

应用 SRAP 标记分析金丝瓜 (*Cucubita pepo* L.) 种质资源遗传多样性与亲缘关系

刘 星¹, 祁建民¹, 朱忠南², 徐建堂¹, 陶爱芬¹, 张立武¹, 林荔辉¹, 方平平¹

(¹ 福建农林大学作物遗传育种与综合利用教育部重点实验室/福建省作物设计育种重点实验室/

福建省南方特色经济作物遗传育种与多用途综合利用国际合作基地,

福州 350002; ² 上海市崇明县蔬菜科学技术推广站, 上海 202150)

摘要: 本研究应用 SRAP 分子标记技术对 56 份金丝瓜和 32 份南瓜属 (包括美洲南瓜、中国南瓜、印度南瓜) 种质资源遗传多样性与亲缘关系进行分析。结果表明: (1) 从 285 对 SRAP 引物中共筛选出 50 对多态性引物对供试品种基因组 DNA 进行 PCR 扩增, 获得 713 条清晰可辨的标记, 其中多态性条带 634 条, 多态性比率达 88.92%, 说明南瓜属种间遗传多样性较丰富; (2) 在 56 份金丝瓜品种中, 共扩增出 586 条清晰可辨条带, 多态性条带 350 条, 多态性比率为 59.73%, 说明金丝瓜品种间的遗传相似性较高; (3) 通过分子聚类分析可将供试金丝瓜品种划分为 5 个亚类群。金丝瓜与美洲南瓜的亲缘关系较近, 与中国南瓜的亲缘关系较远, 而与印度南瓜的亲缘关系最远; 分子聚类分析结果证实金丝瓜为美洲南瓜的一个变种。

关键词: 南瓜属; 金丝瓜; SRAP; 遗传多样性; 亲缘关系

Genetic Diversity Analysis of Spaghetti Squash and Genetic Relationship to *Cucurbita* Genus by Using SRAP Marker

LIU Xing¹, QI Jian-min¹, ZHU Zhong-nan², XU Jian-tang¹,

TAO Ai-fen¹, ZHANG Li-wu¹, LIN Li-hui¹, FANG Ping-ping¹

(¹ Key Laboratory of Ministry for Genetics, Breeding and Multiple Utilization of Crops, Fujian Agriculture and Forestry University/Fujian Provincial Key Laboratory of Crop Breeding by Design/ Fujian Province International Cooperation Base for Genetics, Breeding and Multiple Utilization of Characteristic Economy Crops in South, Fuzhou 350002;

² Vegetable Technology Extension Station of Chongming Country, Shanghai 202150)

Abstract: In this study, the SRAP markers were employed to analyze the genetic diversity and relationship between 56 spaghetti squash and 32 *Cucurbita* genus cultivated species (including *Cucurbita moschata*, *C. pepo* and *C. maxima*). The results showed that: (1) There were 50 SRAP primer pairs selected from 285 primer pairs, which amplified a total of 713 bands via PCR. Amongst them, 586 bands were polymorphic with a percentage of 88.92%, which suggested that *Cucurbita* genus was rich in genetic diversity. (2) There were 586 bands generated within the 56 spaghetti squash accessions. 350 (59.7%) of these bands were polymorphic, which revealed that the genetic similarity of spaghetti squash cultivars was high. (3) The 56 spaghetti squash accessions could be clustered into five major sub-groups, according to the analysis on genetic similarity coefficient. Spaghetti squash had the closest genetic relationship to *C. Pepo*; a closer relationship to *Cucurbita moschata* whereas its relationship with *C. Maxima* was farthest. According to the above results, we could confirm that the spaghetti squash could be regarded as a subspecies of *C. pepo*.

收稿日期: 2014-11-26 修回日期: 2015-01-04 网络出版日期: 2015-10-29

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20151029.0955.016.html>

基金项目: 引进国际先进农业科学技术计划 (“948 计划”) 项目 (2013-Z70); 福建省南方特色经济作物遗传育种与多用途综合利用国际合作基地 (闽科计 [2015] 19 号对外合作项目 (2015I0001))

第一作者主要从事作物种质资源与遗传育种研究。E-mail: liuxing920723915@163.com; 祁建民为并列第一作者

通信作者: 祁建民, 主要从事作物遗传育种、生化与分子生物学研究, E-mail: qijm863@163.com;

朱忠南, 研究方向为蔬菜遗传育种, E-mail: zzn712@163.com

Key words: *Cucurbita* genus; spaghetti squash; SRAP; genetic diversity; genetic relationship

南瓜为葫芦科(*Cucurbitaceae*)南瓜属(*Cucurbita*)一年生草本植物,是人类最早栽培的古老作物之一,也是中国栽培的主要蔬菜作物之一。全世界南瓜属植物共有 27 个种,染色体 $2N = 2X = 40$,其中有栽培价值的种 5 个,即中国南瓜(*Cucurbita moschata* Duch. ex Poir)、印度南瓜别名笋瓜(*Cucurbita maxima* Duch. ex Lam)、美洲南瓜别名西葫芦(*Cucurbita pepo* L.)、黑籽南瓜(*Cucurbita ficifolia* Bouche)和灰籽南瓜(*Cucurbita mixta* Pang.)^[1-2]。其中前 3 个种食用价值较高是粮菜兼用型的园艺作物。金丝瓜(*Cucurbita pepo* L. var. *medullosa* Alef)又名搅瓜、金瓜,起源于墨西哥或中北美洲地区^[3],是美洲南瓜的一个变种,我国在明代已有引进栽培。其果皮、果肉色泽金黄,果肉能搅拌成晶莹透明的丝状,有“植物海蜇”的美称,营养成分丰富,尤以富含维生素和矿物质而著称^[3-4]。此外金丝瓜还含有丰富的人体所必须的腺嘌呤、葫芦巴碱、丙醇二酸、瓜氨酸、天冬氨酸、精氨酸等多种氨基酸^[5]。但在我国其育种基础相对滞后,多数金丝瓜种子保存、引种、利用仅限于农户之间,使得金丝瓜种质在一定程度上出现了退化。随着金丝瓜产业发展和生产需求,使金丝瓜遗传多样性、品种培育和基础研究显得更为重要。

前人运用形态学特征、同工酶和分子标记技术,研究了金丝瓜与南瓜属的亲缘关系。如方智远等^[6]编写的中国蔬菜作物图鉴,依据形态学将金丝瓜归入美洲南瓜中,林德佩^[7]以果实形状及果形指数为主要指标将美洲南瓜划分为 8 个品种群,其中金丝瓜属于搅丝瓜品种群(Spaghetti group)。D. S. Decker 等^[8]用同工酶标记,L. Gong 等^[9]用 SSR 标记也都得出相似的结论,M. Ferriol 等^[10]用 SRAP 及 AFLP 分子标记得出美洲南瓜分成 2 个亚类 *ssp. pepo* 和 *ssp. Ovifera*,其中金丝瓜属于亚种 *ssp. pepo* 的一个类群。由于受到地理环境、种内、种间杂交的影响,从形态学特征上观察,金丝瓜品种类型也呈丰富多样化,仅株型特征、果实形状、颜色和大小就呈现出较大差异。以往的研究报道由于受品种资源所限,存在材料来源与分布代表性不广,品种数量不足等缺陷。因此,所获得的结论有一定局限性,未能全面揭示金丝瓜的遗传背景。金丝瓜作为美洲南瓜的一个亚类或变种,同其他南瓜属栽培种之间具有一定的杂交亲和性,因此研究金丝瓜同其他南瓜栽培种之间的遗传多样性和亲缘关系,对促进金丝瓜育种的优良性状基因转移和提高育种

效率有重要意义。

SRAP(sequence related amplified polymorphism)分子标记相对于其他分子标记具有操作简单、重复性好、产率高等优点^[11-12]。目前 SRAP 分子标记已广泛应用于图谱构建和遗传多样性与亲缘关系分析。如王呈丹等^[13]用 SRAP 分子标记研究红掌品种的亲缘关系;曾兵等^[14]用 SRAP 分子标记研究了鸭茅的遗传多样性;乔燕春等^[15]用 SRAP 研究冬瓜、节瓜的亲缘关系;王凤涛等^[16]利用 SRAP 分子标记分析小麦栽培品种的遗传多样性。本研究采用 SRAP 分子标记对 56 份金丝瓜品种进行遗传多样性与亲缘关系分析,同时增加 6 份中国南瓜、9 份印度南瓜、17 份美洲南瓜品种,旨在进一步明确金丝瓜与中国南瓜、印度南瓜及美洲南瓜 3 个栽培种的亲缘关系,为金丝瓜与其近缘种间的利用与种质资源分类提供科学依据,从而有助于关键性状和有利基因转移,加速金丝瓜新品种选育进程。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料主要来自于上海市崇明县蔬菜技术推广站及福建农林大学作物遗传改良研究所多年收集、选育的品种资源。供试材料共 88 份,包含 56 份金丝瓜品种、17 份美洲南瓜品种、6 份中国南瓜品种和 9 份印度南瓜品种(表 1)。

1.2 DNA 提取

于 2013 年 9 月在福建农林大学三明洋中科研基地大棚栽培种植,取幼苗 3~5 叶期幼嫩叶片,采用 CTAB 法提取总 DNA,通过琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度法定量,并将 DNA 提取液稀释至终浓度 25 ng/ μ L,置于 -20 °C 冰箱保存备用。

1.3 引物筛选

从供试材料中选取南瓜属 3 个种 6 份形态学差异较大的金丝瓜、南瓜和西葫芦材料,对合成的 285 对 SRAP 引物(表 2)进行特异性扩增,从中筛选出 50 对多态性好的 SRAP 引物,对 88 份供试材料进行 SRAP 扩增。扩增反应体系如下:15 μ L 的反应体系包括 75 ng DNA,0.7 μ mol/L 引物,150 μ mol/L dNTPs,1.2 μ mol/L $MgCl_2$,10 $\times$ buffer 和 0.75U *Taq* DNA 聚合酶(Takara)。PCR 反应程序:94 °C 预变性 5 min;94 °C 1 min,35 °C 1 min,72 °C 1 min,5 个循环;94 °C 1 min,52 °C 1 min,72 °C 1 min,35 个循环;72 °C 延伸 10 min。PCR 产物在 1.2% 的聚丙烯酰胺凝胶上进行扩增。

表 1 供试南瓜属 3 个种的品种名称及来源

Table 1 The *Cucurbita* genus accessions used in this study

学名 Species	编号 Code	品种名 Name	产地 Origin	学名 Species	编号 Code	品种名 Name	产地 Origin
金丝瓜	1	TWJ2211	中国台湾	金丝瓜	45	T2	中国湖北
<i>Cucurbita pepo</i>	2	XA	中国西安	<i>Cucurbita pepo</i>	46	美丝	中国江苏
	3	XJ	中国新疆		47	美丝-2	中国江苏
	4	崇金 1 号	上海崇明		48	501	中国江西
	5	HN01	中国湖南		49	B1	中国新疆
	6	XIE	中国北京		50	CQ	中国重庆
	7	SD02	中国山东		51	AH06	中国安徽
	8	CM31	中国上海崇明		52	AH07	中国安徽
	9	CM30	中国上海崇明		53	AH08	中国安徽
	10	CM30-2	中国上海崇明		54	PAL	中国江苏
	11	CM29	中国上海崇明		55	BW-1	中国上海崇明
	12	CM28	中国上海崇明		56	BW-2	中国上海崇明
	13	CM27	中国上海崇明	美洲南瓜	57	Marrow	英国
	14	CM27-2	中国上海崇明	<i>Cucurbita pepo</i>	58	Tiger Gross	英国
	15	CM25	中国上海崇明		59	Buffermut	英国
	16	CM06	中国上海崇明		60	新早青一号	中国陕西
	17	505	中国江西		61	碧珠宝玉	中国江苏
	18	无蔓金丝瓜	中国江苏		62	雪玉	中国福建
	19	金丝搅瓜	中国江苏		63	油亮西葫芦	中国福建
	20	福农 1 号	中国福建		64	欧宝 F ₁	法国
	21	福农 2 号	中国福建		65	黑美丽	中国福建
	22	TM	中国湖北		66	京胡一号	中国北京
	23	TM-2	中国湖北		67	墨帝	中国山东
	24	HLD	中国辽宁		68	金黄后	美国
	25	BX	中国新疆		69	绿宝 2 号	中国山东
	26	BH	中国安徽		70	金珠 F ₁	中国安徽
	27	CM04	中国上海崇明		71	艺农	中国江苏
	28	CM05	中国上海崇明		72	宝玉西葫芦	中国江苏
	29	CM16	中国上海崇明		73	美国绿丹	美国
	30	CM26	中国上海崇明	中国南瓜	74	pumpkin F ₁	英国
	31	CM26-2	中国上海崇明	<i>Cucurbita moschata</i>	75	一串铃	中国湖南
	32	CM31	中国上海崇明		76	武夷山本地	中国福建
	33	CM32	中国上海崇明		77	蜜枣 998	中国福建
	34	30 变黄	中国上海崇明		78	庭院南瓜	中国福建
	35	30-1	中国上海崇明		79	密本南瓜	中国浙江
	36	30-2	中国上海崇明	印度南瓜	80	Gnoss	英国
	37	JA02	日本	<i>Cucurbita maxima</i>	81	君川金粟	中国福建
	38	3*-1	中国上海崇明		82	美国大南瓜	美国
	39	3*-2	中国上海崇明		83	绿皮南瓜	中国江西
	40	HNO2	中国湖南		84	短蔓红南瓜	美国
	41	乐山	中国四川		85	胜粟	中国山西
	42	B 小	中国上海崇明		86	谢花面	中国山西
	43	2124	中国台湾		87	甜粟	中国安徽
	44	LH	中国上海崇明		88	黑冠军	印度

表中 57、59、61、67、80 为杂交品种,其余为常规品种

Among all of the cultivars only number of 57,59,61,67 and 80 are hybrids,the rest are inbred lines

表 2 SRAP 引物序列表

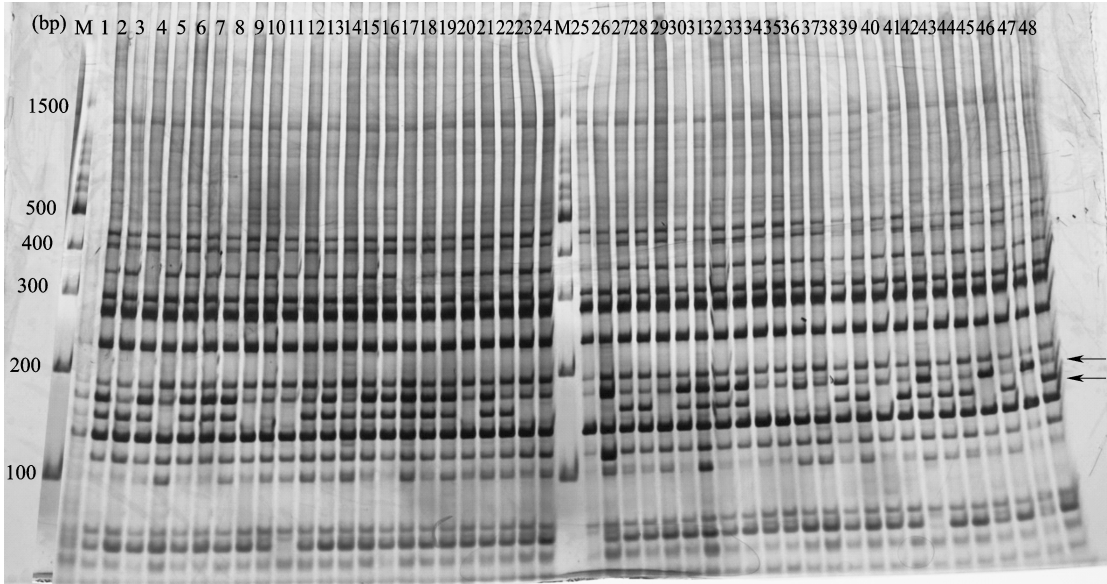
Table 2 List of sequence-related amplified polymorphism(SRAP) primers and their sequences

引物 Primer	引物序列 Forward primer sequence(5'-3')	引物 Primer	引物序列 Forward primer sequence(5'-3')
Me1	TGAGTCCAAACCGGATA	Em1	GACTGCGTACGAATTAAT
Me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	Em2	GACTGCGTACGAATTTGC
Me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	Em3	GACTGCGTACGAATTGAC
Me4	TGAGTCCAAACCGGACC	Em4	GACTGCGTACGAATTTGA
Me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em5	GACTGCGTACGAATTAAC
Me6	TGAGTCCAAACCGGACA	Em6	GACTGCGTACGAATTGCA
Me7	TGAGTCCAAACCGGACG	Em7	GACTGCGTACGAATTCAA
Me8	TGAGTCCAAACCGGACT	Em8	GACTGCGTACGAATTCAC
Me9	TGAGTCCAAACCGGAGG	Em9	GACTGCGTACGAATTCAG
Me10	TGAGTCCAAACCGGAAA	Em10	GACTGCGTACGAATTCAT
Me11	TGAGTCCAAACCGGAAC	Em11	GACTGCGTACGAATTCTA
Me12	TGAGTCCAAACCGGAGA	Em12	GACTGCGTACGAATTCCTC
Me13	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em13	GACTGCGTACGAATTCTG
Me14	TGAGTCCAAACCGGTAG	Em14	GACTGCGTACGAATTCTT
Me15	TGAGTCCAAACCGGCAT	Em15	GACTGCGTACGAATTGAT
Me16	TGAGTCCAAACCGGTCT		
Me17	TGAGTCCAAACCGGTAA		
Me18	TGAGTCCAAACCGGTCC		
Me19	TGAGTCCAAACCGGTGC		

1.4 数据分析与处理

PCR 产物经电泳银染后在聚丙烯酰胺凝胶上进行 PCR 扩增,片段分子量的大小呈现不同的位置(图 1)。根据同一水平线上不同材料相同扩增片段标记来显示多态性的变化。读带时选

取清晰的条带进行统计,“1”代表有条带,“0”代表没有条带,建立 0、1 数据矩阵。采用 NTSYS-pc 2.1 统计分析软件计算遗传相似性系数,并按 UPGMA 方法进行聚类分析,绘制分子聚类树状图。



图中序号表示品种编号 The serial number in figure are the varieties codes

图 1 Me9/Em13 引物的扩增结果

Fig. 1 Amplified result of primer Me9/Em13

2 结果与分析

2.1 SRAP 扩增产物多态性及南瓜属亲缘关系分析

采用 50 对多态性 SRAP 引物组合,对包含南瓜属材料 88 份品种基因组 DNA 进行扩增,共产生了 713 个清晰可辨的条带,其中多态性条带共 634 条,多态性比率为 88.92%。表明南瓜属种间遗传多样性较丰富,遗传背景也相对复杂。其中 56 份金丝瓜材料共扩增出 586 条清晰条带,其中多态性条带 350 条,多态性比率 59.73%,表明供试 56 份金丝瓜品种间遗传相似性较高、亲缘关系较近。从分子聚类图(图 2)中还可以看出,南瓜属不同类型种间的遗传差异分类十分清楚。在遗传相似系数为 0.74 时,可将供试材料分成 4 类(A、B、C、D)。A 类为印度南瓜包括 9 份材料;B 类为中国南瓜包括 6 份材料;C 类为美洲南瓜包括 7 份材料;D 类包括 10 份美洲南瓜和 56 份金丝瓜品种。南瓜属 3 个栽培种的划分与植物学分类结果基本一致,即金丝瓜与西葫芦的亲缘关系最近与中国南瓜的亲缘关系较远,与印度南瓜的亲缘关系最远。在遗传相似性系数为 0.80 时可以将 D 类美洲南瓜分成 D-I 和 D-II 两类,其中 D-I 为 56 份金丝瓜品种,D-II 为 10 份美洲南瓜品种。C 类 7 份美洲南瓜,从形态学上观察,果型呈现出直颈或弯颈的表型,而 D 类则呈现出圆柱或圆锥型的表型,表现出金丝瓜在美洲南瓜种中渐进的遗传演化关系。故本研究能够从基因组 DNA 水平上证实金丝瓜与南瓜属 3 个种之间的进化亲缘关系,即金丝瓜与美洲南瓜的亲缘关系最近,与中国南瓜的亲缘关系较远,与印度南瓜的亲缘关系最远,可以在形态学和分子水平上进一步证实金丝瓜是美洲南瓜的一个亚种或变种,属于美洲南瓜亚种 *ssp. pepo* 的一个类群。

2.2 金丝瓜的遗传多样性分析

从图 2 聚类中可观察到,根据遗传相似系数阈值(GS),在遗传相似性系数 0.86 时,可将金丝瓜分成 5 个小亚类即 I a、I b、I c、I d 和 I e。这 5 个亚类在形态学上有一定的差异,主要表现在与果实相关性状上。如 I a 和 I b 两个小亚类仅表现为球状果型大小的差异,I a 小亚类平均果重为 0.5 kg;而 I b 亚类平均果重为 0.85 kg。而 I c、I d 和 I e 亚类的果实形态表现为大果圆柱形上的大小差异,如 I c 小亚类果实大小平均都在 4 kg 以上;I d 小

亚类的平均果重为 1.5 kg;I e 小亚类的平均果重为 2~3 kg。除了在果实形状及果实重量上表现出一定的差异外,这些栽培种在分子水平上也显示出一定的地理来源的关联性。I a 包括 2 个来于上海崇明的品种(BW-1 和 BW-2),且这 2 个品种具有相似的形态学特征,如长蔓、小果型、茎细小、小叶片和小粒种子。搜集源自安徽省的 I b 小亚组品种 BH 与收集自崇明岛的 I a 小亚类栽培种,在形态学上表现出一定的相似性,不同的是果型及叶片大小有一定差异;在小亚组 I c 中,6 个品种基本都来自安徽省;在 I d 小亚组中的 7 个品种,分别来自新疆、上海、江苏、湖北、江西和台湾等多个省,其表现出的遗传相似性可能与人为引种利用有关;而小亚组 I e 中,大部分品种都源自上海及其周边区域,可能与品种在当地扩种利用有关。上述结果表明,我国金丝瓜的自然地理分布主要在华东地区,I a 崇明岛和 I c 安徽省及 I e 上海的品种间的遗传差异性与长期异交或系统选择有关。而 I d 品种来自全国不同省份可能与引种利用有关。本研究还发现编号为 36 和 37 两个品种为同种异名,其遗传相似性高达 0.97 以上,表明其遗传基础与相似性或同质性没有太大本质上的差异。另外在亚类 I e 中如福建农林大学育成的 FN01、FN02 和 JA02 等与来源自美国和日本的种质材料聚在一起,是育种家利用美国的品种杂交育成,与遗传基础背景的相似性有关。

3 讨论

金丝瓜作为一种名特优蔬菜,自大航海时期传入中国,历经 500 余年的栽培种植,在我国已逐渐形成了具有不同形态特性的栽培品种,但长期的定向遗传改良使生产上推广应用的品种遗传基础日益狭窄,许多品种出现了遗传相似性逐步趋同现象。分子标记技术已经在蔬菜作物中得到广泛的利用,尤以黄瓜、西瓜、甜瓜的亲缘关系和遗传多样性研究的较为深入。关于南瓜属的遗传多样性及亲缘关系前人已有研究,如李俊丽等^[17]用 21 个 RAPD 标记对南瓜属种质资源进行分析,张天明等^[18]用 AFLP 对 4 个栽培种 88 份南瓜材料进行亲缘关系分析,但是极少有学者较系统收集美洲南瓜中的金丝瓜种质研究其基因组 DNA 遗传背景。本研究通过 SRAP 分子标记,开展金丝瓜材料与 3 个主要南瓜属种间材料的遗传差异分析,明确其亲缘关系,为金丝瓜品种杂交育种、系谱分析及品种身份证绘制提供科学依据。

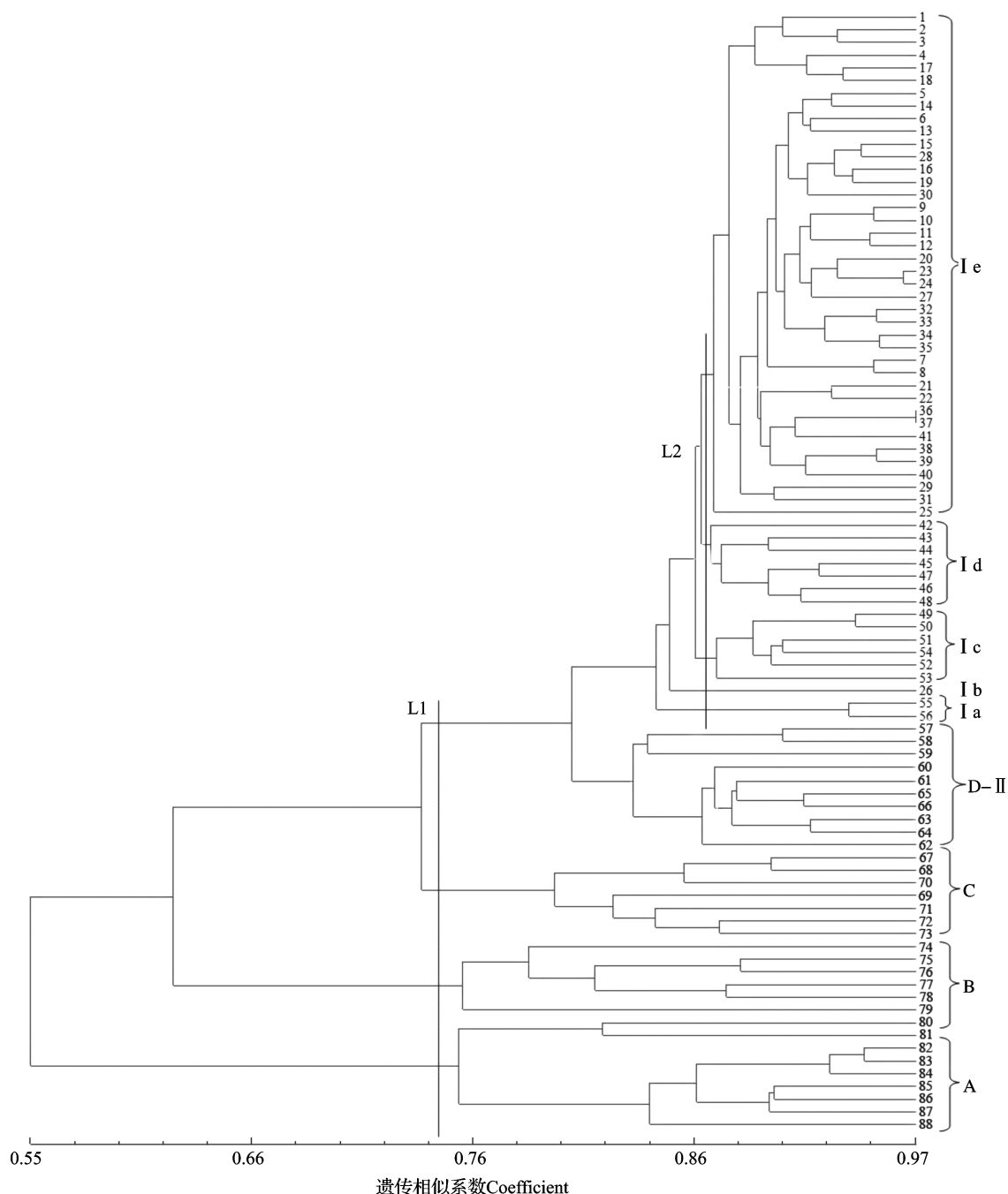


图2 88份南瓜属材料的SRAP分子聚类图

Fig.2 Dendrogram by cluster analysis based on SRAP marker of 88 cultivars of *Cucurbita* genus

本试验中筛选出 50 对 SRAP 多态性引物组合,对 88 份南瓜属品种进行研究,共检测到 713 个位点,其多态性位点 634 个,多态性比率 88.92%,其中 56 份丝瓜品种扩增出 586 条清晰条带,其中多态性条带 350 条,多态性比率 59.73%。M. Ferriol^[10]等采用 SRAP 及 AFLP 技术对 69 份美洲南瓜(其中 6 份丝瓜品种)进行遗传多样性研究,11 对 SRAP 引物组合产生 88 个位点,其中多态性位点 64

个,多态性比率为 72.7%。本研究与前人研究比较,虽然平均每个引物组合扩增条带数和多态性比率相差不大,但本研究中引物组合及丝瓜品种资源数明显超过前者,故能更准确地揭示南瓜属种间的遗传进化关系。

SRAP 聚类分析显示美洲南瓜与中国南瓜的亲缘关系较近,与印度南瓜亲缘关系较远,这一结果与前人的研究结果相一致^[19-21]。同时也在分子水平

上进一步证明了金丝瓜与美国南瓜的亲缘关系最近,支持了金丝瓜是美洲南瓜的一个变种的科学提法。聚类分析同时也揭示出金丝瓜品种间的遗传多样性,可以将国内外金丝瓜栽培品种在分子水平上分成5个小亚类。这5个小亚类在一定程度上揭示了它们之间的株型与果型差异,这一分类结果反映了人们对果型及产量的定向选择,对金丝瓜果形及果重的遗传多样性差异产生较大影响,这与前人研究提出果形性状是受复杂多基因控制有关。此外,从图2聚类分析还可以看出金丝瓜品种类型间的遗传相似性较高,但与美洲南瓜存在变种间的遗传差异性。因此,今后应在重视扩大种质资源收集范围的同时,还需要通过各种育种技术手段,将南瓜属种质资源中具有高产、多抗、优质等有利基因导入金丝瓜,从而有效促进现有品种改良和新品种选育。

参考文献

- [1] Whitaker T W, Bemis W P. Origin and evolution of the cultivated *Cucurbita* [J]. Bull Torrey Bot Club, 1975, 102: 362-368
- [2] Gong L, Paris H S, Stift G, et al. Genetic relationships and evolution in *Cucurbita* as viewed with simple sequence repeat polymorphisms: the centrality of *C. okeechobeensis* [J]. Genet Resour Crop Ev, 2013, 60(4): 1531-1546
- [3] Maynard D N, Hochmuth G J, Vavrina C S, et al. Cucurbit production in Florida [J]. Vegetable production guide for Florida. Univ. Florida, IFAS, Extension, Gainesville, 2001: 151-178
- [4] Beany A H, Stoffella P J, Roe N, et al. Production, fruit quality, and nutritional value of spaghetti squash [M]//Trends in new crops and new uses. Alexandria, VA: ASHS Press, 2002: 445-448
- [5] 朱忠南. 金瓜栽培与加工 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2009: 1-17
- [6] 方智远, 张武男. 中国蔬菜作物图鉴 [M]. 南京: 江苏科学技术出版社, 2011: 132-135
- [7] 林德佩. 南瓜植物的起源和分类 [J]. 中国西瓜甜瓜, 2000 (1): 36-38
- [8] Decker D S, Wilson H D. Allozyme variation in the *Cucurbita pepo* complex: *C. pepo* var. *ovifera* vs. *C. texana* [J]. Syst Bot, 1987: 263-273
- [9] Gong L, Paris H S, Nee M H, et al. Genetic relationships and evolution in *Cucurbita pepo* (pumpkin, squash, gourd) as revealed by simple sequence repeat polymorphisms [J]. Theor Appl Genet, 2012, 124(5): 875-891
- [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(2): 271-282
- [11] 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(2-3): 455-461
- [12] 盖树鹏, 盖伟玲, 黄进勇. SSR 与 SRAP 标记在玉米品种鉴定中的比较研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(3): 468-472
- [13] 王呈丹, 牛俊海, 张志群, 等. 红掌品种亲缘关系 SRAP 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(4): 759-763
- [14] 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
- [15] 乔燕春, 林锦英, 谢伟平, 等. 节瓜、冬瓜重要性状多样性及亲缘关系的 SRAP 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(5): 1150-1155
- [16] 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
- [17] 李俊丽, 向长萍, 张宏荣, 等. 南瓜种质资源遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. 园艺学报, 2005, 32(5): 834-839
- [18] 张天明, 屈冬玉, 王长林, 等. 南瓜属 4 个栽培种亲缘关系的 AFLP 分析 [J]. 中国蔬菜, 2006(1): 11-14
- [19] 李海真, 许勇. 南瓜属三个种的亲缘关系与品种的分子鉴定研究 [J]. 农业生物技术学报, 2000, 8(2): 161-164
- [20] 孙正海, 李跃建, 宋明, 等. 南瓜属三个种种质的遗传多样性 [J]. 西南农业学报, 2004, 17(1): 71-73
- [21] 刘小俊, 李跃建, 梁根云, 等. 南瓜资源遗传多样性的 SRAP 分析 [J]. 四川大学学报: 自然科学版, 2010(5): 1195-1200

欢迎订阅 2016 年《山东农业科学》

《山东农业科学》是山东省农业科学院、山东农学会、山东农业大学共同主办的综合性农业科技期刊。本刊为中国科技核心期刊、第二届和第三届中国期刊奖百种重点期刊、中国期刊方阵双百期刊、中国农学会优秀期刊、山东省十佳期刊、华东地区优秀期刊。

本刊主要栏目有生物技术、信息技术、遗传育种与种质资源、耕作栽培与生理生化、资源环境与植物营养、植物保护与农业气象、畜牧兽医与蚕桑水产、贮藏加工与质量检测、文献综述与专论、农业经济与管理等,及时报道农业科研的新成果、新进展、新方法和新技术。主要读者对象是农业科研人员、农业院校师生、农业管理干部、农技推广人员、农村科技示范户等。

月刊,每期定价 10 元,全年定价 120 元,国内外公开发行,邮发代号 24-2,各地邮局及本刊编辑部均可订阅。

地址:济南市工业北路 202 号

邮编:250100

电话:(0531)83179268

E-mail:sdnykx@saas.ac.cn;sdnykx@sina.com