

# 应用 SRAP 分析中原牡丹核心种质的多样性

周秀梅,李保印

(河南科技学院,河南 新乡 453003)

**摘要:**为进一步探索中原牡丹品种核心种质的遗传多样性,采用 SRAP 分子标记技术对 58 个中原牡丹核心种质进行了遗传多样性分析。结果表明,23 对引物组合共扩增出稳定清晰的条带 595 条,其中多态性条带 377 条,占 64.3%;每对引物组合的平均条带数和多态性带数分别为 25.9、16.4 条;供试品种间成对遗传相似系数为 0.567 ~ 0.894,平均为 0.752;采用 UPGMA 法,在遗传相似系数为 0.692 处,供试材料聚为 7 个类群,表明中原牡丹核心种质具有较丰富的遗传多样性。聚类结果显示,单花类和台阁类有分别聚在一起的趋势,但与牡丹花型分类并不完全一致;花色相近的品种没有聚到一类中,而是分散在各个类别中,即聚类结果与牡丹品种的花型、花色等性状没有明显的关系,说明重瓣性低的品种与重瓣性高的品种间存在较大的遗传差异。这可能与牡丹长期引种、选择和反复杂交等导致的品种来源复杂有关。

**关键词:**牡丹;核心种质;SRAP;遗传多样性

中图分类号:S685.03 文献标识码:A 文章编号:1000-7091(2015)01-0165-06

doi:10.7668/hbxb.2015.01.028

## Analysis of Genetic Diversity Core Collection of Tree Peony Cultivars from Central China Using SRAP Markers

ZHOU Xiu-mei, LI Bao-yin

(Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang 453003, China)

**Abstract:** In order to explore the genetic diversity of core collection of tree peony cultivars from central China, the technology of SRAP molecular marker was used in the study. Based on the technology of SRAP molecular marker, the genetic diversity of the core collection of tree peony cultivars from central China. The results showed that 23 SRAP primer combinations were employed to evaluate the genetic diversity of the core collection including 58 tree peony cultivars, from which a total of 595 amplified fragments were detected, and 377 of them were polymorphic with a polymorphism percentage of 64.3%, the number of amplified fragments and the number of polymorphic bands for each primer combinations was 25.9 and 16.4, respectively. Its genetic similarity coefficient in pairs was between 0.567 and 0.894, the average was 0.752. The 58 tree peony cultivars were grouped into seven clusters at genetic similarity of 0.692. This indicated that the genetic diversity of these cultivars was abundant. Moreover, the clustering results showed that the cluster was not completely consistent with the classification of floral forms though there was a tendency that the single-flower section and the proliferate-flower one were to get together separately. And the cultivars with close color scattered in different categories instead of clustering together. That is to say there is a great genetic difference between the low and high polyphyll cultivars, but there is no clear relationship between the clusters with floral form, color and characteristics. This might be due to the introduction, selection and repeat hybridization of tree peony for a long time, leading to the complicated sources of varieties

**Key words:** Chinese tree peony; Core collection; SRAP molecular mark; Genetic diversity

牡丹(*Paeonia suffruticosa* Andr.)为芍药科(Paeoniaceae)芍药属(*Paeonia* Linn.)牡丹组(sect. Mou-

tan DC.)中的木本植物,是中国特产传统名花,洛阳市的市花。其栽培历史悠久,经历了由野生到栽培,

收稿日期:2014-12-24

基金项目:河南省科技攻关项目(122102110111)

作者简介:周秀梅(1966-),女,河南兰考人,副教授,博士,主要从事园林植物种质资源创新利用研究。

由单花到台阁,由单种起源组成到多种杂交起源的历史。在长期的驯化栽培、自然和人工选择下,形成了丰富的遗传变异,再加上牡丹能以多种方式繁殖,使得品种间的遗传关系模糊不清<sup>[1]</sup>。近些年来,许多学者在 DNA 水平上深入研究牡丹种间、种与品种间以及品种群之间的相互关系,揭示出了形态学无法解决的问题<sup>[2]</sup>,对于牡丹种质资源的快速鉴别、知识产权保护、品种国际登录、分子标记育种、优异种质创新等方面发挥了重要作用。SRAP 分子标记是一种近几年兴起的新型的分子标记技术<sup>[3]</sup>,在作物、蔬菜、果树、花卉等植物<sup>[3-13]</sup>上有所应用。本研究采用 SRAP 标记的方法探讨中原牡丹核心种质的亲缘关系,以期为进一步研究其分类地位及起源、

品种鉴定与选育、种质保护、创新利用提供分子水平的依据和技术支持。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

本研究采用已经构建的中原牡丹核心种质资源(Core collection)为材料<sup>[14]</sup>(表1)。表1所列品种采自洛阳和菏泽的牡丹园中,品种由所采园中的技术专家确认,并与王莲英教授所著的《中国牡丹品种图志》<sup>[15]</sup>相比照最后确定品种的正确性。春季在牡丹品种萌芽后刚展开嫩叶时采集嫩叶,装入冰壶带回实验室备用。

表1 中原牡丹核心种质品种及特性

Tab.1 Name and characteristics of tree peony cultivars of the core collection from central China

品种名 Name	花色 Color	花色值 Values	花型 Form	品种名 Name	花色 Color	花色值 Values	花型 Form
凤丹白 Fengdanbai	白色	155D	单瓣型	肉芙蓉 Roufurong	粉色	52D	菊花型
盘中取果 Panzhongquguo	紫色	64C	单瓣型	阳红凝辉 Yanghongninghui	红色	58B	菊花型
紫蝶 Zidie	紫红色	61C	单瓣型	苏家红 Sujiahong	浅红色	50B	菊花型
玉板白 Yubanbai	白色	155D	荷花型	咏春 Yongchun	洋红色	50D	菊花型
古班同春 Gubantongchun	粉白色	36D	荷花型	玉楼点翠 Yuloudiancui	白色	155D	楼子台阁型
酒醉杨妃 Jiuzuiyangfei	粉紫色	73B	荷花型	锦绣九都 Jinxiujiudu	红色	61C	楼子台阁型
菱花晓翠 Linghuaxiaocui	粉紫色	73A	荷花型	仙桃 Xiantao	红色	52A	楼子台阁型
罗汉红 Luohanhong	红色	52C	荷花型	假葛巾紫 Jiagejinzi	紫色	73A	楼子台阁型
御衣黄 Yuyihuang	黄色	19D	荷花型	赤龙焕彩 Chilonghuancai	紫粉色	74C	楼子台阁型
深紫玉 Shenziyu	紫红色	61B	荷花型	李园春 Liyuanchun	粉红色	55A	千层台阁型
白玉 Baiyu	白色	155D	皇冠型	霓虹焕彩 Nihonghuancai	红色	43B	千层台阁型
金玉交章 Jinyujiaozhang	白色	155D	皇冠型	十八号 Shibahao	红色	58C	千层台阁型
昆山夜光 Kunshanyeguang	白色	155D	皇冠型	春归花屋 Chunguihuawu	浅紫红色	68A	千层台阁型
宋白 Songbai	白色	155D	皇冠型	天然富贵 Tianranfugui	紫红色	61B	千层台阁型
宫样妆 Gongyangzhuang	粉色	67C	皇冠型	少女裙 Shaontiqun	粉红色	55B	蔷薇型
赵粉 Zhaofen	粉色	38D	皇冠型	雨后风光 Yuhoufengguang	粉蓝色	73C	蔷薇型
软枝蓝 Ruanzhilan	粉蓝色	73D	皇冠型	丹炉焰 Danluyan	红色	44C	蔷薇型
姚黄 Yaohuang	黄色	8D	皇冠型	红珊瑚 Hongshanhu	红色	44C	蔷薇型
豆绿 Doulü	绿色	144D	皇冠型	二乔 Erqiao	红/白	61C/38D	蔷薇型
小魏紫 Xiaoweizi	墨紫色	53A	皇冠型	种生黑 Zhongshenghei	浅墨紫色	59C	蔷薇型
烟笼紫 Yanlongzi	墨紫色	187A	皇冠型	锦袍红 Jinpaohong	紫红色	64C	蔷薇型
百花妒 Baihuadu	浅红色	50C	皇冠型	洛阳红 Luoyanghong	紫红色	61C	蔷薇型
魏紫 Weizi	紫色	74C	皇冠型	淡藕丝 Danousi	粉色	65D	托桂型
藏枝红 Cangzhihong	紫红色	53B	皇冠型	雏鹅黄 Chuehuang	黄色	158C	托桂型
首案红 Shouanhong	紫红色	61A	皇冠型	青龙卧墨池 Qinglongwomochi	墨紫色	187D	托桂型
状元红 Zhuangyuanhong	紫红色	61C	皇冠型	绿幕隐玉 Lümu yinyu	白色	155D	绣球型
粉面桃花 Fenmiantaohua	粉色	73B	金环型	娇容三变 Jiaorongsanbian	粉色	62D	绣球型
大蝴蝶 Dahudie	粉色	62B	菊花型	雪映朝霞 Xueyingzhaoxia	粉色	56D	绣球型
东海浪花 Donghailanghua	粉色	62D	菊花型	雁落粉荷 Yanluofenhe	粉色	65B	绣球型

### 1.2 试验方法

1.2.1 牡丹基因组 DNA 的提取 采用改良 CTAB 法提取牡丹叶片基因组 DNA,利用紫外分光光度计及 0.8% 琼脂糖凝胶检验其纯度和浓度,稀释到 50 ng/ $\mu$ L 后,于 -20  $^{\circ}$ C 冰箱中保存备用。

1.2.2 牡丹品种的 SRAP 分析 SRAP 引物序列的设计,参照参考文献[7-12]设计了 18 条上游引物和 14 条下游引物,见表 2,由上海生工生物工程技术服务有限公司合成,最后筛选出扩增条带丰富、清晰、分布较均匀的 23 对引物组合,对样品进行正式

扩增,每对引物重复 2 次。

SRAP-PCR 反应体系为 25  $\mu$ L,其中包括 10  $\times$  Buffer 为 2.5  $\mu$ L,dNTP 为 2  $\mu$ L,上下游引物各 0.5  $\mu$ mol/L,*Taq* 酶为 2.5 U,DNA 模板为 1  $\mu$ L,双蒸水补足 25  $\mu$ L。PCR 扩增前进行短暂离心。PCR 扩增反应在德国 Biometra PCR 仪上进行,扩增程序为:94  $^{\circ}$ C 预变性 5 min;94  $^{\circ}$ C 变性 1 min,35  $^{\circ}$ C 复性 1 min,72  $^{\circ}$ C 延伸 1 min,5 个循环;94  $^{\circ}$ C 变性 1 min,50  $^{\circ}$ C 复性 1 min,72  $^{\circ}$ C 延伸 1 min,35 个循环;72  $^{\circ}$ C 延伸 10 min,于 4  $^{\circ}$ C 保存。

SRAP 扩增产物的检测采用 6% 的变性聚丙烯

酰胺进行,以 100 bp DNA Ladder 为 Marker 标准。在 2 500 V 的电压、30 mA 电流、75 W 的功率下电泳 2.5 h,电泳后银染、照相,并进行数据统计。

1.2.3 数据统计及分析 对 PCR 扩增产物按条带有无分别赋值,有带记为 1,无带记为 0,构成遗传相似矩阵。由于扩增片段的大小主要集中在 100 ~ 1 500 bp,所以,统计时只统计此段范围之间的数据,形成表征矩阵。统计时只记录易于辨认的条带,排除模糊不清的带,然后根据此矩阵,统计 SRAP 扩增产物的条带总数和多态性条带数量。最后,利用 NTSYSpc-2.1 软件进行聚类分析,形成树状图。

表 2 中原牡丹核心种质品种 SRAP-PCR 引物序列

Tab.2 SRAP-PCR sequences of primers used for to identify tree peony cultivars of the core collection from central China

代号 Code	上游引物碱基序列 me(3' - 5') Forward primer's sequences	代号 Code	下游引物碱基序列 em(3' - 5') Reverse primer's sequences
me1	TGAGTCCAAACCGGATA	em1	GACTGCGTACGAATTAAT
me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	em2	GACTGCGTACGAATTTGC
me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	em3	GACTGCGTACGAATTGAC
me4	TGAGTCCAAACCGGACC	em4	GACTGCGTACGAATTTGA
me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	em5	GACTGCGTACGAATTAAC
me6	CTGAGTCCAAACCGGGCT	em6	GACTGCGTACGAATTGCA
me7	ATGAGTCCAAACCGGCTT	em7	GACTGCGTACGAATTAA
me8	ATGAGTCCAAACCGGGAT	em8	GACTGCGTACGAATTTG
me9	ATGAGTCCAAACCGGTCA	em9	GACTGCGTACGAATTTCA
me12	GTGAGTCCAAACCGGTAG	em12	GACTGCGTACGAATTTA
me13	GTGAGTCCAAACCGGTCA	em13	GACTGCGTACGAATTGG
me14	TTGAGTCCAAACCGGGCT	em16	GACTGCGTACGAATTATG
me16	TTGAGTCCAAACCGGTAA	em17	GACTGCGTACGAATTATT
me17	TGAGTCCAAACCGGCTA	em18	GACTGCGTACGAATTCTG
me19	TGAGTCCAAACCGGCTT		
me24	TGAGTCCAAACCGGTGC		
me25	TGAGTCCAAACCGGTAA		
me26	TGAGTCCAAACCGGATG		

2 结果与分析

2.1 同引物组合扩增结果的多态性分析

用筛选出的可产生多态性且重复性好的 23 对引物,对中原牡丹品种核心种质的基因组 DNA 进行

SRAP 扩增,图 1 为引物 me1em1 的扩增结果,扩增带数统计见表 3。由表 3 可见,23 对引物共得到 595 条清晰可辨的条带,平均每对引物扩增出 25.9 个条带。其中,多态性条带 377 条,平均每对引物扩增出多态性条带 16.4 条。

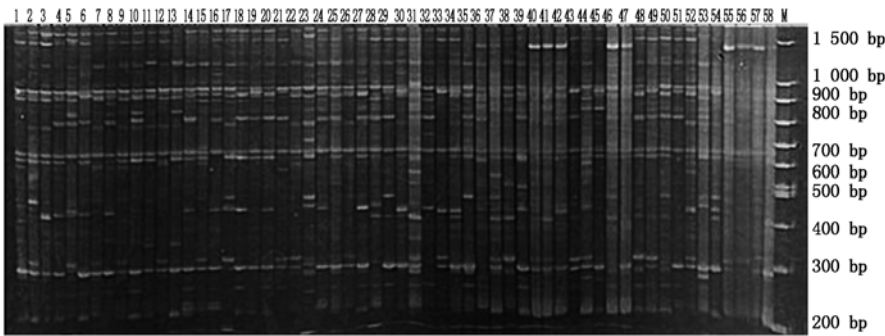


图 1 引物 me1em1 对中原牡丹品种核心种质的 SRAP 选择性扩增电泳结果

Fig.1 DNA fragments amplified by SRAP primer combination me1em1 on gel electrophoresis

在 23 对引物中,扩增出条带最多的引物是 me1em16,为 42 条;其次是 me1em1,为 33 条;第三是 me16em13 和 me26em9,为 32 条。扩增出条带最少的引物是 me25em6,为 17 条,但多态性条带数为 14 条;引物 me4em16、me4em5 和 me14em13 扩增的多态性条带最少,均为 11 条。在 23 对引物组合中,me25em6、me12em12、me2em18 产生的多态性条带比率最高,分别为 82.4%、78.9%、72.7%。多态位点比率最低的引物组合是 me4em16,为 50.0%,上述结果表明,供试牡丹品种间 SRAP 变异大,多态性高,存在丰富的遗传多样性。

表 3 SRAP 引物组合扩增带数及多态性带数

Tab. 3 Number of total and polymorphic fragments per SRAP primer combination

引物组合 Primer combination	扩增总条 带数/条 Total band	多态性条 带数/条 Polymorphic band	多态性条 带比例/% Ratio of polymorphic band
me4em16	22	11	50.0
me4em5	18	11	61.1
me14em13	23	11	61.1
me19em9	20	12	60.0
me6em8	23	13	56.5
me24em18	20	14	70.0
me25em6	17	14	82.4
me3em3	27	15	55.6
me2em2	27	15	55.6
me19em6	26	15	57.7
me12em12	19	15	78.9
me1em17	24	16	66.7
me2em18	22	16	72.7
me7em8	30	17	56.7
me16em13	32	18	56.3
me12em13	26	18	69.2
me25em3	25	18	72.0
me26em9	32	19	59.4
me17em1	30	19	63.3
me6em7	28	19	67.9
me8em9	29	20	68.9
me1em1	33	22	66.7
me1em16	42	29	69.0
总计 Total	595	377	-
平均 Average	25.9	16.4	64.3
范围 Range	17 ~ 42	11 ~ 29	50.0 ~ 82.4

## 2.2 中原牡丹品种核心种质的 SRAP 聚类结果

综合 23 对引物对 58 个品种的 SRAP 多态性片段,采用 NTSYSpc-2.1 软件计算品种间成对遗传相似系数,介于 0.567 ~ 0.894,平均为 0.752,采用 UPGMA 法聚类,得到了牡丹品种间的聚类图(图 2)。从图 2 可以看出,在相似系数 0.692 处,可将

58 个牡丹品种分成 7 个聚类簇。自下而上依次是:

第 1 个聚类簇包括 9 个品种,可分为 3 个亚簇。第一亚簇是红珊瑚、种生黑、淡藕丝、假葛巾紫和白玉 5 个品种,第二亚簇是百花妒和肉芙蓉,第三亚簇是魏紫和苏家红。

第 2 个聚类簇包括 2 个品种,古班同春和菱花晓翠,二者均为荷花型。

第 3 个聚类簇包括十八号和春归花屋 2 个品种,二者均为千层台阁型。

第 4 个聚类簇包括 11 个品种,分 2 个亚簇。第 1 个亚簇有绿幕隐玉、仙桃、宫样妆、小魏紫、雁落粉荷、玉板白 6 个品种。第 2 个亚簇有娇容三变、丹炉焰、罗汉红、深紫玉和宋白 5 个品种。

第 5 个聚类簇包括的品种数较多,17 个,可分 5 个亚簇。第 1 个亚簇有 3 个品种,分别是洛阳红、紫蝶和酒醉杨妃。第 1 个为蔷薇型,第 2 个为单瓣型,第 3 个为荷花型。第 2 个亚簇仅有二乔 1 个品种。第 3 个亚簇有 7 个品种,分别是少女裙、阳红凝辉、赵粉、软枝蓝、李园春、东海浪花、御衣黄;表现为重瓣性低的花型先相聚在一起,再与重瓣性高的花型相聚。第 4 个亚簇有 1 个品种凤丹白。该品种虽为单瓣型,但它参与了中原牡丹品种的形成。所以,它所在的聚类簇中品种多为重瓣性低的花型。第 5 个亚簇有 6 个品种,锦绣九都和咏春先聚在一起,再与青龙卧墨池相聚,霓虹焕彩和天然富贵先聚在一起,再与前 3 个品种聚在一起,最后与粉面桃花相聚。

第 6 个聚类簇仅有 1 个品种锦袍红,为蔷薇型。

第 7 个聚类簇包括的品种数量也较多,为 15 个,可分为 3 个亚簇。第 1 个亚簇有 3 个品种,姚黄和藏枝红为皇冠型,玉楼点翠为楼子台阁型。第 2 个亚簇有 3 个品种,雪映朝霞、昆山夜光、大蝴蝶。第 3 个亚簇有 9 个品种,分别是赤龙焕彩、金玉交章、烟笼紫、首案红、豆绿、状元红、雏鹅黄、雨后风光和盘中取果。本亚簇花型表现为重瓣性低的蔷薇型和单瓣型先相聚在一起,再与重瓣性高的花型如皇冠型和楼子台阁型相聚。其中赤龙焕彩为楼子台阁型。

## 3 结论与讨论

SRAP 分子标记具有多态性高,稳定性和重复性好,谱带清晰,容易统计,操作简单快速,开发和使用寿命低廉等特点。其扩增结果的多态性可与 AFLP 标记相媲美,而且比 AFLP 标记所提供的信息更接近于农艺性状的差异和历史演变的结果。这些优点已经在油菜、海岛棉的遗传多样性研究中得到证实<sup>[6-7]</sup>。本研究利用 SRAP 标记技术对中原牡丹

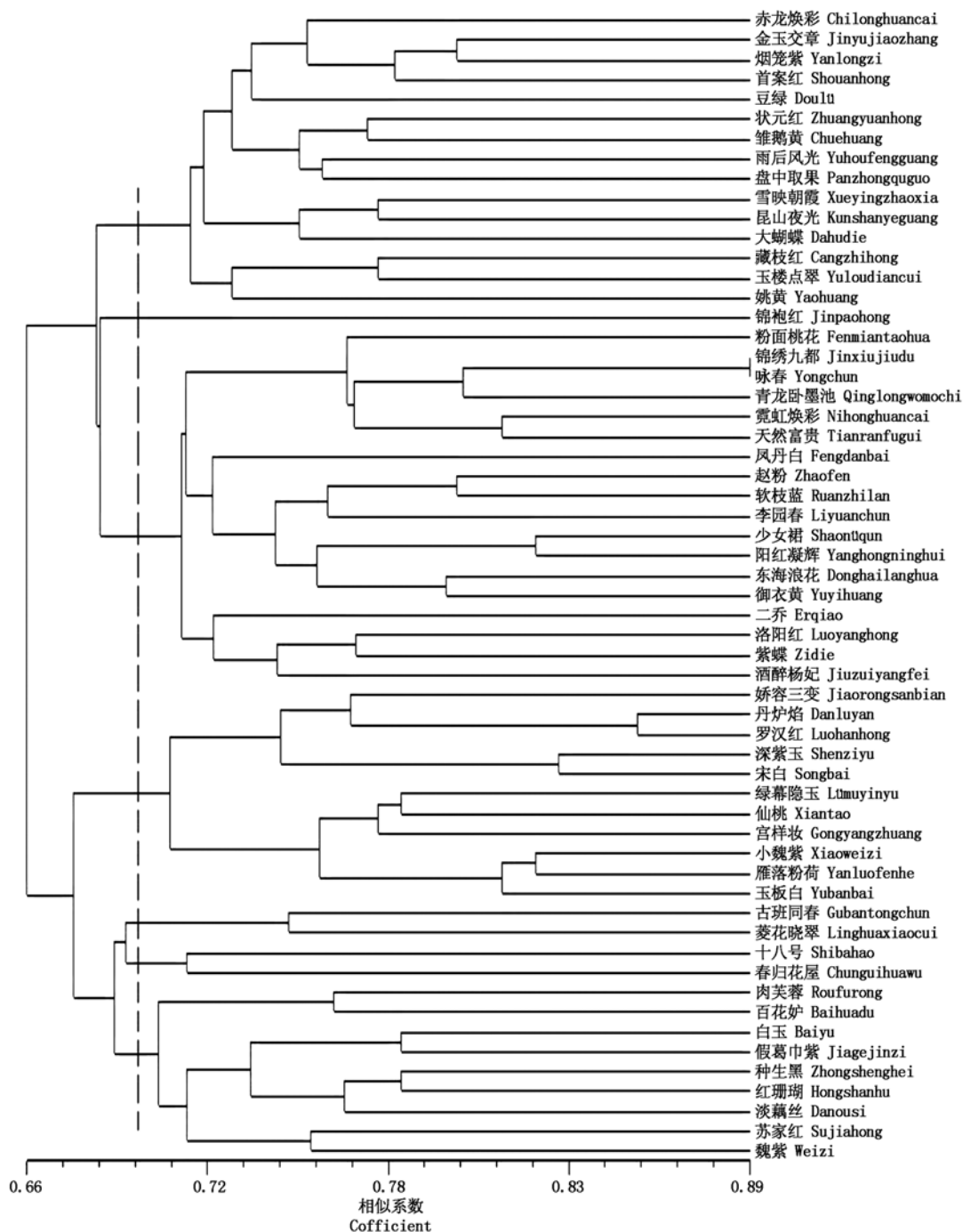


图2 中原牡丹品种核心种质的 58 个品种的 SRAP 标记聚类结果

Fig. 2 Result of 58 tree peony cultivars of the core clustered by UPGMA based on SRAP

核心种质进行遗传多样性分析,多数引物组合能够扩增出清晰、稳定、可重复性的条带,所选用的 23 对引物组合平均每对检测到 16.4 条多态性带,从而证实 SRAP 标记应用于牡丹品种资源遗传多样性研究是一种可靠有效的标记。与其他研究者的结果相比,王娟等<sup>[16]</sup>用 20 对引物对 20 个品种检测到 4.5 条多态性条带,多态性条带比率为 69.6%。史倩倩<sup>[17]</sup>用 26 对引物对 74 个品种检测到 21 条多态性条带,多态性条带比率为 87.5%。这些差异可能是由于试验材料的不同引起的。由此说明,SRAP 技

术对牡丹品种的扩增具有较高的效率,适合对大规模牡丹种质资源的遗传变异检测,也可作为新品种选育的早期选择及分子标记辅助育种工具。

聚类结果表明,不同花型的品种在聚类图上相互交错分布,并没有很明显的规律性,即部分花型相同的品种相聚,如古班同春和菱花晓翠,二者均为荷花型,聚在一起;十八号和春归花屋均为千层台阁型,聚在了一起。但部分花型不同的品种亦相聚,如魏紫为皇冠型,而苏家红为菊花型,二者却聚在一起。部分花色相同的品种相聚,部分花色不相同的

品种亦相聚,如白玉为白色,假葛巾紫为紫色,二者却相聚。这种现象说明,聚类结果与牡丹品种的性状(如花型、花色等)间可能有一定的相关性,但并未有完全一致的关系。这与国内外已报道的牡丹品种相关研究结果相一致<sup>[18]</sup>。

从聚类结果及核心种质研究取样比例要求看,中原牡丹品种核心种质还有进一步压缩的空间,即从遗传相似系数大的亚簇中再压缩。如可以从锦绣九都和咏春中选取 1 个,从丹炉焰和罗汉红中取 1 个。如果再压缩掉 10~20 个品种,使总体取样比例由目前的 15% 降低到 10%~12%,就可以进一步地节约研究核心种质的投入规模。

本研究利用 SRAP 标记技术对中原牡丹品种核心种质 58 个品种进行遗传多样性分析,23 对引物共扩增出 595 条带,其中多态性带 377 条,多态性带比例为 64.3%,说明它是一种可靠且有效的标记。同时也表明,中原牡丹品种核心种质 58 个品种具有较丰富的遗传多样性。

利用 UPGMA 法的聚类结果表明,在遗传相似系数 0.692 处,可将 58 个牡丹品种分成 7 个聚类簇。聚类结果与牡丹品种的花型、花色等性状没有明显的相关关系,单花类和台阁类有分别聚在一起的趋势,但与牡丹花型分类不完全一致。花色相近的品种没有聚到一类中,而是分散在各个类别中,同一个遗传聚类中也有各种不同的花色。这可能与牡丹长期引种、选择和反复杂交等导致的品种来源复杂有关。

#### 参考文献:

- [1] 周志钦,潘开玉,洪德元. 牡丹组野生种间亲缘关系和栽培牡丹起源研究进展[J]. 园艺学报,2003,30(6): 751-757.
- [2] 陈向明,郑国生,张圣旺. 牡丹栽培品种的 RAPD 分析[J]. 园艺学报,2001,28(4): 370-372.
- [3] 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(3): 455-461.
- [4] 李武,倪薇,林忠旭,等. 海岛棉遗传多样性的 SRAP 标记分析[J]. 作物学报,2008,34(5): 893-898.
- [5] 文雁成,王汉中,沈金雄,等. 用 SRAP 标记分析中国甘蓝型油菜品种的遗传多样性和遗传基础[J]. 中国农业科学,2006,39(2): 246-256.
- [6] 张平湖,刘冠明. 粤东地区果梅主栽品种的 SRAP 标记多态性分析及指纹图谱构建[J]. 贵州农业科学,2010,38(6): 27-29.
- [7] 王燕青,季孔庶. 利用正交设计优化牡丹 SRAP-PCR 反应体系[J]. 分子植物育种,2009,7(1): 199-203.
- [8] 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.
- [9] Guo D L, Hou X G, Zhang J. Sequence-related amplified polymorphism analysis of tree peony (*Paeonia suffruticosa* Andr.) cultivars with different flower colors[J]. Journal of Horticultural Science & Biotechnology, 2009, 84: 131-136.
- [10] 苏美和,赵兰勇. 牡丹杂交品系 SRAP-PCR 反应体系优化及引物筛选[J]. 中国农学通报,2012,28(19): 189-193.
- [11] 史倩倩,王雁,周琳,等. 基于毛细管电泳技术的牡丹 SRAP-PCR 反应体系优化及引物筛选[J]. 中国农学通报,2012,28(19): 189-193.
- [12] 郭大龙,侯小改,张静,等. 牡丹 SRAP 反应体系的建立及正交设计[J]. 河南农业科学,2008(12): 110-113.
- [13] 王从彦. SRAP 标记在植物性状标记和遗传图谱构建中的应用研究进展[J]. 河南农业科学,2012,41(9): 1-5, 21.
- [14] 李保印,周秀梅,张启翔. 中原牡丹品种资源的核心种质构建研究[J]. 华北农学报,2011,22(3): 100-105.
- [15] 王莲英. 中国牡丹品种图志[M]. 北京: 中国林业出版社,1997.
- [16] 王娟,郭大龙,侯小改,等. 不同花型牡丹品种亲缘关系的 SRAP 分析[J]. 中国农学通报,2011,27(28): 167-171.
- [17] 史倩倩. 中原牡丹传统品种遗传多样性研究[D]. 北京: 中国林业科学院,2012.
- [18] 侯小改,尹伟伦,李嘉珏,等. 牡丹矮化品种亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 北京林业大学学报,2006,28(5): 73-77.