# 60 份优质番茄自交系遗传多样性 AFLP 分析

孙保娟1,李植良1,金庆敏2,李 涛1,黎振兴1

(1广东省农业科学院蔬菜研究所,广州 510640;2暨南大学生命科学技术学院,广州 510632)

摘要:以AFLP 技术对 60 份优质番茄自交系进行遗传多样性分析,结果表明 17 对AFLP 引物组合扩增共得到 905 条带, 其中多态性条带 251 条,平均每对引物检测到约 15 个多态性位点,平均多态率为 27.7%;仅用 E7M4 和 E7M10 两对引物组合 就可以绘制 60 份番茄自交系的指纹图谱。60 个自交系间的 Jaccard 遗传相似系数变幅为 0.259 ~ 0.952,平均值为 0.664。采 用 UPGMA 方法聚类,遗传相似系数变幅为 0.54 ~ 0.57 时,60 份番茄材料可以划分为 7 个类群。聚类结果与地理来源、平均 单果重、果形等性状未表现出明显的相关性。

关键词:番茄;优质;自交系;AFLP;遗传多样性

# Study on Genetic Diversity of 60 Tomato Self-bred Lines with Good Quality Based on AFLP Markers

SUN Bao-juan<sup>1</sup>, LI Zhi-liang<sup>1</sup>, JIN Qing-min<sup>2</sup>, LI Tao<sup>1</sup>, LI Zhen-xing<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Vegetable Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640;
<sup>2</sup>College of Life Science and Technology, Jinan University, Guangzhou 510632)

**Abstract**: AFLP markers were used to evaluate genetic diversity among 60 tomato self-bred lines with good quality. Total 905 bands were amplified using 17 AFLP primer combinations, and 251 bands of them were polymorphic bands. Average number of polymorphic loci detected by per primer combination was 15, and mean polymorphism rate was 27.7%. Unique fingerprints of 60 tomato self-bred lines were obtained by a minimum of 2 AFLP primer combinations, E7M4 and E7M10. Genetic similarity coefficients of 60 self-bred lines ranged from 0. 259 to 0. 952 with a mean of 0. 664. 60 tomato materials can be divided into seven groups at similarity coefficients from 0. 54 to 0. 57 when UPGMA clustering was used. It was showed that clustering results had no pronounced relation with phenotypic traits, such as sources, average weight per fruit, fruit shape, and so on.

Key words: tomato (Lycopersicon esculentum Mill. ); good quality; self-bred line; AFLP; genetic diversity

番茄(Lycopersicon esculentum Mill.)营养价值丰 富,在全世界广泛种植,是最高产值的蔬菜作物, 2011 年全世界番茄种植面积约 433.9万 hm<sup>2</sup>,产量 约为1.46 亿 t,中国种植面积为 87 万 hm<sup>2</sup>,产量约 为4188 万 t(FAOSTAT, http://faostat.fao.org)。目 前人们界定番茄优质的标准主要是感官品质,包括 果实的外观品质和风味品质。优质硬果型番茄由于 果皮色泽鲜艳、感官品质好、固形物和 Vc 含量高、 硬度强耐贮运、耐热性好等优点受到了国内外育种 者广泛的青睐。我国早期的硬果型番茄品种多从国 外(如荷兰、以色列)引进,近几年,我国育种工作者 也开始关注优质硬果型番茄品种的选育,但尚未取 得突破性进展。由于番茄是严格的自花授粉作物, 加之长期的人为定向选择及番茄种质资源广泛的引 种与交流,导致栽培型番茄遗传背景狭窄,遗传变异 比较少<sup>[1]</sup>。现有番茄品种有的形态学上比较接近,难

URL:http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130809.1448.033.html

通信作者:黎振兴,研究方向为番茄、茄子育种。E-mail:lizhxgaas@163.com

收稿日期:2012-11-22 修回日期:2013-01-28 网络出版日期:2013-08-09

基金项目:农业部"948"项目(2012-Z55);广东省基础条件建设项目(2009B060600004,2010B060200029,2011B06040033);广东省科技计划项目(2011B020303002);广东省农业科学院出国(境)人才培养计划项目(粤农科[2011]96号)

第一作者研究方向为番茄、茄子育种及相关分子生物学。E-mail:sunbaojuan@hotmail.com

于通过传统方法进行区分;有的则表型差异较大但亲 缘关系却较近<sup>[2]</sup>,这对番茄育种过程中的亲本选择、 选配及杂种优势利用提出了挑战。近些年来发展起 来的分子标记技术,为番茄遗传资源分类及亲缘关系 鉴定提供了一种全新的技术手段。

国内外学者以 RAPD<sup>[3-4]</sup>、AFLP<sup>[5]</sup>、SSR<sup>[6-8]</sup>、 SRAP<sup>[9]</sup>、ITS<sup>[10]</sup>等分子标记技术,对普通栽培番茄 及野生番茄的遗传多样性进行了鉴定分析,普遍认 为现有栽培种番茄遗传背景狭窄,而野生番茄具有 广泛的遗传多态性。AFLP 分子标记技术稳定、信 息量大、检测效率高,在蔬菜种质资源遗传多样性分 析及品种指纹图谱构建中得以广泛应用。Y. H. Park 等<sup>[5]</sup>的研究表明 AFLP 标记能够高效地获得不 同类型栽培番茄特异指纹和遗传多样性信息。本文

表 1 用于亲缘关系 AFLP 分析的番茄自交系 Table 1 Self-bred tomato lines used for AFLP analysis

采用 AFLP 分子标记技术对自主拥有的 60 份优质 番茄自交系(其中大部分是硬果番茄)进行遗传多 样性及亲缘关系分析,以期为番茄资源的科学分类 及利用提供理论指导,为加速优质硬果型番茄新品 种选育提供有效的手段。

## 1 材料与方法

#### 1.1 材料

60 份番茄材料是由广东省农业科学院蔬菜研 究所搜集,经过多代自交纯化而育成的高代自交系 (表1)。材料来源以欧洲为主,除 QD-1、QD-3、 TM07006、TM07007、ZRSP<sub>2</sub>为有限生长类型,其他均 为无限生长类型,成熟果实颜色均为红色,硬度好。

编号 Code	材料 Materials	果形 Fruit shape	平均单果重(g) Average weight per fruit	果肩颜色 Color of fruit shoulder	原产地 Origin	编号 Code	材料 Materials	果形 Fruit shape	平均单果重(g) Average weight per fruit	果肩颜色 Color of fruit shoulder	原产地 Origin
1	QD-1	长圆	160	微绿肩	欧洲	31	WX8-1	扁圆	160	无绿肩	中国
2	QD-3	近圆	160	绿肩	欧洲	32	LT-3-1	长圆	135	无绿肩	欧洲
3	QDL-1-1	扁圆	200	无绿肩	欧洲	33	J-2F8-1-1	微长圆	145	无绿肩	中国
4	QDL-2-1	近圆	180	绿肩	欧洲	34	NS31	扁圆	160	无绿肩	中国
5	QDL-3-1	扁圆	200	无绿肩	欧洲	35	HH40L	近圆	160	无绿肩	中国
6	QDL-1-2	长圆	160	无绿肩	欧洲	36	HH40-2	扁圆	180	无绿肩	中国
7	QDL-2-2	微长圆	180	绿肩	欧洲	37	$571 - 2F_8$	扁圆	170	无绿肩	欧洲
8	QDL-3-2	扁圆	200	无绿肩	欧洲	38	$571-5F_{8}$	长圆	155	无绿肩	欧洲
9	T02-1	圆形	180	无绿肩	欧洲	39	WS41-1	近圆	160	无绿肩	欧洲
10	$T4-1F_8$	扁圆	160	无绿肩	欧洲	40	WS41-2	长圆	140	无绿肩	欧洲
11	T04-2L	长圆	140	无绿肩	欧洲	41	SHOU-3	扁圆	155	无绿肩	以色列
12	T06-1	圆形	160	绿肩	欧洲	42	SHOU-2	长圆	140	无绿肩	以色列
13	T07-1	长圆	170	无绿肩	欧洲	43	1420WL	微长圆	155	无绿肩	以色列
14	BEIY3-4	扁圆	160	无绿肩	欧洲	44	$LT-1F_6$	扁圆	155	无绿肩	欧洲
15	BEIY-1-1	长圆	150	无绿肩	欧洲	45	SengW	近圆	165	无绿肩	中国
16	TLMS-3	扁圆	160	无绿肩	欧洲	46	L35	扁圆	150	无绿肩	中国
17	TLMS-2	长圆	150	无绿肩	欧洲	47	L50-1-1	扁圆	170	无绿肩	澳大利亚
18	BLT-1-1	扁圆	170	无绿肩	欧洲	48	XingN021	长圆	125	绿肩	欧洲
19	BLT-L	近圆	150	无绿肩	欧洲	49	TMS01-1	近圆	140	无绿肩	欧洲
20	TFER-2	长圆	130	无绿肩	欧洲	50	TMS01-2	近圆	120	无绿肩	欧洲
21	TM07006	近圆	180	无绿肩	欧洲	51	TMS02-1	扁圆	160	绿肩	欧洲
22	TM07007	扁圆	160	无绿肩	欧洲	52	TMS02-2	近圆	150	无绿肩	欧洲
23	T0M06-1	扁圆	170	无绿肩	欧洲	53	TM03-1	扁圆	150	无绿肩	欧洲
24	T0M07-1	微长圆	150	无绿肩	欧洲	54	TM03-2	长圆	130	无绿肩	欧洲
25	T0M07-Y	扁圆	160	无绿肩	欧洲	55	TM04-1-1	扁圆	150	无绿肩	欧洲
26	T0M01-1	扁圆	160	无绿肩	欧洲	56	TM04-1-2	微长圆	130	无绿肩	欧洲
27	$\rm BLO\text{-}1F_6$	近圆	150	无绿肩	欧洲	57	TMS05-1	近圆	130	无绿肩	欧洲
28	$\text{ZRSP}_2$	长圆	180	无绿肩	欧洲	58	TMS05-2	近圆	120	无绿肩	欧洲
29	NK-2	近圆	150	无绿肩	欧洲	59	TMS06-1	扁圆	170	无绿肩	欧洲
30	NK-3	近圆	150	无绿肩	欧洲	60	TMS06-2	近圆	150	无绿肩	欧洲

#### 1.2 DNA 提取和 AFLP 分析

从成株番茄上按品系混合取嫩叶,用液氮速冻,放入-80℃以备提取 DNA。DNA 提取采用 CTAB法,具体参照孙保娟等<sup>[11]</sup>茄子 DNA 提取 步骤。

AFLP 分 析 包 括 酶 切、连 接、预 扩、选 扩、 PAGE 胶检测等步骤,反应体系参照孙保娟等<sup>[11]</sup> 建立的 AFLP 反应体系。酶切采用 *Eco*RI 和 *Mse*I 两种限制性内切酶,37 ℃ 酶切 5 h。酶切反应体 系:0.5  $\mu$ L 基因组 DNA (500 ng),1.25  $\mu$ L 2 × Y<sup>+TM</sup> Tango Buffer, *Eco*RI (10 U/ $\mu$ L)、*Mse*I (10 U/ $\mu$ L)酶各 0.125  $\mu$ L,4.25  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O,总体积 6.25  $\mu$ L。37 ℃水浴 5 h。然后70 ℃水浴15 min,灭 活酶。

连接反应体系为:上述酶切体系中加入 0.75 μL T<sub>4</sub> DNA Ligase Buffer,*Eco*RI 接头(5 μmol/L)和 *Mse*I 接头(50μmol/L)各 0.125 μL,0.25 μL dd H<sub>2</sub>O, 0.125 μL T<sub>4</sub> DNA Ligase (5 U/μL),室温(25 ℃左 右)连接过夜。70 ℃水浴 15min,灭活酶。

预扩 EcoRI 和 MseI 引物分别为 5'-GACTGCG-TACCAATTCA-3'、5'-GATGAGTCCTGAGTAAC-3'。 预扩体系为:5 µL 稀释 10 倍的酶切连接产物, 2.5 µL 10×PCR Buffer,1.6 µL MgCl<sub>2</sub>(25 mmol/L), 1.75 µL EcoRI 预扩引物(20 ng/µL),1.75 µL MseI 预扩引物(20 ng/µL),2.5 µL dNTP (2 mmol/L), 0.2 µL(5 U/µL) Taq 酶, ddH<sub>2</sub> O 补充总体积到 25 µL。PCR 反应条件:94 ℃ 3min;94 ℃ 30 s, 56 ℃ 65 s,72 ℃ 60 s,27 个循环。

选扩体系为:2 µL 10 × PCR Buffer, 1.6 µL MgCl<sub>2</sub>(25 mmol/L), 0.5 µL *Eco*RI 选扩引物 (20 ng/µL), 1.5 µL *Mse*I 选扩引物(20 ng/µL), 2.0 µL dNTP (2 mmol/L), 0.2 µL *Taq* 酶(5 U/µL), 1.0 µL 模板 DNA (预扩产物稀释 240 倍), ddH<sub>2</sub> O 补充总体积到 20 µL。PCR 反应条件:94 ℃ 3 min; 94 ℃ 30 s, 65 ℃ 30 s (每循环1 次降低0.7 ℃), 72 ℃ 60 s, 12 个循环;94 ℃ 30 s, 56 ℃ 30 s, 72 ℃ 60 s, 24 个循环;72 ℃ 7 min;4 ℃保存。

选扩产物变性后,用6%变性聚丙烯酰氨凝 胶电泳(PAGE)在C.B.S垂直电泳系统上进行 检测,1800 V恒压预电泳 30min后,再上样电泳 2 h,凝胶染色采用快速银染法,室温晾干后及时 记录。

#### 1.3 数据分析

数据记录时,只取清晰且大于 50 bp 以上的扩 增条带予以记录,同一位置有带赋值 1,无带赋值 0,在 Excel 文档中构建 01 矩阵。每个引物组合分 辨能力的评估根据特有指纹表型数量和条带匹配 概率 2 个指标<sup>[5]</sup>。条带匹配概率通过  $x^n$ 计算,其 中 x 为引物的条带共享频率(x), $x = 2q-q^2$ ,q 是某 一条带在分析群体中出现的频率,n 是平均每个品 种多态性位点数<sup>[12]</sup>。采用生物学软件 NTSYSpc2. 10 计算遗传相似系数(Jaccard 系数);用 SHAN 程序 中的 UPGMA 方法,并通过 Tree plot 模块生成聚 类图。

#### 2 结果与分析

#### 2.1 番茄自交系 AFLP 多态性检测结果

17 对 AFLP 选扩引物扩增得到的 AFLP 片段分 布在 50~600 bp 之间,其中以 100~300 bp 最集中, 扩增共得到清晰条带 905 条,其中多态性条带 251 条,不同引物扩增的多态性条带介于 7~25 条之间, 平均每对引物检测到约 15 个多态性位点,平均多态 率为 27.7%(表 2),说明优质番茄资源 DNA 水平上 存在广泛的酶切位点的差异。图 1 为引物组合 E7M7 对 60 份番茄材料 PCR 扩增产物 PAGE 胶电 泳检测图谱。

特有指纹表型的数量可以说明某一引物把所有 样本区分开来的能力。从表 2 可见,引物组合 E7M4 和 E7M10 特有指纹图谱的数量都是 59,其中 引物组合 E7M4 除了不能区分番茄自交系 T07-1 和 BLO-1F6 外,可以区分其他 58 份自交系;引物组合 E7M10 除了不能区分自交系 TM04-1-1 和 TM04-1-2 外,可以将其他 58 份材料区分开来。说明这 2 对引 物同时使用,可以绘制 60 份番茄自交系的指纹 图谱。

条带分享频率用来计算随机选择的2个品种出现相同指纹的概率(即指纹匹配概率)。17对选扩引物多态性条带分享频率介于0.45~0.71之间,指纹匹配概率介于0.004~0.223之间(表2),普遍表现出较好地区分不同自交系的能力。其中引物组合E7M4指纹匹配概率值最小,表现出最高的区分不同自交系的能力。





图 1 AFLP 选扩引物 E7M7 分析 60 份普通番茄自交系遗传多样性的 PAGE 电泳图 Fig. 1 An example of the AFLP polymorphism among 60 tomato

self-bred lines detected by the E7 and M7 primer combinations

#### 表 2 17 对 AFLP 选扩引物组合对 60 个番茄自交系 DNA 多态性区分情况

 Table 2
 DNA polymorphisms and the power of discrimination among 60 self-bred lines assayed by 17 AFLP primer combinations

引物组合 Primer	总条带数 Total	多态性条带数 No. of	多态率(%) Polymorphism	特有指纹数 No. of unique	条带分享频率 Band sharing	匹配概率 Match probability	
combinations	of bands	polymorphic bands	rate	fingerprints	frequency	maten probability	
E6 M5	48	13	27.1	44	0.54	0.040	
E6M6	48	16	33.3	54	0.62	0.030	
E7 M4	79	25	31.6	59	0.59	0.004	
E7M6	45	17	37.8	45	0.45	0.017	
E7 M7	62	11	17.7	33	0.62	0.104	
E7M10	58	22	37.9	59	0.70	0.013	
E8M7	45	9	20.0	9	0.51	0.122	
E8 M9	62	11	17.7	37	0.49	0.087	
E8M11	52	17	32.7	47	0.71	0.045	
E9M5	44	11	25.0	34	0.55	0.080	
E9M7	47	17	36.2	50	0.57	0.017	
E10M4	35	8	22.9	23	0.53	0.138	
E10M11	36	7	19.4	26	0.60	0.223	
E11M5	37	14	37.8	48	0.52	0.047	
E11M7	61	20	32.8	52	0.58	0.012	
E13M10	69	18	26.1	41	0.57	0.010	
E16M5	77	15	19.5	44	0.48	0.029	

#### 2.2 遗传相似性评价

比较遗传相似系数可以区分品种间在 DNA 水平的差异。通过 NTSYS-pcVersion 2.0 软件计算得 到 60 个番茄材料的 Jaccard 遗传相似系数变化范围 为 0.259 ~ 0.952, 平均值为 0.664。最相近的两个

自交系是 TM04-1-1 和 TM04-1-2, 二者果实形状、平 均单果重有所不同, 但遗传背景相同(表1)。根据 软件分析所得的 1770 个遗传相似系数, 以 0.1 为单 位进行次数分布分析(图 2)。从图 2 可见, 遗传相 似系数呈正态分布, 78.7% 的供试品系遗传相似系 数在 0.5~0.8 之间, 以 0.6~0.7 之间所占的频次 最高, 为 31.7%, 说明供试番茄材料虽然存在一定 的遗传多样性, 但是遗传背景仍然相对狭窄, 这可能 是因为这些材料地理来源和果实类型非常接近。



#### 2.3 聚类分析

基于 251 个多态性 AFLP 条带,计算 Jaccard 遗 传相似系数,并根据非加权成对算数法(UPGMA)进 行聚类分析,得到60份栽培番茄的聚类结果(图 3)。由图3可知,遗传相似系数为0.54~0.57时, 60份番茄材料可以划分为7个类群。第I类群包 括11份,果形扁圆形6份、近圆形2份、长圆形3 份,单果重介于135~180g之间; QD-1和TMS02-1 果实有绿肩,其余无绿肩;除 HH40L 来源于中国,其 余均来源于欧洲。第Ⅱ类群包括15份,果形圆形1 份、近圆形5份、长圆形6份,3份为扁圆形,单果重 介于150~180 g之间(除 XingN021 外);除 QDL-2-1、ODL-2-2、XingN021 果实有绿肩,其余均无绿肩; SengW来源于中国,其余均来源于欧洲。第Ⅲ类群 包括10份,果形长圆形3份,近圆形2份,扁圆形5 份:均来源于欧洲、无绿肩、单果重介于130~200g 之间,其中3份材料单果重只有130g。第IV类群包 括2份,为BEIY-1-1和BLT-L,二者均为来源于欧 洲、无绿肩、平均单果重均150g,前者果形为长圆 形,后者为近圆形。第V类群包括10份,除QD-3 和 T06-1 有绿肩外,其余均无绿肩;单果重介于 130~160 g之间: 果形扁圆形 3 份、近圆形 3 份、圆 形1份、长圆形3份; WX8-1和L35来源于中国, SHOU-2来源于以色列,其余均来源于欧洲。第VI 类群包含11份,均无绿肩;单果重从120~200g均 有分布:果形扁圆形5份、近圆形3份、微长圆形2 份和长圆形1份;1420WL、L50-1-1和 J-2F8-1-1分 别来源于以色列、澳大利亚和中国,其余8份来源于 欧洲。第Ⅲ类群只有1份材料,为SHOU-3,果实为 扁圆形、无绿肩,单果重155g,来源于以色列。





Fig. 3 Phenetic relationship among 60 tomato self-bred lines from UPGMA cluster analysis of the Jaccard similarity coefficient

## 3 讨论

栽培种番茄(L. esculentum)同野生种番茄相比 遗传变异小。姚祝平等[13]对12份野生种番茄及 32 份栽培种番茄进行 AFLP 分析,得到的多态性 条带率为 60.5%。Y. H. Park 等<sup>[5]</sup>利用 AFLP 标 记对主要来源于美国加州74个番茄品种进行遗 传多样性分析,多态性条带率为9.3%,遗传相似 系数为0.16~0.98,72%的遗传相似系数超过0.5。 本研究所用材料的遗传相似系数介于 0.259~ 0.952之间,表明现有栽培番茄品种存在一定的遗 传多样性,但遗传背景相对狭窄。J. J. Ruiz 等<sup>[9]</sup> 采用 SRAP 标记在栽培种番茄材料间检测到了 15.1%的多态性,这些标记可以将所有的品种区 分开来:SSR 标记在所有栽培种番茄中平均可以扩 增5个位点,平均多样性指数为0.28,但这些SSR 标记区分不同品种的能力不及SRAP标记。 S. Benor 等<sup>[6]</sup>利用 SSR 标记对番茄自交系遗传多样 性进行分析,每对 SSR 引物检测到 4.3 个多态性位 点,平均多样性指数为0.28。本研究借助 Eco RI 和 Msel 两种限制性内切酶对栽培种番茄进行 AFLP 分 析,平均每对 AFLP 选择性扩增引物可以检测到 15 个多态性位点,平均多态率为27.7%,所获得的平

均多态性位点数、平均多态率要明显高于 Y. H. Park 等<sup>[5]</sup>的报道。从特有指纹数和匹配概率来看,基本 每对引物都表现出了很好的遗传多样性分析能力, 而且仅用引物组合 E7 M4 和 E7 M10 就可以得到 60 个番茄自交系各自特有的指纹图谱,可以有效 区分不同自交系。上述结果表明,在茄子上建立 的 AFLP 分析体系用于番茄遗传多样性分析时同 样表现出了较高的检测效率,提供的信息量比 较大。

S. Benor 等<sup>[6]</sup>发现番茄聚类结果与地理来源及 生长习性(无限生长型和有限生长型)相关,但本研 究中聚类结果与地理来源未表现出明显的相关性, 这可能因为 60 份番茄自交系是多代自交纯化分离 的硬果型材料,地理来源接近;也可能由于广泛的引 种,许多材料可能具有相同或相似的遗传背景,存在 同物异名的现象。另外,本研究中聚类结果与平均 单果重、果形、有无绿肩等性状也没有表现出一定的 相关性。

60 份番茄自交系中具有 TYLCV(TYCLV, tomato yellow leaf curl virus)抗性位点<sup>[14]</sup>的番茄自交 系,如 QD-1、QD-3、TM07006 和 ZRSP,等,该位点 是通过远缘杂交从野生番茄导入的,但是这些自 交系也没有按照抗性聚在一起。T. C. Nesbitt 等<sup>[2]</sup> 研究表明有的番茄品种果形及平均单果重上差异 很大,但基因的差别很小。G. E. Williams 等<sup>[15]</sup>也 认为番茄受单基因或少数基因控制的性状,如抗 病性对整个遗传多样性的贡献率只是很小的一部 分。60份自交系是按照平均单果重、果形、有无 绿肩、田间抗性等指标定向选择得到的,从 AFLP 技术对其 DNA 水平差异的分析可见在这些表型 的后面有着复杂的遗传背景。本文采用 AFLP 技 术对优质硬果型番茄材料的亲缘关系及遗传多 样性进行了分析,明确了其分类地位,为这些资 源的合理利用及合理组合配制杂交种提供了理

论参考。

#### 参考文献

- [1] Miller J C, Tanksley S D. RFLP analysis of phylogenetic relationships and genetic variation in the genus *Lycopersicon* [J]. Theor Appl Genet, 1990, 80:437-448
- [2] Nesbitt T C, Tanksley S D. Comparative sequencing in the genus Lycopersicon; implications for the evolution of fruit size in the domestication of cultivated tomato[J]. Genetics, 2002, 162:365-379
- [3] 张洪溢,余诞年,王锐萍,等.番茄种质资源遗传多样性分析 与 RAPD 应用[J]. 植物遗传资源学报,2003,4(2):151-156
- [4] Archak S, Karihaloo J L, Jain A. RAPD markers reveal narrowing genetic base of Indian tomato cultivars [J]. Curr Sci, 2002, 82 (9):1139-1143
- [5] Park Y H, West M A L, St Clair D A. Evaluation of AFLPs for germplasm fingerprinting and assessment of genetic diversity in cultivars of tomato (*Lycopersicon esculentum* L.) [J]. Genome, 2004,47:510-518
- [6] Benor S, Zhang M Y, Wang Z F, et al. Assessment of genetic variation in tomato (*Solanum lycopersicum L.*) inbred lines using SSR molecular markers[J]. J Genet Genomics, 2008, 35:373-379
- [7] He C, Poysa V, Yu K. Development and characterization of simple sequence repeat (SSR) markers and their use in determining relationships among *Lycopersicon esculentum* cultivars[J]. Theor Appl Genet, 2003, 106:363-373
- [8] 宋建,陈杰,陈火英,等.利用 SSR 分子标记分析番茄的遗传 多样性[J].上海交通大学学报:农业科学版,2006,24(6): 524-528
- [9] Ruiz J J, García-Martínez S. Genetic variability and relationship of closely related Spanish traditional cultivars of tomato as detected by SRAP and SSR markers [J]. J Am Soc Hortic Sci,2005,130 (1):88-94
- [10] 蒋向辉,佘朝文,许栋,等. ITS 序列在西红柿种质资源鉴定中的应用[J].中国农学通报,2010,26(5):63-67
- [11] 孙保娟,李植良,黎振兴,等. 茄子及其近缘野生种 AFLP 分析 体系的建立[J]. 分子植物育种,2008,6(1):183-186
- [12] Caetano-Anolles G, Callahan L, Gresshoff P M. The origin of Bermudagrass (*Cynodon*) off-types inferred by DNA amplification fingerprinting [J]. Crop Sci, 1997, 37:81-87
- [13] 姚祝平,叶青静,杨悦俭,等.番茄种质资源遗传多样性的 AFLP分析[J].浙江农业学报,2010,22(2):156-160
- [14] 孙保娟,李植良,卢琳,等. 番茄资源 TYLCV 抗性的分子检测 [J]. 园艺学报,2011,38(S);2565
- [15] Williams C E, St Clair D A. Phenetic relationships and levels of variability detected by restriction fragment length polymorphism and random amplified fragment length polymorphic DNA analysis of cultivated and wild accessions of *Lycopersicon esculentum* [J]. Genome, 1993, 36(3):619-630