

# 桃遗传多样性的 SRAP 和 SSR 标记分析

史红丽,韩明玉,赵彩平

(西北农林科技大学 园艺学院,陕西 杨凌 712100)

**摘要:**采用相关序列扩增多态性(SRAP)和简单序列重复多态性(SSR)分子标记,对47份桃(*Prunus persica*)品种的遗传多样性进行了分析。选用带型清晰的19对SRAP引物和5对SSR引物对47份桃品种的基因组DNA进行扩增,共检测到82个多态性位点。平均每对引物组合产生3.4个多态性位点。应用NTSYS-PC(Version 2.1)软件采用平均距离法(UPGMA)进行聚类分析。结果表明,47份桃品种的相关系数为0.501~0.842,从总体来看,所选取的47个桃品种相关系数相对较低,遗传多样性比较丰富。对聚类结果分析显示,大部分具有亲缘关系的品种及形态学、生物学特征相近的品种聚在一类,说明聚类分析结果与系谱及生物学特征具有一定的相符性。该研究结果对桃种质资源的鉴定,杂交亲本的选择具有一定的参考价值。

**关键词:**桃;SRAP;SSR;遗传多样性

**中图分类号:**S662.01 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-7091(2009)06-0187-06

## Genetic Diversity Analysis of *Prunus persica* Using SRAP and SSR Markers

SHI Hong-li, HAN Ming-yu, ZHAO Cai-ping

(College of Horticulture, Northwest Agriculture and Forestry University, Yangling 712100, China)

**Abstract:** Sequence related amplified polymorphism (SRAP) and simple sequence repeats (SSR) markers were employed to analyze the genetic diversity of *Prunus persica* varieties. Nineteen SRAP and five SSR primer combinations with clear band pattern and polymorphism were selected, which produced 82 polymorphism loci. The average number of polymorphic loci were 3.4 per primer pairs. Dendrograms were constructed by the unweighted pair group method of arithmetic average (UPGMA) using the NTSYS-PC version 2.1. The genetic similarity coefficient of 47 *Prunus persica* varieties ranged from 0.501 to 0.842. The low similarity coefficient indicated that there was high level of genetic diversity in the 47 *Prunus persica* varieties. The most of the varieties with relative relationship in their pedigrees and similar biological characteristics were clustered into the same group. These results provide a beneficial reference for genetic breeding of *Prunus persica*.

**Key words:** *Prunus persica*; SRAP; SSR; Genetic diversity

桃(*Prunus persica*)是起源于我国最古老的果树之一,其种质资源极其丰富,也是目前研究较为深入和广泛的果树种类<sup>[1]</sup>。20世纪90年代,人们主要从形态学<sup>[2-4]</sup>、细胞学<sup>[5]</sup>、酶学<sup>[6]</sup>、孢粉学<sup>[7]</sup>等方面对桃进行了大量的遗传多样性研究。近年来,随着分子生物学技术的发展,研究热点转向从遗传物质DNA本身揭示桃种质的遗传多样性。程中平等<sup>[8]</sup>进行了以中国桃品种为主的RAPD分析,Marilyn L等<sup>[9]</sup>应用RAPD对美国栽培的主要桃品种进行了遗传多样性分析。这些研究工作为桃种质资源的研究

提供了丰富的数据资料。

序列相关扩增多态性<sup>[10]</sup>(Sequence-related amplified polymorphism, SRAP)是一种新型的基于PCR技术的标记,此技术由美国加州大学蔬菜作物系Li与Quiros于2001年提出。它具有简便、重复性高、易于分离条带及测序等优点,目前已应用于植物遗传多样性研究<sup>[11]</sup>、作物种质鉴定<sup>[12]</sup>和遗传连锁图的构建<sup>[13]</sup>等诸多领域。本研究首次应用SRAP标记对47个桃品种进行遗传多样性分析。为提高标记检测效率,应用SSR标记辅助分析,以期研究各材料

收稿日期:2009-10-10

基金项目:陕西省攻关项目(2006KD1-C27-01);农业部“948”项目(2006-C27)

作者简介:史红丽(1984-),女,山东东平人,在读硕士,主要从事果树育种与生物技术研究。

通讯作者:韩明玉(1962-),男,陕西扶风人,教授,主要从事果树种质资源和果树育种研究。

之间的亲缘关系,为桃种间分类研究和种质资源利用提供依据。

1 材料和方法

1.1 材料

供试材料为 47 个桃品种,采自西北农林科技大学园艺学院园艺场,材料编号、名称见表 1。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 采用改良 CTAB 方法<sup>[14]</sup>提取桃基因组 DNA。DNA 浓度用分光光度计检测,最后将纯化后的 DNA 稀释到 20 ng/ $\mu$ L 备用。

1.2.2 SRAP 分析 根据 Li 和 Quiros 已发表的 SRAP 引物组合,筛选出多态性好、条带清晰的 19 对引物进行扩增。扩增反应体系根据已建立和优化的桃 SRAP-PCR 反应体系设计<sup>[15]</sup>:25  $\mu$ L 反应体系中含有 0.12 mmol/L 的 dNTPs,3 mmol/L 的  $Mg^{2+}$ ,2 U 的 *Taq* 酶,0.3  $\mu$ mol/L 的引物,30 ng 的模板。扩增程序为:94 预变性 5 min;前 5 个循环:94 变性 1 min,35 复性 1 min,72 延伸 1 min;后 35 个循环:

94 变性 1 min,50 复性 1 min,72 延伸 1 min;循环结束后 72 延伸 10 min。扩增产物用 6%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,用银染法检测。

1.2.3 SSR 分析 根据已发表的核果类 SSR 引物序列<sup>[16]</sup>,筛选出多态性好、条带清晰的 5 对引物进行扩增。扩增反应体系为:15  $\mu$ L 反应体系中含有 0.15 mmol/L 的 dNTPs,3 mmol/L 的  $Mg^{2+}$ ,0.9 U 的 *Taq* 酶,0.4  $\mu$ mol/L 的引物,20 ng 的模板。扩增程序为:94 预变性 5 min;共计 45 个循环:94 变性 1 min,57 复性 1 min,72 延伸 1 min;循环结束后,72 延伸 8 min。取 7  $\mu$ L 扩增产物,3%琼脂糖凝胶电泳分离。经溴化乙锭 (EB) 染色后在紫外分析仪上检测并采集图像。

1.2.4 数据统计分析 对各材料各引物扩增情况做记录,仅统计清晰多态性带,有带记为 1,无带记为 0。作 0,1 矩阵图输入计算机,应用平均距离法 (UPGMA) 进行聚类分析并采用 NTSYS-PC (Version 2.1) 软件处理,建立聚类图。

表 1 47 个桃品种的名称

Tab.1 Names of 47 peach breeds

编号 No.	名称 Name	编号 No.	名称 Name	编号 No.	名称 Name
1	红明星	17	宁 2	33	宁 10
2	万寿红	18	宁 20	34	宁 13
3	新疆桃	19	宁 19	35	宁 17
4	丽春	20	鸭暖紫皮桃	36	宁 22
5	石林黄肉	21	阿布白桃	37	宁 16
6	朝晖	22	箭台 3 号桃	38	宁 6
7	割谷桃	23	黄干桃	39	宁 9
8	早红珠	24	沙红	40	宁 23
9	浅间白桃	25	燕红 11	41	宁 3
10	秦光 2 号	26	敦煌李光桃 (大)	42	宁 7
11	瑞蟠 5 号	27	箭台 2 号桃	43	宁 18
12	甜桃王	28	宁 24	44	宁 15
13	迎秋	29	敦煌李光桃 (小)	45	宁 14
14	加纳岩	30	新川中岛	46	宁 8
15	重阳红	31	美引 15 号	47	宁 11
16	秦王	32	安农水蜜		

2 结果与分析

2.1 DNA 的纯度及完整性检测

改良 CTAB 方法提取桃基因组 DNA 后,经琼脂糖凝胶电泳检测,如图 1。分光光度计检测结果显示:A260/A280 值位于 1.8 至 1.9 之间,A260/A230 值位于 2.0 至 2.1 之间。DNA 的质量较高,可进行 SRAP 分析。

2.2 引物的筛选及多态性分析

本研究利用 SRAP 标记和 SSR 标记进行桃的遗传多样性分析,从 110 对 SRAP 引物中筛选出 19 对、

从 50 对 SSR 引物中筛选出 5 对多态性适中,稳定性好的引物,对 47 个品种进行扩增,共产生 82 个多态性位点,平均每对引物组合产生 3.4 个多态性位点

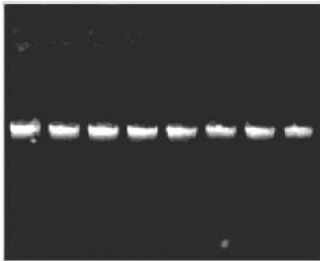


图 1 改良 CTAB 法提取 DNA 电泳结果

Fig.1 The peach leaves DNA with modified CTAB

(表 2)。多态性条带的大小为 100 ~ 4 000 bp (图 2), 特别在 200 ~ 2 000 bp 的区域, 扩增条带清晰, 多态性显著, 故主要选择该区域进行多态性条带的统计。大于 2 000 bp 的区域, 条带较密统计时容易出现误差; 小于 200 bp 的区域条带较弱差异不明显, 故这两个区域的多态性条带未列入统计。

表 2 24 对 SRAP 及 SSR 引物的扩增结果

Tab. 2 The amplification results of 24 SRAP/ SSR primer combinations		
引物组合 Primer combination	引物序列 Primer sequence	多态性位点数 Polymorphic bands
me1/ em5	5'-TGA GTCCAAACCGGATA-3 5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3	2
me3/ em6	5'-TGA GTCCAAACCGGAAT-3 5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3	4
me3/ em11	5'-TGA GTCCAAACCGGAAT-3 5'-GACTGCGTACGAATTCCA-3	3
me4/ em10	5'-TGA GTCCAAACCGGACC-3 5'-GACTGCGTACGAATTGAG-3	4
me4/ em11	5'-TGA GTCCAAACCGGACC-3 5'-GACTGCGTACGAATTCCA-3	2
me6/ em5	5'-TGA GTCCAAACCGGTAA-3 5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3	3
me6/ em6	5'-TGA GTCCAAACCGGTAA-3 5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3	1
me7/ em4	5'-TGA GTCCAAACCGGTCC-3 5'-GACTGCGTACGAATTGGA-3	3
me7/ em6	5'-TGA GTCCAAACCGGTCC-3 5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3	7
me7/ em10	5'-TGA GTCCAAACCGGTCC-3 5'-GACTGCGTACGAATTGAG-3	4
me7/ em11	5'-TGA GTCCAAACCGGTCC-3 5'-GACTGCGTACGAATTCCA-3	6
me9/ em5	5'-TGA GTCCAAACCGGTAG-3 5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3	8
me9/ em6	5'-TGA GTCCAAACCGGTAG-3 5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3	4
me9/ em8	5'-TGA GTCCAAACCGGTAG-3 5'-GACTGCGTACGAATTCTG-3	4
me9/ em11	5'-TGA GTCCAAACCGGTAG-3 5'-GACTGCGTACGAATTCCA-3	5
me10/ em2	5'-TGA GTCCAAACCGGTCT-3 5'-GACTGCGTACGAATTGCT-3	6
me10/ em5	5'-TGA GTCCAAACCGGTCT-3 5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3	3
me10/ em7	5'-TGA GTCCAAACCGGTCT-3 5'-GACTGCGTACGAATTCAA-3	4
me10/ em9	5'-TGA GTCCAAACCGGTCT-3 5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3	3
Pchcms1	5'-GTTACACCTCTGICACA-3 5'-CTTGGCTGGCATTCCTA-3	1
BPPCT008	5'-ATGGTGTGTATGGACATGATGA-3 5'-CCTCAACCTAAGACACCTTCACT-3	1
BPPCT009	5'-ATTCTGGGTTCGAATCCCT-3 5'-ACGAGCACTAGAGTAACCTCTCT-3	2
SSR - M2b	5'-GCCCTCCTCCTCCTCAGCCA-3 5'-GCATCCTTTTTTTGGACATAACCAC-3	1
BPPCT037	5'-CATGGAAGAGGATCAAGTGC-3 5'-CTTGAAAGGTAGTCCCAAGC-3	1

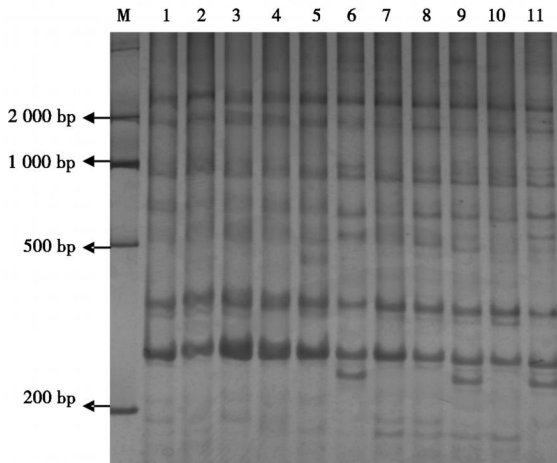


图2 SRAP引物 me10/ em5 对第 1~11 个桃品种的扩增结果

Fig.2 The amplification results of 1 - 11 peach breeds with SRAP primer me10/ em5

2.3 桃基因型特异性的 SRAP 标记

在 47 个桃基因型中,8 号早红珠在 SRAP 引物 me1/ em5 扩增时出现一条 1.3 kb 左右扩增带,其余品种均未出现此带(图 3)。6 号朝晖,9 号浅间白桃,11 号瑞蟠 5 号在 SRAP 引物 me10/ em5 扩增时出现一条 230 bp 左右的扩增带,其余品种均缺失此带(图 2)。这些品种的特征谱带,可以作为桃品种种质检索鉴定的依据。而且,这种从遗传物质 DNA 角度进行的种质鉴定相比于形态学角度更具有客观性和科学性。

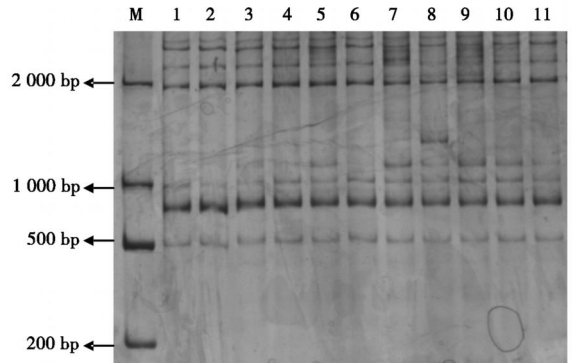


图3 SRAP引物 me1/ em5 对第 1~11 个桃品种的扩增结果

Fig.3 The amplification results of 1 - 11 peach breeds with SRAP primer me1/ em5

2.4 SRAP 标记的系统聚类分析

将 82 个多态性位点进行系统聚类分析,得到 47 个桃品种的聚类分析树状图(图 4)。47 个桃品种的相关系数为 0.501 ~ 0.842。其中,18 号宁 20 与 19 号宁 19 相关系数最大,为 0.842,说明这两者亲缘关系最近。1 号红明星与 44 号宁 15 相关系数最小,为 0.501,说明其亲缘关系最远。从总体来看,该 47 个桃品种的相关系数较低,遗传多样性比较丰富。这 47 份桃种质材料中,包括从美国,日本等地区引进的境外种质;国内品种又来源于甘肃,陕西,新疆等地区。广泛的种质来源以及丰富的遗传背景构成了桃遗传多样性的基础。

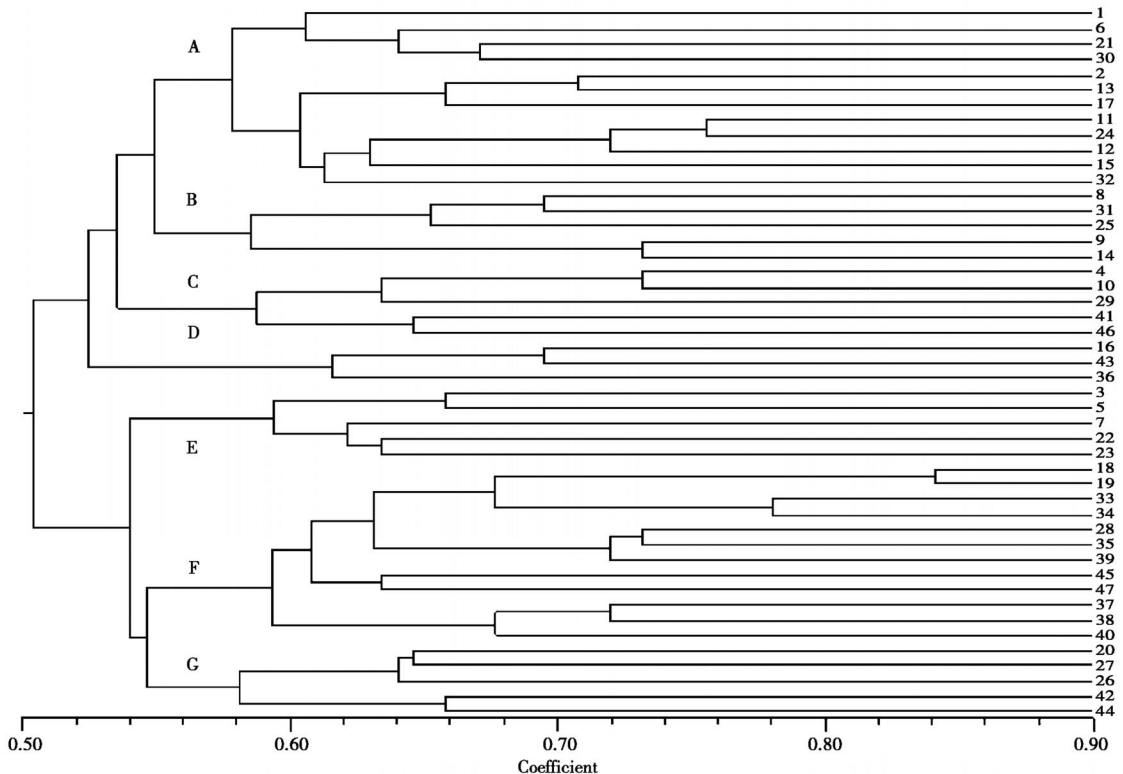


图4 47 个桃品种基于 SRAP 和 SSR 分析的聚类图

Fig.4 UPGMA dendrogram of 47 peach breeds on the basis of SRAP/ SSR markers

根据聚类图分析,在相关系数 0.580 处,可将 47 个桃品种分为 7 个类群。其中,A 类群又在相关系数 0.60 处分为 3 个亚类群,第 1 个亚类群中阿布白桃(21 号)和新川中岛(30 号)是日本品种,其亲缘关系最近,红明星(1 号)亲本之一为日本品种罐桃 14 号,朝晖(6 号)的亲本之一为日本品种桔早,这 4 个桃品种聚在一起,它们都具有日本国的血缘。第 2 个亚类群中万寿红(2 号)、迎秋(13 号)均为油桃品种。第 3 个亚类群中除美国甜桃王(12 号)外,其余均为我国选育培育的桃品种。重阳红(15 号)、安农水蜜(32 号)均为自然株变选育而成。该亚群中所有品种均味甜肉质韧耐贮藏。B 类群在相关系数 0.60 处分为 2 个亚类群,第 1 个亚类群中早红珠(8 号)、美引 15 号(31 号)、燕红 11(25 号)均为油桃品种,形态学特征相近。第 2 个亚类群中包括浅间白桃(9 号)、加纳岩(14 号),这 2 个桃品种均为日本国山梨县选育的白桃。C 类群在相关系数 0.60 处分为 2 个亚类群,第 1 个亚类群中丽春(4 号)、秦光二号(10 号)、敦煌李光桃(小)(29 号)均为我国培育油桃品种,系谱分析其亲缘关系相近。第 2 个亚类群包括宁 3(41 号)、宁 8(46 号)。D 类群中桃品种较少,包括秦王(16 号)、宁 18(43 号)、宁 22(36 号)。E 类群中所有品种均为我国培育,其中石林黄肉(5 号)、黄干桃(23 号)为黄桃品种。F 类群中各桃品种亲缘关系较近,包括宁 20(18 号)、宁 19(19 号)、宁 10(33 号)、宁 13(34 号)、宁 24(28 号)、宁 17(35 号)、宁 9(39 号)、宁 14(45 号)、宁 11(47 号)、宁 16(37 号)、宁 6(38 号)、宁 23(40 号)。这些品种均为地方品种。说明桃种质的聚类与地理来源具有明显的相关性。G 类群在相关系数 0.582 处分为 2 个亚类群,第 1 个亚类群中各桃品种均产自我国西部地区,第 2 个亚类群包括宁 7(42 号)、宁 15(44 号)2 个品种。不同的类群中,大部分具有亲缘关系的品种及形态学、生物学特征相近的品种聚在一类,说明聚类分析结果与系谱及生物学特征具有一定的相符性。然而一些生物学特征相差较大的桃品种,如新疆桃(3 号)和石林黄肉(5 号)也聚在一起,说明两者之间的基因型有相互渗透,具有较近的亲缘关系。从聚类的结果来看,地域对于聚类结果影响较大,日本桃品种,地方品种“宁”较集中的聚在聚类图的外侧,提示在选择杂交亲本时,注重扩大地域选择范围对于提高遗传多样性具有明显意义。

### 3 讨论

本研究结果与程中平等<sup>[17]</sup>研究结果相比,47 个

桃品种总体差异相对较大,遗传多样性较为丰富,究其原因,一是本研究所选取的桃种质地理多样性较为丰富,包含欧美、亚洲及我国不同地区,大多数桃品种的亲缘关系较远;二是所选 47 个桃品种的形态学差异较大,包括油桃、白桃、蟠桃、黄桃等多个类别;三是遗传背景较为丰富。既包含杂交育种,又包含诱变育种所获得的桃种质。

本研究所得聚类分析结果与生物学特征虽有一定的相符性,但也不完全一致。尤其表现在早熟品种(如安农水蜜、加纳岩)和中晚熟品种(如浅间白桃、红明星)两种类型的聚类结果相互交叉,分析原因,其一可能是控制早晚熟性状的基因只存在着几个碱基的变化,而 SRAP 和 SSR 分析无法对碱基的变异进行检测。因此,可以尝试其他能对单核苷酸进行标记的技术,如单核苷酸多态性标记(SNP)等,以便获得更多遗传多样性的资料。其二,这也可能与桃遗传多样性相对复杂有关。宗学普等<sup>[18]</sup>利用花粉蛋白 SDS 电泳分析,指出桃属各种、变种及类型亲缘关系是错综复杂的,汪祖华等<sup>[19]</sup>在进行花粉形态分析时指出,不同品种群间没有明显界限,彼此有交叉现象,这些结论与我们的分析较为一致。

桃品种的分类现仍有较大争议,有的主张以生态学分类,有的主张以果实特征分类。在本研究中,通过对品种特征带和聚类图进行分析,发现生态学分类不成立,与汪祖华等<sup>[24]</sup>研究结果一致。针对果实特征进行分类的主张,本研究认为,虽然油桃品种、白桃品种、黄桃品种在聚类图上常聚在一起,但某些果实相同的品种亲缘关系也较远,而且,硬肉桃品种割谷桃与黄桃品种聚在一起,说明以果实特征进行分类的提法不可靠。笔者认为,桃品种总体上难以划分品种群,程中平等<sup>[8]</sup>也有类似的主张。

对于新疆桃与普通桃亲缘关系的研究。在形态学上新疆桃与普通桃在叶脉上存在明显的区别,俞德俊<sup>[20]</sup>将其作为桃树中一个种而单独列出,然而,许多研究结果表明,新疆桃与普通桃亲缘关系较近。如郭振怀<sup>[5]</sup>等发现新疆桃和毛桃的核型一致,同属于 1B 型,二者具有很强的同源性;周建涛等<sup>[21]</sup>对新疆桃、光核桃、甘肃桃、山桃和普通桃的花药水溶性蛋白进行了等电聚焦电泳,结果表明:新疆桃与普通桃亲缘关系较近。俞明亮等<sup>[22]</sup>利用 SSR 研究新疆桃的分类地位指出:普通桃、新疆桃、陕甘山桃、甘肃桃 4 个品种被聚为一类。程中平等<sup>[23]</sup>利用 RAPD 技术对新疆桃分类地位进行了探讨,其聚类分析结果显示,新疆桃并未聚到普通桃的外围,反而在许多普通桃的变种、品种的内侧,新疆桃类不能与普通桃

区分类群,以种的形式独立为一组。本研究的结果继续验证了这一结论。新疆桃聚类时与普通桃聚在一起,其与普通桃的亲缘关系极为密切,提示新疆桃应列为普通桃的一个变种。

此外,目前普遍认为敦煌李光桃均为相近品系,因其具有相似的油桃性状,而且又源于同一原产地。本研究分别采集了具有大叶片和小叶片形态学特征的敦煌李光桃,应用 SRAP 分析,发现其亲缘关系较远。因此,所作的亲缘关系分析比起形态学,细胞学的归纳更具说服力。

本研究对不同引物扩增所出现的典型带进行了分析,发现某些特征带可作为桃品种品质检索鉴定的依据。例如油桃品种早红株的鉴定。但总体来说,能够区分生态型品种的带较少。而且并未发现某一类群的特有带。汪祖华等<sup>[24]</sup>对 312 个桃品种的同工酶进行了研究,发现酶谱与果实肉质有一定的相关性,但每类均没有各自的特有带。程中平等<sup>[8]</sup>利用 RAPD 分析了 182 个桃品种得出结论,分子标记分析的结果无明显的类群特有带和聚类分类结合线的存在。这一结果与我们所得出的结论一致。

本研究采用 SRAP 标记来研究桃品种的遗传多样性,结果表明,SRAP 标记是一种经济、可靠的分子标记技术。从本研究的结论可以看出,桃品种种质确实存在丰富的遗传多样性。但同一地域的桃品种如地方品种“宁”,显示出较近的遗传距离,表明要扩大桃品种的遗传多样性,必须扩大育种亲本的选择范围,引进不同地域桃品种资源。

#### 参考文献:

- [1] 李靖,尚霄丽,张建鹏,等. 桃分子标记研究进展[J]. 北方园艺, 2005(6): 7 - 9.
- [2] 俞德浚. 中国果树分类学[M]. 北京:农业出版社, 1979: 42 - 43.
- [3] 吴耕民. 中国温带果树分类学[M]. 北京:农业出版社, 1984: 139 - 160.
- [4] 王宇霖. 落叶果树种类学[M]. 北京:农业出版社, 1988: 251 - 268.
- [5] 郭振怀,葛会波,王秀伶,等. 桃属植物染色体核型及种间亲缘关系分析[J]. 园艺学报, 1996, 23(3): 223 - 226.
- [6] Bruce D Mowrey, Dennis J Werner, David H Byrne. Isozyme survey of various species of *Prunus* in the subgenus *Amygdalus*[J]. Scientia Horticulturae, 1990, 44: 250 - 260.
- [7] 高锁柱,马德伟,张新文,等. 桃属植物花粉形态的观察研究[J]. 中国果树, 1988(4): 13 - 16.
- [8] 程中平,陈志伟,胡春根,等. 桃遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 武汉植物学研究, 2002, 20(2): 89 - 99.
- [9] Marilgn L, Warbuton, Fredrick A Bliss. Genetic diversity in peach (*Prunus Persica* L. Batch) revealed by randomly Amplified Polymorphic DNA (RAPD) markers and compared to inbreeding coefficients[J]. Amer Soc Hort, 1996, 121(6): 1012 - 1019.
- [10] Lic G F. Quiros Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system base on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica[J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 455 - 461.
- [11] 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.
- [12] Riaz A, Pötter D, Stephen M. Genotyping of peach and nectarine cultivars with SSR and SRAP molecular markers[J]. J Amer Soc Hort Sci, 2004, 129: 204 - 211.
- [13] Li G, Gao M, Yang B, et al. Gene for gene alignment between the Brassica and Arabidopsis genomes by direct transcriptome mapping[J]. Theor Appl Genet, 2003, 107: 168 - 180.
- [14] 李永明,赵玉琪. 实用分子生物学方法手册[M]. 北京:科学出版社, 2001: 173 - 178.
- [15] 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(s1): 201 - 204.
- [16] 张桂粉,韩明玉,赵彩平,等. 桃熟性性状的 SSR 标记[J]. 西北农业学报, 2007, 16(3): 112 - 115.
- [17] 程中平,陈志伟,胡春根,等. 利用分子标记对桃属植物种的识别及其亲缘关系分析[J]. 华中农业大学学报, 2001, 20(3): 199 - 204.
- [18] 宗学普,俞宏,王志强. 桃属植物种间亲缘关系及演化研究——花粉蛋白 SDS 电泳分析[J]. 园艺学报, 1995, 22(3): 288 - 290.
- [19] 汪祖华,周建涛. 桃种质的亲缘演化关系研究——花粉形态分析[J]. 园艺学报, 1990, 17(3): 161 - 168.
- [20] 俞德浚. 中国果树分类学[M]. 北京:农业出版社, 1979.
- [21] 周建涛,郭洪,赵密珍,等. 桃野生种花粉水溶性蛋白 IEF 电泳分析[M]//侯喜林,常有宏. 园艺学进展(第 2 辑). 南京:东南大学出版社, 1998: 143 - 145.
- [22] 俞明亮,马瑞娟,徐建兰,等. 桃种间亲缘关系的 SSR 鉴定[J]. 果树学报, 2004, 21(2): 106 - 112.
- [23] 程中平,陈志伟,胡春根,等. 利用 RAPD 对新疆桃分类地位的探讨[J]. 园艺学报, 2001, 28(3): 211 - 217.
- [24] 汪祖华,陆振翔,陆秀华. 桃品种演化及分类研究——同工酶分析[J]. 园艺学报, 1990, 17(4): 241 - 247.