

柑橘栽培品种（系）DNA 指纹图谱库的构建

雷天刚^{1,2}, 何永睿^{1,2}, 吴 鑫¹, 姚利晓^{1,2}, 彭爱红^{1,2}, 许兰珍^{1,2}, 刘小丰^{1,2}, 陈善春^{1,2}

(¹ 中国农业科学院柑桔研究所, 重庆 400712; ² 国家柑桔工程技术研究中心/国家柑桔品种改良中心, 重庆 400712)

摘要: 【目的】构建柑橘栽培品种（系）的 DNA 指纹图谱数据库，为建立柑橘种苗纯度及真实性鉴定技术体系和技术规范奠定基础。【方法】利用 SSR 标记和 ISSR 标记对 102 个柑橘栽培品种（系）进行 DNA 指纹分析，筛选适合的特征引物，构建柑橘栽培品种（系）的指纹图谱数据库。【结果】从 200 对 SSR 引物中筛选到重复性好、多态性丰富的 12 对引物作为柑橘品种（系）鉴定的特征引物，12 对 SSR 特征引物组合可鉴别 42 个品种（系）；在此基础上，对未出现 SSR 特征指纹的 60 个品种（系）进行 ISSR 指纹分析，从 40 个 ISSR 引物中筛选到 2 个可用于品种鉴定的特征引物，结合 SSR 标记，可快速、准确地鉴别 70 个柑橘的品种（系）。并利用这 12 对 SSR 特征引物和 2 个 ISSR 特征引物构建了 70 个柑橘栽培品种（系）的 DNA 特征指纹图谱数据库。【结论】SSR 和 ISSR 标记适于构建柑橘栽培品种 DNA 指纹图谱库；指纹图谱库的建立为柑橘种苗纯度及真实性鉴定奠定了基础。

关键词: 柑橘；品种鉴定；SSR；ISSR；指纹图谱库

Construction of DNA Fingerprinting Database of Citrus Cultivars (Lines)

LEI Tian-gang^{1,2}, HE Yong-rui^{1,2}, WU Xin¹, YAO Li-xiao^{1,2}, PENG Ai-hong^{1,2}, XU Lan-zhen^{1,2}, LIU Xiao-feng^{1,2}, CHEN Shan-chun^{1,2}

(¹Citrus Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Chongqing 400712; ²National Citrus Engineering Research Center/National Center for Citrus Varieties Improvement, Chongqing 400712)

Abstract: 【Objective】The aims of this study were to construct a DNA fingerprinting database of major citrus cultivars, which could provide a possibility of establishment of a technical standard system for purity and authenticity identification of citrus nursery trees. 【Method】Simple sequence repeat (SSR) and inter-simple sequence repeat (ISSR) markers were used to analyze the DNA fingerprinting of 102 citrus cultivars(lines) and then to choose suitable primers for the construction of DNA fingerprinting database of citrus cultivars (lines). 【Result】 12 SSR primer pairs, with high polymorphisms and good repeatability, regarded as specific primers, which could identify 42 cultivars (lines), were selected from 200 SSR primer pairs. Meanwhile, 40 ISSR primers were used to analyze the DNA fingerprinting of 60 cultivars (lines) that can not be distinguished by SSR markers and 2 ISSR specific primers were chosen. As a result, a total of 70 citrus cultivars (lines) could be identified by the 12 SSR primers and 2 ISSR primers. Finally, a DNA fingerprinting database containing 70 major citrus cultivars (lines) was constructed by using those 12 SSR and 2 ISSR primers. 【Conclusion】 The results indicated that SSR and ISSR markers are suitable for the construction of DNA fingerprinting database of citrus cultivars (lines). Moreover, the fingerprinting database will provide a basis for genetic purity and authenticity fast evaluation of citrus nursery trees.

Key words: citrus; cultivar identification; SSR; ISSR; fingerprinting database

收稿日期：2008-10-21；接受日期：2009-03-26

基金项目：科技部科研院所社会公益研究专项(2004DIB45147)、国家科技支撑计划项目(2007ABD47B07)、国家“863”计划项目(2006AA100108-4-16)、重庆市重大科技专项(CSTC2007AB1040)、重庆市科技攻关重点项目(CSTS2006AB1009)

作者简介：雷天刚（1979—），男，贵州印江人，助理研究员，硕士，研究方向为柑橘分子育种。通信作者陈善春（1966—），男，四川乐至人，研究员，研究方向为柑橘遗传育种及分子生物学。Tel: 023-68349020; E-mail: scchen2004@vip.sina.com

0 引言

【研究意义】纯度和真实性是种子(苗)质量评价的重要标准之一,其鉴定技术也是解决新品种权益保护、种子(苗)经济纠纷问题的技术基础。国际植物新品种保护联盟(UPOV)以DUS(distinctness, uniformity, stability)测试标准作为新品种登记和保护的基本条件。DUS测试主要以形态学特征为依据,需要对被测试品种在特定生长时期的农艺性状进行考察,鉴定周期较长,而且农艺性状易受环境条件的影响。柑橘是多年生木本植物,易发生芽变,很多亲缘关系相近的品种间农艺性状差异较小,甚至只有单一性状的不明显变异;目前柑橘生产中一般要在定植的种苗开花结果后才能判断种苗纯度和真实性,周期长达4~6年,此时依靠形态学标记鉴定出种苗纯度和真实性已无实际意义。当前中国柑橘生产中种苗质量问题比较突出和普遍,种性不纯种苗和假种苗坑农事件常有发生。因此,建立早期(苗期)、快速、准确的柑橘种苗纯度和品种真实性检测技术,对控制柑橘种苗和产品质量、保护果农利益和积极性、保障柑橘产业可持续健康发展具有十分重要的意义。**【前人研究进展】**随着分子生物学的发展,各种DNA分子标记技术不断涌现,检测技术渐趋完善,为实现柑橘种苗质量的早期、快速和准确鉴定提供了新途径。目前,各种分子标记技术已广泛应用于柑橘种质鉴定和遗传多样性研究。Bretó等^[1]利用ISSR、RAPD和AFLP标记研究24个克里迈丁橘(*C. clementina* hort. ex Tanaka)品系间的遗传差异;Fang等^[2]利用同工酶、RFLP和ISSR标记分析48个枳橙品系间的亲缘关系;刘勇等^[3]利用AFLP和SSR标记研究柚类种质资源的遗传多样性;庞晓明等^[4]利用SSR标记研究柑橘属及其近缘植物的亲缘关系;Barkley等^[5]利用24个SSR标记对370份柑橘种质资源的遗传多样性进行研究。结果显示,各类型品种(系)间多态性丰富,但部分由突变选系而来的品种(系)间呈现单态性,如甜橙、克里迈丁橘和无核小蜜橘等;Fang和Roose^[6]利用22个ISSR标记鉴定68个柑橘栽培品种(系),结果可鉴别出部分亲缘关系相近的品种(系)。众多的研究表明,DNA分子标记在柑橘种质和品种鉴定等方面具有巨大的潜力,其中以SSR和ISSR标记较为理想。**【本研究切入点】**利用分子标记(SSR和ISSR等)进行栽培品种种苗质量鉴定,首先要建立足够多的栽培品种(系)的标准指纹图谱库。近年来,基于SSR

标记的小麦^[7-9]、番茄^[10]和水稻^[11]等作物主栽品种的DNA指纹图谱数据库已构建完成,而国内外尚未有构建柑橘主栽品种(系)DNA指纹图谱库的报道。**【拟解决的关键问题】**以102个柑橘栽培品种(系)为材料,利用SSR标记和ISSR标记,构建柑橘栽培品种(系)的DNA指纹图谱库,为制定柑橘种苗纯度和真实性早期鉴定技术规范奠定基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料

以102个柑橘栽培品种(系)为供试材料,叶片均于2007年采自中国农业科学院柑橘研究所“国家果树种质(重庆)柑橘圃”,试验分析工作在国家柑橘品种改良中心完成。品种(系)名称见表1。

1.2 方法

1.2.1 DNA提取采用简易CTAB法从叶片中提取基因组DNA。经0.8%琼脂糖电泳及分光光度计检测后,将浓度调至50 ng·μl⁻¹备用。

1.2.2 引物共筛选200对SSR引物,其中120对引物序列来自前人的报道^[12-16],其余80对引物参照江东等^[17]的方法设计。用于筛选的40个ISSR引物序列见吴鑫等^[18]的报道。引物均由上海生工(Sangon)合成,PAGE纯化。

1.2.3 SSR分析PCR反应体系中包括1 μl 50 ng·μl⁻¹模板DNA,2.5 μl 10×PCR buffer,1.8 μl 25 mmol·L⁻¹MgCl₂,2 μl 2.5 mmol·L⁻¹dNTP,各1 μl 20 μmol·L⁻¹正反向引物,0.8 U Taq DNA聚合酶(Sangon),加水至总体积25 μl。PCR程序:94℃ 5 min; 94℃ 30 s, 56℃ 45 s, 72℃ 60 s, 30个循环; 72℃ 10 min。扩增反应在德国Biometra公司产的T1 Thermocycler型PCR扩增仪上进行。扩增产物于10%的非变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳分离,然后采用快速银染法显色并照相记录。

1.2.4 ISSR分析对未出现SSR特征指纹的柑橘品种(系)进行ISSR分析,PCR反应体系中包括50 ng模板DNA,2.5 μl 10×PCR buffer,1.8 μl 25 mmol·L⁻¹MgCl₂,1.8 μl 2.5 mmol·L⁻¹dNTP,1 μl 20 μmol·L⁻¹引物,1 U Taq DNA聚合酶(TaKaRa),加水至25 μl。扩增程序:94℃预变性5 min,94℃ 30 s,52℃ 60 s,72℃ 60 s,35循环;72℃延伸10 min。扩增产物经6%的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离后,银染显色并照相记录。

1.2.5 PIC值计算计算SSR和ISSR标记的多态性

表1 供试102个柑橘栽培品种(系)名称

Table 1 102 citrus cultivars or lines used in this study

编号 No.	品种(系) Cultivar (line)	学名 Genera species	编号 No.	品种(系) Cultivar (line)	学名 Genera species
1	Fina	<i>C. clementina</i> hort. ex Tanaka	52	铃木脐橙 Suzuki navel	<i>C. sinensis</i> Osbeck
2	克里迈丁橘新系 Clementina new line	<i>C. clementina</i> hort. ex Tanaka	53	冰糖橙 Bingtangcheng	<i>C. sinensis</i> Osbeck
3	Tardia Boro	<i>C. clementina</i> hort. ex Tanaka	54	奉节脐橙 Fengjie navel	<i>C. sinensis</i> Osbeck
4	Hernandina	<i>C. clementina</i> hort. Ex Tanaka	55	改良橙 Gailiangcheng	<i>C. sinensis</i> Osbeck
5	台湾椪柑 Taiwan ponkan	<i>C. reticulata</i> Blanco	56	康拜尔夏橙 Campbell Valencian	<i>C. sinensis</i> Osbeck
6	岩溪晚芦 Yanxiwanlu ponkan	<i>C. reticulata</i> Blanco	57	新会橙 Xinhuicheng	<i>C. sinensis</i> Osbeck
7	太田椪柑 Ota ponkan	<i>C. reticulata</i> Blanco	58	汤姆逊脐橙 Thomson	<i>C. sinensis</i> Osbeck
8	椪柑新生系3号 Ponkan varieties nucellar line 3	<i>C. reticulata</i> Blanco	59	Morocco blood orange	<i>C. sinensis</i> Osbeck
9	硬芦芦柑 Yinglu	<i>C. reticulata</i> Blanco	60	脐血橙 Washington Sanguine	<i>C. sinensis</i> Osbeck
10	黄岩椪柑 Huangyan ponkan	<i>C. reticulata</i> Blanco	61	华脐 Washington navel	<i>C. sinensis</i> Osbeck
11	潮洲椪柑 Chaozhou ponkan	<i>C. reticulata</i> Blanco	62	路比血橙 Ruby blood orange	<i>C. sinensis</i> Osbeck
12	冰糖橘 Bintangju	<i>C. erythrosa</i> hort. ex Tanaka	63	凤梨甜橙 Pine apple	<i>C. sinensis</i> Osbeck
13	南丰蜜橘 Nanfengmiji	<i>C. kinokuni</i> hort. ex Tanaka	64	无核雪柑 Xuegan seedless	<i>C. sinensis</i> Osbeck
14	福橘 Fuju	<i>C. tangerina</i> hort. ex Tanaka	65	柳叶橙 Liuyecheng	<i>C. sinensis</i> Osbeck
15	无核本地早橘 Bendizaoju seedless	<i>C. succosa</i> hort. ex Tanaka	66	蜜奈夏橙 Midknight	<i>C. sinensis</i> Osbeck
16	兴义大红袍 Xingyidahongpao	<i>C. tangerina</i> hort. ex Tanaka	67	天草 Amakusa	Tangor
17	桂平朱砂橘 Guipingzhushaju	<i>C. erythrosa</i> hort. ex Tanaka	68	早香 Hayaka	<i>C. reticulata</i> Blanco
18	鹅蛋红橘 Edanhongjiu	<i>C. tangerina</i> hort. ex Tanaka	69	不知火 Shinanui	Tangor
19	和平92 Heping92	<i>C. tangerina</i> hort. ex Tanaka	70	宫内伊予柑 Miyawuchi lyo kan	<i>C. lyo</i> hort. ex Tanaka
20	418红橘 Tangerine 418	<i>C. tangerina</i> hort. ex Tanaka	71	清见 Kiyomi	Tangor
21	秤砣红橘 Chentuhongjiu	<i>C. tangerina</i> hort. ex Tanaka	72	媛媛 22 Ehime Kashi 22	<i>C. reticulata</i> Blanco
22	兴津温州蜜柑 Okitsu	<i>C. unshiu</i> Marcow	73	媛媛 21 Ehime Kashi 21	<i>C. reticulata</i> Blanco
23	米泽温州蜜柑 Yonezawa	<i>Citrus unshiu</i> Marc	74	阳香 Youkou	<i>C. reticulata</i> Blanco
24	宫川温州蜜柑 Miyagawa	<i>C. unshiu</i> Marcow	75	少核默科特 W. Murcott	Tangor
25	大浦温州蜜柑 Ooura	<i>C. unshiu</i> Marc	76	日辉 Sunburst	<i>C. reticulata</i> Blanco
26	宫本温州蜜柑 Miyamoto	<i>C. unshiu</i> Marcow	77	春见 Harumi	<i>C. reticulata</i> Blanco
27	国庆1号温州蜜柑 Guoqing 1	<i>C. unshiu</i> Marc	78	奥兰多 Orlando	Tangelo
28	日南1号温州蜜柑 Nichinan 1	<i>C. unshiu</i> Marcow	79	明尼奥拉橘柚 Minneola	Tangelo
29	山下红温州蜜柑 Yamasaki	<i>C. unshiu</i> Marc	80	清峰 Seihou	Tangor
30	南柑20温州蜜柑 Nanka 20	<i>C. unshiu</i> Marcow	81	津之香 Tsunokaori	Tangor
31	立间温州蜜柑 Tachima	<i>C. unshiu</i> Marc	82	诺瓦 Nova	Tangelo
32	市文温州蜜柑 Yichihumi	<i>C. unshiu</i> Marcow	83	胜山伊予柑 Katsuyama lyo kan	<i>C. lyo</i> hort. ex Tanaka
33	谷本温州蜜柑 Tanimoto	<i>C. unshiu</i> Marc	84	濑户佳 Setoka	<i>C. reticulata</i> Blanco
34	早津温州蜜柑 Early okitsu	<i>C. unshiu</i> Marcow	85	媛媛 30 Ehime Kashi 30	<i>C. reticulata</i> Blanco
35	福本脐橙 Fukumoto	<i>C. sinensis</i> Osbeck	86	南香 Nankou	<i>C. reticulata</i> Blanco
36	清家脐橙 Seike	<i>C. sinensis</i> Osbeck	87	秋辉 Fallglo	<i>C. reticulata</i> Blanco
37	朋娜脐橙 Skagss bonanza	<i>C. sinensis</i> Osbeck	88	东试早柚 Dongshizao pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
38	纽荷尔脐橙 Newhall	<i>C. sinensis</i> Osbeck	89	梁平柚 Liangping pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
39	丰脐 Fengqi	<i>C. sinensis</i> Osbeck	90	通贤柚 Tongxian pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
40	晚棱脐橙 Lanes late navel orange	<i>C. sinensis</i> Osbeck	91	强德勒柚 Chandler pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
41	红肉脐橙 Cara cara	<i>C. sinensis</i> Osbeck	92	楚门文旦 Chumen pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
42	吉田脐橙 Yoshida navel	<i>C. sinensis</i> Osbeck	93	沙田柚 Shatian pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
43	德尔塔夏橙 Delta	<i>C. sinensis</i> Osbeck	94	琯溪蜜柚 Guanxi pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
44	奥林达夏橙 Olinda	<i>C. sinensis</i> Osbeck	95	邓肯葡萄柚 Duncan grapefruit	<i>C. paradisi</i> Osbeck
45	卡特夏橙 Carter	<i>C. sinensis</i> Osbeck	96	勤伦早柚 Menglunzao pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
46	塔罗科血橙 Tarocco blood orange	<i>C. sinensis</i> Osbeck	97	曼赛龙柚 Mansailong pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
47	北碚447锦橙 Beibei 447	<i>C. sinensis</i> Osbeck	98	晚白柚 Wanbai pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
48	梨橙2号锦橙 Licheng 2	<i>C. sinensis</i> Osbeck	99	马叙葡萄柚 Marsh grapefruit	<i>C. paradisi</i> Osbeck
49	江津78-1锦橙 Jiangjin 78-1	<i>C. sinensis</i> Osbeck	100	五布红心柚 Wubuhongxin pummelo	<i>C. grandis</i> Osbeck
50	铜水72-1锦橙 Tongshui 72-1	<i>C. sinensis</i> Osbeck	101	瑞红葡萄柚 Riored grapefruit	<i>C. paradisi</i> Osbeck
51	哈姆林甜橙 Hamlin	<i>C. sinensis</i> Osbeck	102	尤力克柠檬 Eureka lemon	<i>C. limon</i> Burm.f.

评价指标 PIC (polymorphism information content) 值^[19], 计算公式: $PIC_i = 1 - \sum P_{ij}^2$ 。其中, P_{ij} 表示标记 i 的第 j 个等位基因在群体中的频率。先根据试验结果计算出各个引物的等位位点数及频率, 然后利用软件 Piccalc 0.6 计算各引物的 PIC 值。

1.2.6 标准指纹图谱库构建 利用曹永生等^[20]编制的指纹图谱自动识别系统 Gel 2.0 软件包构建柑橘栽培品种(系)的 DNA 指纹图谱库。

2 结果与分析

2.1 SSR 和 ISSR 特征引物的筛选

以 102 个柑橘栽培品种(系)为材料进行 SSR 引物筛选, 从 200 对 SSR 引物中筛选到扩增谱带清晰、多态性丰富而且能够稳定重复的 12 对 SSR 引物作为柑橘品种鉴定的特征引物。

SSR 指纹分析发现, 部分品种(系)不具备 SSR 特征指纹, 因此本研究针对这些品种(系)进行了 ISSR 引物筛选, 从 40 个 ISSR 引物中筛选到可用于品种(系)鉴定的多态性特征引物 2 个, 其编号分别为 IS22 和 IS09。特征引物 IS22 在甜橙品种(系)间、温州蜜柑品种(系)间、椪柑品种(系)间均扩增出多态性谱带, 而引物 IS09 仅在部分甜橙品种(系)中扩增出特异谱带。

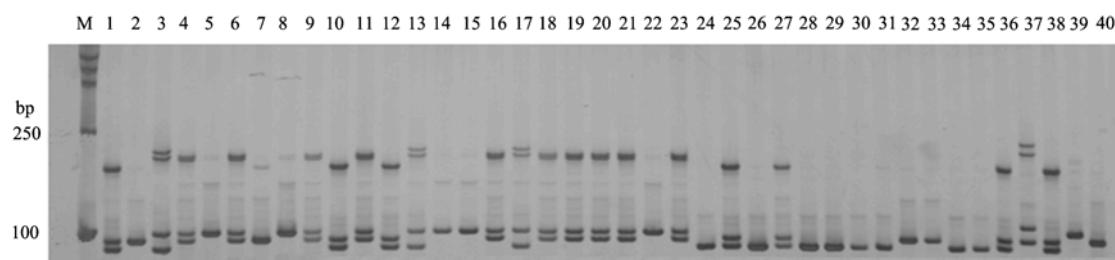
2.2 SSR 分析

利用 12 对 SSR 特征引物对 102 个柑橘栽培品种(系)种进行 SSR 分析, 共获得 62 个等位位点, 每对 SSR 引物扩增出的等位位点数为 2~8 个, 平均 5.2 个(图 1)。12 对 SSR 特征引物的 PIC 值在 0.345~0.843, 平均为 0.693(表 2)。12 对 SSR 特征引物在各品种(系)类型间的多态性信息含量各不相同。总体来看,

表 2 12 对 SSR 特征引物和 2 个 ISSR 特征引物的序列、等位位点数、片段大小和 PIC 值

Table 2 12 specific SSR primer pairs and 2 specific ISSR primers, sequences, number of alleles, fragment size, polymorphic fragment information content (PIC)

编号 No.	引物序列 Primer sequences	等位位点数 Number of alleles	片段大小 Fragment size (bp)	PIC
SSR 特征引物 Specific SSR primer pairs				
CSSR038	5'>GCTCCTCGAATGAGAATGAAATGA<3' 5'>TGGTTGTGCGAAAATGAAGAGATA<3'	6	90~210	0.768
CSSR036	5'>AAAAATCGAAATCGAGCACCC<3' 5'>GAAGTAACGGAGAATTCCGATGAG<3'	4	140~260	0.492
CSSR050	5'>TTCACCAACAAACGAAGACTCAGAC<3' 5'>CTGTAATCCACTCGGTAAATCCGAC<3'	2	150~170	0.345
CSSR052	5'>CGAAGAAGAATTGAAAGAGGCCAGA<3' 5'>CAACAGATTGTTACTGGAAAGGGG<3'	4	140~260	0.598
SS17	5'>TTCATTTGAAACAAAACCCAATTC3<' 5'>GCTGCTAATCACAGCATCAAGAGA<3'	6	150~230	0.806
SS16	5'>AGTGAACGTCCATTGGATTTCG<3' 5'>GTGTTGAATCCGACCTTCTACC<3'	8	150~180	0.792
CSSR051	5'>TAGTTCTCTTCAACCCCCCTTTC<3' 5'>CTGTTCGGCTGTAATTGTGATT<3'	4	90~170	0.758
SS18	5'>CCTCAGCTCTAGCAAAAGCACATT<3' 5'>AGAGGCTATAGATCGTGGATGCAG<3'	4	170~280	0.769
SS2	5'>TTTATTCAACCGCTCAAGGACT<3' 5'>TTAGGGGTGGAAAACATGGA<3'	6	240~280	0.756
CSSR020	5'>ACATTCGCATTCTCCACT<3' 5'>TTTGTCTCATCACCTTCG<3'	5	220~240	0.806
SS15	5'<GCTTTGATCCCTCACATA<3' 5'<GATCCCTACAATCCTTGGTCC<3'	8	140~180	0.843
CSSR015	5'>ATACGATGCGTGAACGTGC<3' 5'>TACCTTCTTCCTCTGT<3'	5	160~180	0.583
ISSR 特征引物 Specific ISSR primers				
IS22	(CA) ₈ RC	27	220~490	0.957
IS09	(CTGC) ₄	4	300~410	0.223



M: DNA marker DL2000; 1: 天草; 2: 不知火; 3: 宫内伊予柑; 4: 清见; 5: 琵琶22; 6: 琵琶21; 7: 阳香; 8: 早津温州蜜柑; 9: 少核默科特; 10: 日辉; 11: 春见; 12: 奥兰多; 13: 明尼奥拉橘柚; 14: 清峰; 15: 津之香; 16: 诺瓦; 17: 胜山伊予柑; 18: 濑户佳; 19: 南香; 20: Fina; 21: 克里迈丁新系; 22: Tardia Boro; 23: Hernandina; 24: 东试早柚; 25: 梁平柚; 26: 通贤柚; 27: 强德勒柚; 28: 楚门文旦; 29: 沙田柚; 30: 琥珀蜜柚; 31: 邓肯葡萄柚; 32: 勐伦早柚; 33: 曼赛龙柚; 34: 晚白柚; 35: 马叙葡萄柚; 36: 五布红心柚; 37: 瑞红葡萄柚; 38: 福本脐橙; 39: 宫川温州蜜柑; 40: 檩柑新生系3号
M: DNA marker DL2000; 1: Amakusa; 2: Shinanui; 3: Miyawuchi lyo kan; 4: Kiyomi; 5: Ehime Kashi 22; 6: Ehime Kashi 21; 7: Youkou; 8: Early okitsu; 9: W. Murcott; 10: Sunburst; 11: Harumi; 12: Orlando; 13: Minneola; 14: Seihou; 15: Tsunokaori; 16: Nova; 17: Katsuyama lyo kan; 18: Setoka; 19: Nankou; 20: Fina; 21: Clementina new line; 22: Tardia Boro; 23: Hernandina; 24: Dongshizao pummelo; 25: Liangping pummelo; 26: Tongxian pummelo; 27: Chandler pummelo; 28: Chumen pummelo; 29: Shatian pummelo; 30: Guanxi pummelo; 31: Duncan grapefruit; 32: Menglunzao pummelo; 33: Mansailong pummelo; 34: Wanbai pummelo; 35: Marsh grapefruit; 36: Wuhuhongxin pummelo; 37: Riored grapefruit; 38: Fukumoto; 39: Miyagawa; 40: Ponkan varieties nucellar line 3

图1 SSR特征引物(CSSR038)对部分柑橘品种(系)的扩增图谱

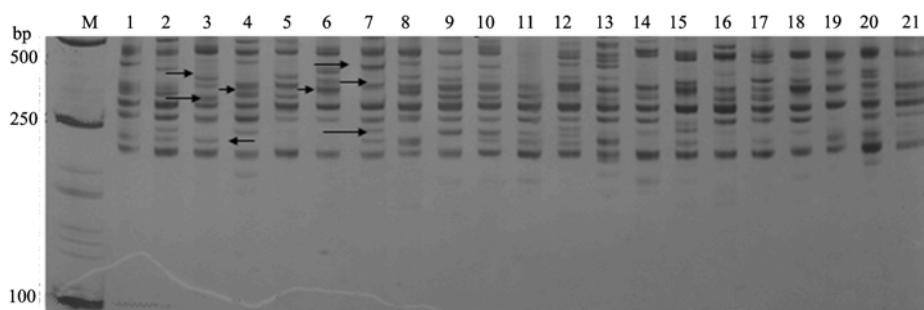
Fig. 1 Electrophoretic pattern of some citrus cultivars (lines) with SSR specific primer pair CSSR038

杂柑和柚类品种(系)间的多态性最高,红橘和椪柑次之,甜橙和温州蜜柑品种(系)间多态性最差。不同类型柑橘栽培品种(系)间的多态性丰富,利用2~3对特征引物可将供试材料的所属柑橘类别判断出来。采用特征引物组合鉴别的方法,12对SSR特征引物扩增出的多态性谱带构成了42个品种(系)的特征指纹图谱,这42个品种(系)分别是无核本地早橘、硬芦芦柑、南丰蜜橘、宫内伊予柑、胜山伊予柑、Tardia Boro、桂平朱砂橘、黄岩椪柑、砂糖橘、天草、不知火、清见、琵琶21、琵琶22、阳香、少核默科特、日

辉、春见、奥兰多、明尼奥拉橘柚、清峰、津之香、诺瓦、濑户佳、早香、南香、秋辉、东试早柚、梁平柚、通贤柚、强德勒柚、楚门文旦、沙田柚、琥珀蜜柚、邓肯葡萄柚、勐伦早柚、曼赛龙柚、晚白柚、马叙葡萄柚、五布红心柚、瑞红葡萄柚、尤力克柠檬。

2.3 ISSR分析

利用筛选获得的2个ISSR特征引物对不具备SSR特征指纹的60个品种(系)进行ISSR分析,特征引物IS22扩增出8条多态谱带(图2),共检测到27个等位位点,特征引物IS09扩增出2条多态性谱带,



M: DNA marker DL2000; 1: 朋娜脐橙; 2: 北碚447锦橙; 3: 塔罗科血橙; 4: 铜水72-1锦橙; 5: 江津78-1锦橙; 6: 纽荷尔脐橙; 7: 无核雪柑; 8: 红肉脐橙; 9: 蜜奈夏橙; 10: 福本脐橙; 11: 梨橙2号锦橙; 12: 晚棱脐橙; 13: 铃木脐橙; 14: 哈姆林甜橙; 15: 奥林达夏橙; 16: 丰脐; 17: 吉田脐橙; 18: 德尔塔夏橙; 19: 路比血橙; 20: 摩洛血橙; 21: 清家脐橙。箭头表示多态性位点
M: DNA marker DL2000; 1: Skaggs bonanza; 2: Beibei 447; 3: Tarocco blood orange; 4: Tongshui72-1; 5: Jiangjin 78-1; 6: Newhall; 7: Xuegan seedless; 8: Cara cara; 9: Midknight; 10: Fukumoto; 11: Licheng 2; 12: Lanes late navel orange; 13: Suzuki; 14: Hamlin; 15: Olinda; 16: Fengqi; 17: Yoshida navel; 18: Delta; 19: Ruby blood orange; 20: Morocco blood orange; 21: Seike. Arrows indicate polymorphic loci

图2 ISSR特征引物(IS22)对部分柑橘品种(系)的扩增图谱

Fig. 2 Electrophoretic pattern of some cultivars (lines) with ISSR specific primer IS22

检测到4个等位位点。两个ISSR特征引物的PIC值分别为0.957和0.223。利用2个ISSR特征引物结合12对SSR特征引物对60个柑橘品种(系)进行指纹分析,结果其中的28个品种(系)具有DNA特征指纹,它们是:清家脐橙、朋娜脐橙、纽荷尔脐橙、丰脐、晚棱脐橙、奥林达夏橙、北碚447锦橙、塔罗科血橙、江津78-1锦橙、德尔塔夏橙、哈姆林甜橙、铜水72-1锦橙、铃木脐橙、无核雪柑、蜜奈夏橙、路比血橙、柳叶橙、改良橙、摩洛哥血橙、宫川温州蜜柑、大浦温州蜜柑、宫本温州蜜柑、日南1号温州蜜柑、兴津温州蜜柑、太田椪柑、岩溪晚芦、椪柑新生系3

号、台湾椪柑。

2.4 柑橘品种(系)指纹图谱数据库的构建

利用12对SSR特征引物和2对ISSR特征引物对供试102个中国柑橘栽培品(系)种进行SSR和ISSR分析,得到各柑橘品种的可重复的SSR和ISSR凝胶图谱。然后,采用数字与英文字母分别对特征引物及其扩增图谱中的不同带型赋值,将每个品种的指纹图谱所对应的赋值编码按特定的引物顺序排列起来,就构成了代表各品种(系)身份的特征指纹代码。本研究中可准确鉴别的70个柑橘栽培品(系)种的特征指纹代码见表3。

表3 70个柑橘栽培品种(系)的特征指纹代码

Table 3 The fingerprinting code of 70 citrus cultivars (lines)

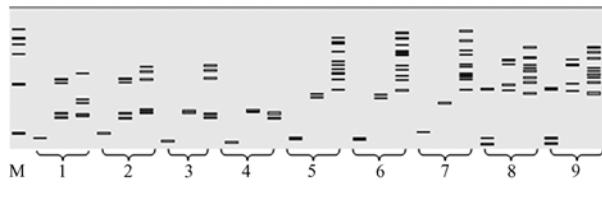
品种(系) Cultivar (line)	SSR指纹代码 Fingerprinting code of SSR	ISSR指纹代码 Fingerprinting code of ISSR
天草 Amakusa	1A2A3B4A5A6B7C8A9D10A11B12C	
不知火 Shinanui	1C2A3B4B5B6B7C8C9A10B11E12C	
宫内伊予柑 Miyawuchi lyo kan	1F2B3B4A5F6G7A8D9D10D11F12C	
清见 Kiyomi	1D2B3B4A5B6F7C8A9A10B11B12D	
媛媛 22 Ehime Kashi 22	1B2A3A4A5A6B7A8B9B10A11G12C	
媛媛 21 Ehime Kashi 21	1D2B3A4A5B6B7B8A9B10A11B12C	
阳香 Youkou	1C2A3A4A5B6A7C8B9B10C11D12C	
少核默科特 W. Murcott	1D2A3B4A5B6A7A8C9B10A11H12C	
日辉 Sunburst	1A2A3B4A5B6C7C8C9D10A11C12C	
春见 Harumi	1D2B3B4A5A6A7A8A9A10B11B12C	
奥兰多 Orlando	1A2B3B4A5A6C7C8B9D10A11B12C	
明尼奥拉橘柚 Minneola	1F2A3B4A5A6A7C8B9D10A11A12C	
清峰 Seihou	1B2B3B4A5B6H7A8A9B10A11A12C	
津之香 Tsunokaori	1B2B3B4A5B6F7A8A9B10A11B12C	
诺瓦 Nova	1D2B3A4A5A6C7A8A9B10A11B12C	
胜山伊予柑 Katsuyama lyo kan	1F2A3B4A5F6G7C8D9D10D11F12D	
濑户佳 Setoka	1D2B3B4A5B6H7A8A9B10C11B12C	
早香 Hayaka	1D2A3B4B5B6B7C8B9B10A11H12C	
南香 Nankou	1D2A3B4A5B6B7A8B9B10A11B12C	
秋辉 Fallglo	1D2B3B4A5A6A7A8B9B10B11B12C	
东试早柚 Dongshizao pummelo	1E2A3B4C5C6B7A8D9D10C11E12A	
梁平柚 Liangping pummelo	1A2A3B4C5C6C7A8D9F10C11B12A	
通贤柚 Tongxian pummelo	1E2A3B4C5D6D7B8D9E10C11B12A	
强德勒柚 Chandler pummelo	1A2A3B4C5E6B7B8D9D10C11B12A	
楚门文旦 Chumen pummelo	1E2A3B4C5D6D7B8D9D10C11B12A	
沙田柚 Shatian pummelo	1E2A3B4B5E6D7A8D9E10C11E12A	
琯溪蜜柚 Guanxi pummelo	1E2A3B4C5D6D7E8D9D10C11B12A	
邓肯葡萄柚 Duncan grapefruit	1E2A3A4B5B6A7A8A9D10A11B12B	

续表3 Continued Table 3

品种(系) Cultivar (line)	SSR 指纹代码 Fingerprinting code of SSR	ISSR 指纹代码 Fingerprinting code of ISSR
勐伦早柚 Menglunzao pummelo	1C2A3B4C5C6H7B8D9D10C11A12A	
曼赛龙柚 Mansailong pummelo	1C2A3B4C5E6E7A8D9E10C11A12A	
晚白柚 Wanbai pummelo	1E2A3B4C5C6E7A8D9D10C11E12A	
马叙葡萄柚 Marsh grapefruit	1E2A3A4B5B6A7A8D9D10A11B12B	
五布红心柚 Wubuhongxin pummelo	1A2A3B4C5B6E7A8D9D10C11E12B	
瑞红葡萄柚 Riored grapefruit	1G2D3B4D5G6A7B8A9F10E11D12A	
Tardia Boro	1B2A3B4A5B6C7A8B9B10B11H12A	
尤力克柠檬 Eureka lemon	1G2D3B4D5H6A7B8A9A10E11D11B	
南丰蜜橘 Nanfengmiji	1B2B3B4A5B6C7A8C9C10B11C12A	
无核本地早橘 Bendizaoju seedless	1D2B3B4A5B6A7A8C9C10B11H12A	
桂平朱砂橘 Guipingzhushaju	1F2A3B4A5A6B7A8B9B10C11C12A	
冰糖橘 Bingtangju	1B2B3B4A5B6C7A8C9A10A11B12E	
硬芦芦柑 Yinglu	1D2A3B4B5A6C7C8B9C10A11C12A	
黄岩椪柑 Huangyan ponkan	1F2A3B4C5B6B7C8B9C10A11C12A	
太田椪柑 Ota ponkan	1C2A3B4B5A6C7C8B9C10A11C12A	13A14A
岩溪晚芦 Yanxiwanlu ponkan	1C2A3B4B5A6C7C8B9C10A11C12A	13B14A
新生系3号 Ponkan varieties nucellar line 3	1C2A3B4B5A6C7C8B9C10A11C12A	13C14A
台湾椪柑 Taiwan ponkan	1C2A3B4B5A6C7C8B9C10A11C12A	13D14A
兴津温州蜜柑 Okitsu	1B2C3B4A5B6B7A8B9B10B11B12A	13E14A
宫川温州蜜柑 Miyagawa	1B2C3B4A5B6B7A8B9B10B11B12A	13F14A
大浦温州蜜柑 Ooura	1B2C3B4A5B6B7A8B9B10B11B12A	13G14A
宫本温州蜜柑 Miyamoto	1B2C3B4A5B6B7A8B9B10B11B12A	13H14A
日南1号温州蜜柑 Nichinan 1	1B2C3B4A5B6B7A8B9B10B11B12A	13I14A
清家脐橙 Seike	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13J14A
朋娜脐橙 Skagss bonanza	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13K14A
纽荷尔脐橙 Newhall	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13L14A
丰脐 Fengqi	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13M14A
晚棱脐橙 Lanes late navel orange	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13N14A
北碚447锦橙 Beibei 447	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13O14A
德尔塔夏橙 Delta	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13P14A
奥林达夏橙 Olinda	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13Q14A
塔罗科血橙 Tarocco blood orange	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13R14A
江津78-1锦橙 Jiangjin 78-1	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13S14A
铜水72-1锦橙 Tongshui 72-1	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13T14A
哈姆林甜橙 Hamlin	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13U14A
铃木脐橙 Suzuki	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13V14A
蜜奈夏橙 Midknight	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13W14A
Morocco blood orange	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13X14A
路比血橙 Ruby blood orange	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13Y14D
无核雪柑 Xuegan seedless	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13E14A
柳叶橙 Liuyecheng	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13S 14B
改良橙 Gailiangcheng	1A2A3A4A5A6A7B8A9A10A11A12A	13E 14C

利用上述特征指纹图谱进行柑橘种苗纯度和真实性鉴定检测时,若人工逐一比对每个品种的凝胶图谱,既费力费时,又无法避免人为误差。因此,本研究以同一个Marker作参照,利用曹永生等^[20]编写的具有对凝胶图谱自动识别功能的Gel 2.0软件包对各品种的SSR或ISSR凝胶图谱进行自动识别,将其转换成标准指纹模式图谱(图3),从而建立了供试70个柑橘栽培品种(系)的指纹模式图谱数据库。

本研究中,各品种的凝胶图谱、特征指纹代码和指纹模式图谱构成了柑橘栽培品种的指纹图谱库,可作为判定柑橘种苗纯度和真实性的重要依据。在实际应用时,先利用特征引物对检测样品DNA进行PCR扩增并电泳显色,再利用指纹图谱自动识别系统Gel 2.0识别送检样品的凝胶图谱并将其转换成指纹模式图谱,然后利用该系统的自动比对功能,将检测样品的指纹模式图谱与模式图谱数据库中的数据进行自动比对,找到与之相匹配的带型,最后将送检样品扩增带型所对应的赋值代码按特定的引物顺序排列起来,与柑橘品种特征指纹代码进行比较,即可直观地判定出检测样品的品种名(或类别),从而判断送检种苗的纯度和真实性。



M: DNA marker DL2000; 1: 不知火; 2: 津之香; 3: 瓜溪蜜柚; 4: 晚白柚; 5 岩溪晚芦; 6: 太田椪柑; 7: 大浦温州蜜柑; 8 纽荷尔脐橙; 9: 塔罗科血橙。1~9为各个品种对应3对特征引物构成的指纹模式图谱

M: DNA marker DL2000; 1: Shinanui; 2: Tsunokaori; 3: Guanxi pummelo; 4: Wanbai pummelo; 5: Yanxiwanlu ponkan; 6: Ota ponkan; 7: Ourou; 8: Newhall; 9: Tarocco blood orange. 1-9 are standard model fingerprints of nine cultivars with three specific primers respectively

图3 利用Gel 2.0指纹图谱自动识别系统构建的部分柑橘品种标准指纹模式图谱

Fig. 3 The standard model fingerprinting of some citrus cultivars by using Gel 2.0

3 讨论

传统的品种鉴定多以形态学标记为依据,往往鉴定周期长,且易受环境条件的影响。与之相比,DNA分子标记不受时空条件的限制,在农作物种子(种苗)

纯度和真实性鉴定中已显示出巨大的潜力,但在众多的DNA分子标记中如何选择,是一个值得思考的问题。就品种鉴定而言,其基本要求是简单、准确、快速及成本低廉。SSR标记被认为是品种鉴定较为理想的标记之一。目前SSR标记已成功应用于苹果^[21]、梨^[22]及葡萄^[23]等果树的品种鉴定,ISSR标记在品种鉴定中也具有较大潜力。本研究结果表明,ISSR标记具有较好的多态性,在部分亲缘关系较近的品种间能扩增出可重复的多态性谱带,这与Fang等^[6]的研究结果一致。但ISSR标记对PCR反应条件的变化比SSR标记敏感,不同的引物需要对PCR条件作相应的调整才能获得最佳效果,对DNA及Taq DNA聚合酶的质量要求也较高。此外,本研究在构建该指纹图谱库的过程中特别注意SSR标记和ISSR标记的重复性,所用引物均经过3次以上的重复试验,各品种中出现的多态性谱带均能重复。

多数柑橘品种具有多胚性,存在珠心胚干扰现象。而且由于很多柑橘栽培品种不育或育性低,大部分柑橘新品种(特别是甜橙和温州蜜柑系列)是通过芽变选种育成,它们与起始品种的亲缘关系极其相近,即使利用分子标记技术也难以鉴别。本研究中筛选了200对SSR引物,结果仅12对SSR特征引物能鉴别42个品种(系)(甜橙和温州蜜柑品种(系)均未出现SSR特征指纹、椪柑中也仅有硬芦和黄岩椪柑这两个品种具有SSR特征指纹)。进一步对不具SSR特征指纹的60个品种(系)进行ISSR引物筛选,结果从40个ISSR引物中筛选到2个重复性好的多态性特征引物,结合SSR标记可鉴别出上述60个品种(系)中的28个品种。近年来,一些基于单个或多个核苷酸变异的第3代标记技术(如SNP^[24]、InDel^[25]等)开始得到越来越广泛的应用,笔者正在用这些新型分子标记完善和验证柑橘品种指纹图谱数据库,为建立简便、准确、快速的柑橘种苗纯度和真实性鉴定技术体系和技术规范奠定基础。

4 结论

从200对SSR引物中筛选到12对重复性好、多态性丰富的SSR特征引物,利用这12对SSR特征引物组合可准确鉴别102个柑橘栽培品种(系)中的42个品种(系)。在此基础上,对60个不具有SSR特征指纹的柑橘品种(系)进行ISSR分析,从40个ISSR引物中筛选到2个ISSR特征引物,结合SSR标记可快速准确地鉴别70个柑橘的品种(系)。本研究最终

利用 12 对 SSR 特征引物和 2 个 ISSR 特征引物建立了供试 70 个柑橘栽培品种(系)的指纹模式图谱数据库, 为利用分子标记技术快速准确地检测鉴定柑橘种苗纯度及真实性并制定相应技术规程奠定了良好的基础。

References

- [1] Bretó M P, Ruiz C, Pina J A, Asins M J. The diversification of *Citrus clementina* Hort. ex Tan., a vegetatively propagated crop species. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2001, 21: 285-293.
- [2] Fang D Q, Roose M L, Krueger R R, Federici C T. Fingerprinting trifoliolate orange germ plasm accessions with isozymes, RFLPs, and inter-simple sequence repeat markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 1997, 95: 211-219.
- [3] 刘勇, 孙中海, 刘德春, 吴波, 陶建军. 柚类种质资源 AFLP 与 SSR 遗传多样性分析. 中国农业科学, 2005, 38(11): 2308-2315.
Liu Y, Sun Z H, Liu D C, Wu B, Tao J J. Assessment of the genetic diversity of pummelo germplasms using AFLP and SSR markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 2005, 38(11): 2308-2315. (in Chinese)
- [4] 庞晓明, 胡春根, 邓秀新. 用 SSR 标记研究柑橘属及其近缘属植物的亲缘关系. 遗传学报, 2003, 30(1): 81-87.
Pang X M, Hu C G, Deng X X. Phylogenetic relationships among citrus and its relatives an revealed by SSR markers. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(1): 81-87. (in Chinese)
- [5] Barkley N A, Roose M L, Krueger R R, Federici C T. Assessing genetic diversity and population structure in a citrus germplasm collection utilizing simple sequence repeat markers (SSRs). *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112: 1519-1531.
- [6] Fang D Q, Roose M L. Identification of closely related citrus cultivars with inter-simple sequence repeat markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 1997, 95: 408-417.
- [7] Róder M S, Wendehake K, Korzun V, Bredemeijer G, Laborie D, Bertrand L, Isaac P, Rendell S, Jackson J, Cooke R J, Vosman B, Ganal M W. Construction and analysis of a microsatellite-based database of European wheat varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 106: 67-73.
- [8] 李根英, Dreisigacker S, Warburton M L, 夏先春, 何中虎, 孙其信. 小麦指纹图谱数据库的建立及 SSR 标记试剂盒的研发. 作物学报, 2006, 32(12): 1771-1778.
Li G Y, Dreisigacker S, Warburton M L, Xia X C, He Z H, Sun Q X. Development of a fingerprinting database and assembling an SSR reference kit for genetic diversity analysis of wheat. *Acta Agronomica Sinica*, 2006, 32(12): 1771-1778. (in Chinese)
- [9] 王立新, 李云伏, 常利芳, 黄岚, 李宏博, 葛玲玲, 刘丽华, 姚骥, 赵昌平. 建立小麦品种 DNA 指纹的方法研究. 作物学报, 2007, 33(10): 1738-1740.
- [10] Wang L X, Li Y F, Chang L F, Huang L, Li H B, Ge L L, Liu L H, Yao J, Zhao C P. Method of ID constitution for wheat cultivars. *Acta Agronomica Sinica*, 2007, 33(10): 1738-1740. (in Chinese)
- [11] Bredemeijer G M M, Cook R J, Ganal M W, Peeters R, Issac P, Noordijk Y, Rendell S, Jackson J, Róder M S, Wendehake K, Dijcks M, Amelaine M, Wickaert V, Bertrand L, Vosman B. Construction and testing of microsatellite database containing more than 500 tomato varieties. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 105: 1019-1026.
- [12] 庄杰云, 施勇烽, 应杰政, 鄂志国, 曾瑞珍, 陈洁, 朱智伟. 中国主栽水稻品种微卫星标记数据库的初步构建. 中国水稻科学, 2006, 20(5): 460-468.
Zhuang J Y, Shi Y F, Ying J Z, E Z G, Zeng R Z, Chen J, Zhu Z W. Construction and testing of primary microsatellite database of major rice varieties in China. *Chinese Journal of Rice Science*, 2006, 20(5): 460-468. (in Chinese)
- [13] Kijas J M, Fowler J C, Thomas M R. An evaluation of sequence tagged microsatellite site markers for genetic analysis within *Citrus* and related species. *Genome*, 1995, 38: 349-355.
- [14] Kijas J M, Thomas M R, Fowler J C, Roose M L. Integration of trinucleotide microsatellites into a linkage map of Citrus. *Theoretical and Applied Genetics*, 1997, 94: 701-706.
- [15] Chen C X, Zhou P, Choi Y A, Huang S, Gmitter Jr F G. Mining and characterizing microsatellites from citrus ESTs. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112: 1248-1257.
- [16] Ahmad R, Struss D, Southwick S M. Development and characterization of microsatellite markers in *Citrus*. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 2003, 128: 584-590.
- [17] Valdenice M N, Mariangela C, Alessandra A S, Marcos A M. Development and characterization of polymorphic microsatellite markers for the sweet orange (*Citrus sinensis* L. Osbeck). *Genetics and Molecular Biology*, 2006, 29(1): 90-96.
- [18] 江东, 钟广炎, 洪棋斌. 柑橘 EST-SSR 分子标记分析. 遗传学报, 2006, 33(4): 345-353.
Jiang D, Zhong G Y, Hong Q B. Analysis of microsatellites in citrus unigenes. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33(4): 345-353. (in Chinese)
- [19] 吴鑫, 雷天刚, 何永睿, 刘小丰, 许兰珍, 彭爱红, 陈善春. 柑橘 SRAP 和 ISSR 分子标记技术体系的建立与优化. 分子植物育种, 2008, 6(1): 170-176.
Wu X, Lei T G, He Y R, Liu X F, Xu L Z, Peng A H, Chen S C. Establishment and optimization of SRAP and ISSR marker system in *Citrus*. *Molecular Plant Breeding*, 2008, 6(1): 170-176. (in Chinese)

- [19] Anderson J A, Churchill Ghurhill G A, Autrique J E, Tanksley S D, Scorells M E. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 1993, 36: 181-186.
- [20] 曹永生, 孔繁胜, 王宇生. 基于图象处理的种质资源指纹图谱分析(OL). 中国作物种质信息网. <http://icgr.caas.net.cn/training/forum/> 基于图象处理的种质资源指纹图谱分析.htm.
- Cao Y S, Kong F S, Wang Y S. Fingerprint analysis system of crop germplasm resources(OL). Chinese crop germplasm resources information system. <http://icgr.caas.net.cn/training/forum/FingerprintAnalysisSystemofCropGermplasmResources.htm>. (in Chinese)
- [21] 蔡青, 姜立杰, 张晓明, 闫国华, 张开春, 曹玉芳, 马焕普. 苹果主栽品种的 SSR 分子标记鉴别. 中国农学通报, 2007, 23(7): 129-134.
- Cai Q, Jiang L J, Zhang X M, Yan G H, Zhang K C, Cao Y F, Ma H P. Identification of apple varieties with SSR molecular markers. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2007, 23(7): 129-134. (in Chinese)
- [22] 曹玉芳, 刘凤之, 高源, 姜立杰, 王昆, 马智勇, 张开春. 梨栽培品种 SSR 鉴定及遗传多样性. 园艺学报, 2007, 34(2): 305-310.
- Cao Y F, Liu F Z, Gao Y, Jiang L J, Wang K, Ma Z Y, Zhang K C. SSR analysis of genetic diversity of pear cultivars. *Acta Horticulturae Sinica*, 2007, 34(2): 305-310. (in Chinese)
- [23] This P, Jung A, Boccacci P, Borrego J, Botta R, Costantini L, Crespan M, Dangl G S, Eisenheld C, Ferreira-Monteiro F, Grando S, Ibanez J, Lacombe T, Laucou V, Magalhaes R, Meredith C P, Milani N, Peterlunger E, Regner F, Zulini L, Maul E. Development of a standard set of microsatellite reference alleles for identification of grape cultivars. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 109: 1448-1458.
- [24] Yoon M S, Song Q J, Choi I Y, Specht J E, Hyten D L, Cregan P B. BARCSoySNP23: a panel of 23 selected SNPs for soybean cultivar identification. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 114: 885-899.
- [25] Cai X X, Liu J, Qiu Y Q, Zhao W, Song Z P, Lu B R. Differentiation of Indica-Japonica rice revealed by insertion/deletion (InDel) fragments obtained from the comparative genomic study of DNA sequences between 93-11 (Indica) and Nipponbare (Japonica). *Frontiers of Biology in China*, 2007, 2(3): 293-296.

(责任编辑 曲来娥)