30 份枸杞样品的遗传多样性水平较高,且精杞 1 号和精杞 4 号亲缘关系最近,野黑果枸杞和蒙杞 1 号亲缘关系最远,聚类分析将其划分为 2 大类和 4 个亚类,主坐标分析结果和聚类结果基本一致,采用引物组合法构建的 DNA 指纹图谱可准确鉴别 30 份枸杞材料,每份种质均有唯一的指纹图谱;SCoT 分

子标记适于新疆枸杞种质资源遗传多样性分析和 DNA 指纹图谱构建,可为今后新疆枸杞种质资源评价、鉴定和新品种选育奠定基础。

参考文献

- [1] 秦洪文,刘正学,钟彦,等. 三峡库区岸生植物枸杞对短期水淹的恢复响应[J]. 福建林学院学报,2013,33(1):43-47
- [2] 董静洲,杨俊军,王瑛. 我国枸杞属物种资源及国内外研究进展[J]. 中国中药杂志,2008,33(18):2020-2027
- [3] 喻树龙,王健,任水莲,等. 新疆枸杞种植的气候分区[J]. 中国农业气象,2005,26(3):205-207
- [4] 徐常青,刘赛,徐荣,等. 我国枸杞主产区生产现状调研及建议[J]. 中国中药杂志,2014,39(17):1979-1984
- [5] 曲玲,石志刚,焦恩宁,等. 枸杞遗传转化研究进展[J]. 北方园艺,2012(24):187-191
- [6] Collard C Y, Mackill D J. Start codon targeted (SCoT) polymorphism: a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants[J]. Plant Mol Biol Rep, 2009, 27(1):86-93
- [7] 杨祥燕,蔡元保,黄秋伟,等. 番木瓜主栽品种 SCoT 指纹图谱构建及遗传变异分析[J]. 西北植物学报, 2013, 33(9):1756-1761
- [8] 蒋晓梅,黄琳凯,张新全,等. 利用 SCoT 分析柳枝稷遗传资源的多样性[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(1):89-95
- [9] Chen D X, Zhao J F, Liu X, et al. Genetic diversity and genetic structure of endangered wild *Sinopodophyllum emodi* by start codon targeted polymorphism[J]. China J Chin Mat Med, 2013, 38(2):278-283
- [10] Guo D L, Zhang J Y, Liu C H. Genetic diversity in some grape varieties revealed by SCoT analyses[J]. Mol Biol Rep, 2012, 39(5):5307-5313
- [11] Luo C, He X H, Chen H, et al. Genetic diversity of mango cultivars estimated using SCoT and ISSR markers[J]. Biochem. Syst Ecol, 2011, 39:676-684
- [12] Gorji A M, Pocai P, Polgar Z, et al. Efficiency of arbitrarily amplified dominant markers (SCoT, ISSR and RAPD) for diagnostic fingerprinting in tetraploid potato[J]. Am J Potato Res, 2011, 88(3):226-237
- [13] 袁海静,安巍,李立会,等. 中国枸杞种质资源主要形态学性状调查与聚类分析[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(4):627-633
- [14] 陈海魁,曹君迈,任贤,等. 黑果枸杞染色体核型分析[J]. 北方园艺,2008(7):207-209
- [15] 马永平,赵海燕,杨少娟. 枸杞多种同工酶水平的遗传多样性分析[J]. 安徽农业科学,2010,38(8):4042-4043
- [16] 戴国礼,曹有龙,安巍,等. 枸杞属 AFLP 分析体系优化与建立[J]. 西北农业学报,2009,18(3):166-171
- [17] 阿力同·其米克,王青锋,杨春锋,等. 新疆药用植物黑果枸杞遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 植物科学学报,2013,31(5):517-524
- [18] 严奉坤,许兴,杨亚亚,等. 同一品种不同产地宁夏枸杞 DNA 指纹图谱特征研究[J]. 时珍国医国药, 2007, 18(10):2385-2386
- [19] 邵千顺,高磊,南雄雄,等. 利用 SSR 技术对十七份枸杞材料进行遗传多样性分析及标准指纹图谱构建[J]. 北方园艺, 2015(12):91-95
- [20] 腊萍,罗淑萍,章建新,等. 甜菜总 DNA 不同提取方法的研究[J]. 新疆农业大学学报,2006,29(2):43-46
- [21] 杨柳,汪斌,童治军,等. 25 份普通烟草种质资源遗传多样性的 SSR 标记分析[J]. 福建农林大学学报:自然科学版,2013,42(2):171-175
- [22] 刘娟,廖康,曼苏尔·那斯尔,等. 新疆杏品种(系)遗传多样性分析及 DNA 指纹图谱库构建[J]. 中国农业科学,2015,48(4):748-758
- [23] 白盼,李荣华,郭培国,等. 19 个亚洲国家大麦种质材料的遗传多样性分析[J]. 麦类作物学报,2012,32(2):215-222
- [24] 云天海,郑道君,谢良商,等. 中国南瓜海南农家品种间的遗传特异性分析和 DNA 指纹图谱构建[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(4):679-685
- [25] 钟铨元,李健,樊梅花,等. 枸杞新品种“宁杞 1 号”的选育[J]. 宁夏农林科技,1988(2):21-24
- [26] 葛亚英,张飞,沈晓岚,等. 丽穗凤梨 ISSR 遗传多样性分析与指纹图谱构建[J]. 中国农业科学,2012,45(4):726-733
- [27] 李彦龙,樊云芳,戴国礼,等. 枸杞种质遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 中草药,2011,42(4):770-773
- [28] 鲍红春,李小雷,王建平,等. 枸杞遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 华北农学报,2014,29(1):89-92
- [29] 杨祥燕,蔡元保,黄强,等. 番木瓜基因型遗传关系的 SRAP 分析[J]. 西北植物学报,2013,33(11):2159-2165
- [30] 王锦楠,陈进福,陈武生,等. 柴达木地区野生黑果枸杞种群遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 植物生态学报,2015,39(10):1003-1011
- [31] 蒋林峰,张新全,黄琳凯,等. 中国鸭茅主栽品种 DNA 指纹图谱构建[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(3):604-614

欢迎订阅 2017 年《东北农业科学》

《东北农业科学》(原《吉林农业科学》)是吉林省农业科学院主办的农业综合类学术期刊。本刊是中国科技论文统计源期刊、中国期刊全文数据库全文收录期刊、中国核心期刊(遴选)数据库期刊、中文科技文献检索权威期刊、中国科学引文数据库来源期刊、中国学术期刊综合评价数据库(CAJCED)统计源期刊,2004 年获全国优秀农业期刊奖,2006 年获第五届全国农业期刊金犁奖学术类二等奖。

本刊旨在报道最新农业科研成果、研究进展和科技动态,传播农业科学知识,推广农业新品种和新技术,介绍农业生产新经验等。辟有作物育种栽培、生物技术、土壤肥料、植物保护、畜牧兽医、园艺果树、农业经济和农产食品加工等栏目。主要读者对象为广大农民朋友、农业科研人员、农业技术推广人员、农业生产管理者和农业院校师生服务。

双月刊,每期定价 8.00 元,全年 48.00 元。邮发代号:12-71,全国各地邮局(所)均可订阅,漏订者亦可随时向本刊编辑部订阅,不另收邮费。

地址:吉林省长春市生态大街 1363 号《东北农业科学》编辑部

邮编:130033

电话:0431-87063151

E-mail:jlnyxx@163.com;jlnyxx@cjaas.com