

卢霞,刘梦华,邓志军,等. 基于 InDel 标记的黄瓜种质资源遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学,2021,49(1):49-54.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.01.009

基于 InDel 标记的黄瓜种质资源遗传多样性分析

卢霞,刘梦华,邓志军,孙秋月,夏迎春,李文虎,司龙亭,阿门

(江苏绿港现代农业发展有限公司,江苏宿迁 223800)

摘要:为明确黄瓜(*Cucumis sativus* L.)自交系间的亲缘关系,筛选适宜作为杂交亲本的种质资源,利用 InDel 标记对 48 份黄瓜自交系进行遗传多样性分析。结果表明,68 对 InDel 标记中 39 对标记具有强多态性,在 48 份材料中共检测出 79 个等位基因,平均每对标记检测到 2.025 6 个等位基因,遗传距离在 0~0.955 1 范围之间,相似性系数在 0.44~1.00 之间,平均相似性系数为 0.72,说明 48 份材料总体亲缘关系较近,遗传多样性不够丰富。NTSYS 2.1 软件聚类结果表明,在相似性系数为 0.44 时,48 份材料被划分为两大类群,主要为密刺黄瓜和水果黄瓜,用 Power Marker 3.25 软件进行树状图分析,分析结果与 NTSYS 聚类结果一致。研究结果可为了解黄瓜种质资源遗传背景及亲本组合的选配奠定基础。

关键词:黄瓜种质资源;InDel 标记;遗传多样性分析;多态性分析;聚类分析

中图分类号: S642.202 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2021)01-0049-05

黄瓜(*Cucumis sativus* L., $2n=14$)是葫芦科甜瓜属一年生蔓生植物,是一种世界性栽培蔬菜。黄瓜在我国已有 2 000 多年的栽培历史,已成为我国主要栽培蔬菜之一^[1]。经过长时间的自然和人工选择,黄瓜材料间的遗传背景极其相似,栽培黄瓜品种的遗传变异显著减少,品种间的遗传多样性远低于同属的甜瓜^[2-5],使黄瓜的形态鉴定容易受到环境因素的影响。因此,明确育种材料的遗传多样性和亲缘关系已成为黄瓜育种的重要工作之一。

传统育种方法很难满足黄瓜遗传改良发展的需求,目前,分子标记是进行黄瓜种质遗传多样性及亲缘关系分析的有效工具。近年来,为了更好地鉴别黄瓜,各种基于 DNA 的分子标记被开发出来。限制性内切酶片断长度多态性(RFLP)、扩增片段长度多态性(AFLP)、简单重复序列标记(SSR)、表达序列标签-简单重复序列标记(EST-SSR)、单核苷酸多态性(SNP)等现代分子标记技术已在黄瓜遗传育种中得到应用。Dijkhuizen 等利用 RFLP 分子

标记方法对 16 个黄瓜品种进行遗传多样性分析并将聚类结果与同工酶标记聚类结果进行对比,结果表明 RFLP 分子标记聚类结果与同工酶标记聚类结果一致^[6]。李锡香等通过 AFLP 分子标记对 70 多份黄瓜材料进行遗传多样性研究,将 70 份材料聚类为西双版纳黄瓜、野生黄瓜和栽培黄瓜三大类群^[7]。穆生奇等利用 SSR 分子标记技术对 59 份黄瓜材料进行遗传多样性分析,结果表明 59 份黄瓜材料被划分到 7 个类群当中^[8]。刘俊青等用 EST-SSR 标记评价了 21 份不同生态类型黄瓜种质的遗传多样性,21 份黄瓜种质可分为两大类群^[9]。姚丹青等利用 42 个 SNP 位点进行黄瓜遗传多样性分析,结果表明,42 个 SNP 位点中有 30 个位点的多态信息量为 0.027~0.528,71 个黄瓜品种两两间的遗传相似系数分布在 0.403 2~0.980 9 之间^[10]。

基于全基因组重测序开发的插入/缺失[Insertion/Deletion(InDel)]标记是指 2 个亲本间在全基因组序列中的差异。InDel 标记因其具有在基因组内分布广、密度高、变异稳定、多态性强、检测容易等优点^[11-12],受到越来越多的关注,在生物遗传多样性、品种纯度鉴定、亲缘关系鉴定以及分子育种上都有重要的应用价值^[12-16]。本研究利用江苏绿港现代农业发展有限公司(江苏绿港)育种研究所提供的 48 份黄瓜自交系,采用基于绿美 1 号父母本全基因组重测序开发的 InDel 标记,鉴定了黄瓜种质资源遗传多样性及亲缘关系,旨在为黄瓜种

收稿日期:2020-06-08

基金项目:江苏省现代农业(蔬菜)产业技术体系[编号:JATS(2018)188];江苏省“双创人才”项目[编号:(2017)1388号]。

作者简介:卢霞(1991—),女,甘肃天水人,硕士,助理研究员,主要从事分子标记辅助育种与种子纯度鉴定。E-mail:1344963751@qq.com。

通信作者:阿门,博士,副研究员,主要从事作物遗传育种研究。E-mail:2582259972@qq.com。

质资源收集和保存提供参考,指导在育种中合理选择选配亲本,从而减少育种的盲目性加快育种进程。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料选自江苏绿港现代农业发展有限公司(江苏绿港)育种研究所提供的 48 份黄瓜自交系(表 1),代号为 D1 ~ D23、X1 ~ X18、B1 ~ B7。

表 1 48 份黄瓜种质资源的类型与来源

| 编号 | 代号 | 类型 |
|----|-----|------|
| 1 | D1 | 密刺黄瓜 |
| 2 | D2 | 密刺黄瓜 |
| 3 | D3 | 密刺黄瓜 |
| 4 | D4 | 密刺黄瓜 |
| 5 | D5 | 密刺黄瓜 |
| 6 | D6 | 密刺黄瓜 |
| 7 | D7 | 密刺黄瓜 |
| 8 | D8 | 密刺黄瓜 |
| 9 | D9 | 密刺黄瓜 |
| 10 | D10 | 密刺黄瓜 |
| 11 | D11 | 密刺黄瓜 |
| 12 | D12 | 密刺黄瓜 |
| 13 | D13 | 密刺黄瓜 |
| 14 | D14 | 密刺黄瓜 |
| 15 | D15 | 密刺黄瓜 |
| 16 | D16 | 密刺黄瓜 |
| 17 | D17 | 密刺黄瓜 |
| 18 | D18 | 密刺黄瓜 |
| 19 | D19 | 密刺黄瓜 |
| 20 | D20 | 密刺黄瓜 |
| 21 | D21 | 密刺黄瓜 |
| 22 | D22 | 密刺黄瓜 |
| 23 | D23 | 密刺黄瓜 |
| 24 | X1 | 水果黄瓜 |
| 25 | X2 | 水果黄瓜 |
| 26 | X3 | 水果黄瓜 |
| 27 | X4 | 水果黄瓜 |
| 28 | X5 | 水果黄瓜 |
| 29 | X6 | 水果黄瓜 |
| 30 | X7 | 水果黄瓜 |
| 31 | X8 | 水果黄瓜 |
| 32 | X9 | 水果黄瓜 |
| 33 | X10 | 水果黄瓜 |
| 34 | X11 | 水果黄瓜 |
| 35 | X12 | 水果黄瓜 |
| 36 | X13 | 水果黄瓜 |

表 1(续)

| 编号 | 代号 | 类型 |
|----|-----|--------|
| 37 | X14 | 水果黄瓜 |
| 38 | X15 | 水果黄瓜 |
| 39 | X16 | 水果黄瓜 |
| 40 | X17 | 水果黄瓜 |
| 41 | X18 | 水果黄瓜 |
| 42 | B1 | 白绿黑刺黄瓜 |
| 43 | B2 | 白绿无刺黄瓜 |
| 44 | B3 | 白绿无刺黄瓜 |
| 45 | B4 | 白绿稀刺黄瓜 |
| 46 | B5 | 白绿稀刺黄瓜 |
| 47 | B6 | 黄绿稀刺黄瓜 |
| 48 | B7 | 黄绿稀刺黄瓜 |

1.2 方法

1.2.1 黄瓜基因组 DNA 的提取 2020 年 3 月 6 日将供试材料播种于江苏绿港育苗棚中,待长至 2 ~ 3 张真叶时取样,用改良的十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法提取黄瓜基因组 DNA。具体提取步骤如下:(1)取新鲜叶片 30 mg 放入 2 mL 的离心管中,加入 1 个直径 4 mm 的钢珠,盖紧盖子,将其放入液氮中 60 s,然后利用组织研磨仪磨样 80 s;(2)磨好样后,加入 600 μL CTAB 提取液,55 ℃ 水浴 15 min,每隔 5 min 上下翻转混匀 1 次;(3)12 000 r/min 离心 5 min,吸取 400 μL 上清于干净的 1.5 mL 离心管中,加入 250 μL 三氯甲烷和异戊醇混合物(24 三氯甲烷:1 异戊醇),充分混匀;(4)13 000 r/min 离心 90 s,取 300 μL 上清于另一个新的 1.5 mL 离心管中,加入在 - 20 ℃ 条件下提前预冷的无水乙醇 600 μL,混匀, - 20 ℃ 冰箱放置 1 h;(5)12 000 r/min 离心 5 min,倒掉上清液,室温放置;(6)待离心管中无乙醇味时,加入 100 μL ddH₂O 溶解 DNA。分别用超微量紫外可见分光光度计(DeNovix DS - 11)和 1% 琼脂糖凝胶电泳检测所提 DNA 的浓度和质量,放 - 20 ℃ 冰箱存放备用。

1.2.2 PCR 扩增与检测 PCR 反应体系为 25 μL,其中 12.5 μL 2 × Taq MasterMix (康为世纪),10 μmol/L 正反引物各 1 μL, DNA 模板 1 μL, ddH₂O 补至 25 μL。PCR 反应程序为 94 ℃ 预变性 2 min;94 ℃ 变性 30 s,55 ℃ 退火 30 s,72 ℃ 延伸 30 s,35 个循环;72 ℃ 延伸 2 min,16 ℃ 结束反应。扩增产物用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测。

1.3 数据分析

统计电泳结果,利用 Power Marker 3.25 软件分

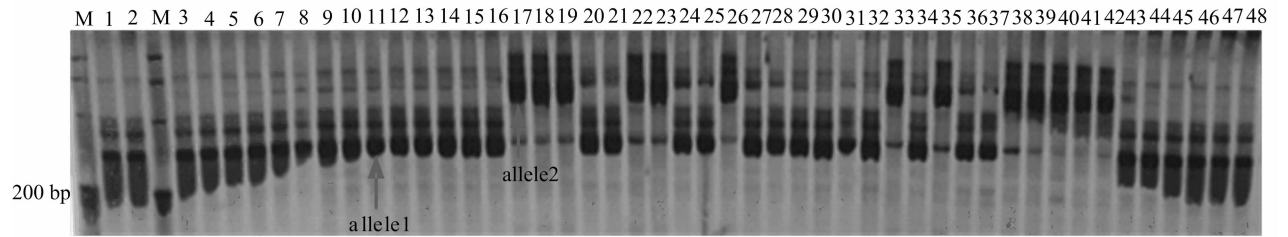
析每个标记所产生的等位基因数、有效等位基因频率、杂合度、基因多样性和多态性信息含量 (PIC) 等;用 NTSYS 2.1 软件进行遗传相似系数计算,同时用 2 种软件中的 UPGMA 方法进行树状图分析及聚类分析。

2 结果与分析

2.1 InDel 标记多态性分析

从笔者所在实验室前期开发出的 10 470 个 InDel 标记中初步选择 68 对 InDel 标记对 48 份黄瓜

自交系进行分析,结果显示,39 对 InDel 标记具有强多态性,共扩增出 79 条多态性条带,平均每对标记产生 2.025 6 个多态性条带。标记 InDel250 对 48 份黄瓜种质材料扩增出 2 个等位基因的电泳(图 1)。48 份黄瓜自交系中平均等位基因位点为 2.025 6,观察的 48 份黄瓜自交系的杂合度为 0~0.208 3,标记 InDel161 的杂合度最高,为 0.208 3,标记 InDel269 的基因多样性最高,扩增出 3 条带,为扩增带型数量最多的标记,且该标记扩增结果的多态性含量 PIC 值最高,为 0.524 6(表 2)。



M 为 500 bp 的 marker; allele1、allele2 分别代表标记 InDel250 扩增的 2 个等位基因条带

图1 标记 InDel250 对 48 份黄瓜种质资源的电泳

| 表 2 用于分析黄瓜遗传多样性的 39 对 InDel 标记多态性信息 | | | | | |
|-------------------------------------|----------|----------|---------|---------|---------|
| 标记 | 等位基因数(条) | 有效等位基因频率 | 基因多样性 | 杂合度 | PIC 值 |
| Indel37 | 2 | 0.687 5 | 0.429 7 | 0 | 0.337 4 |
| Indel39 | 2 | 0.687 5 | 0.429 7 | 0 | 0.337 4 |
| Indel41 | 2 | 0.666 7 | 0.444 4 | 0 | 0.345 7 |
| Indel48 | 2 | 0.875 0 | 0.218 8 | 0 | 0.194 8 |
| Indel49 | 2 | 0.770 8 | 0.353 3 | 0 | 0.290 9 |
| Indel54 | 2 | 0.812 5 | 0.304 7 | 0 | 0.258 3 |
| Indel62 | 2 | 0.708 3 | 0.413 2 | 0 | 0.327 8 |
| Indel63 | 2 | 0.812 5 | 0.304 7 | 0 | 0.258 3 |
| Indel112 | 2 | 0.687 5 | 0.429 7 | 0 | 0.337 4 |
| Indel115 | 2 | 0.687 5 | 0.429 7 | 0 | 0.337 4 |
| Indel116 | 2 | 0.645 8 | 0.457 5 | 0 | 0.352 8 |
| Indel118 | 2 | 0.729 2 | 0.395 0 | 0 | 0.317 0 |
| Indel124 | 2 | 0.708 3 | 0.413 2 | 0 | 0.327 8 |
| Indel125 | 2 | 0.625 0 | 0.468 8 | 0 | 0.358 9 |
| Indel127 | 2 | 0.791 7 | 0.329 9 | 0 | 0.275 5 |
| Indel158 | 2 | 0.625 0 | 0.468 8 | 0 | 0.358 9 |
| Indel161 | 2 | 0.770 8 | 0.353 3 | 0.208 3 | 0.290 9 |
| Indel169 | 2 | 0.500 0 | 0.500 0 | 0 | 0.375 0 |
| Indel171 | 2 | 0.645 8 | 0.457 5 | 0 | 0.352 8 |
| Indel172 | 2 | 0.8125 | 0.304 7 | 0 | 0.258 3 |
| Indel173 | 2 | 0.687 5 | 0.429 7 | 0 | 0.337 4 |
| Indel174 | 2 | 0.583 3 | 0.486 1 | 0 | 0.368 0 |
| Indel177 | 2 | 0.645 8 | 0.457 5 | 0 | 0.352 8 |
| Indel208 | 2 | 0.604 2 | 0.478 3 | 0 | 0.363 9 |

| 表 2(续) | | | | | |
|----------|----------|----------|---------|---------|---------|
| 标记 | 等位基因数(条) | 有效等位基因频率 | 基因多样性 | 杂合度 | PIC 值 |
| Indel211 | 2 | 0.666 7 | 0.444 4 | 0 | 0.345 7 |
| Indel215 | 2 | 0.770 8 | 0.353 3 | 0 | 0.290 9 |
| Indel217 | 2 | 0.875 0 | 0.218 8 | 0 | 0.194 8 |
| Indel225 | 2 | 0.687 5 | 0.429 7 | 0 | 0.337 4 |
| Indel227 | 2 | 0.708 3 | 0.413 2 | 0 | 0.327 8 |
| Indel232 | 2 | 0.770 8 | 0.353 3 | 0 | 0.290 9 |
| Indel235 | 2 | 0.750 0 | 0.375 0 | 0 | 0.304 7 |
| Indel245 | 2 | 0.729 2 | 0.395 0 | 0 | 0.317 0 |
| Indel248 | 2 | 0.708 3 | 0.413 2 | 0 | 0.327 8 |
| Indel250 | 2 | 0.750 0 | 0.375 0 | 0 | 0.304 7 |
| Indel261 | 2 | 0.791 7 | 0.329 9 | 0 | 0.275 5 |
| Indel265 | 2 | 0.875 0 | 0.218 8 | 0 | 0.194 8 |
| Indel269 | 3 | 0.500 0 | 0.603 3 | 0 | 0.524 6 |
| Indel117 | 2 | 0.708 3 | 0.413 2 | 0.083 3 | 0.327 8 |
| Indel277 | 2 | 0.750 0 | 0.375 0 | 0.083 3 | 0.304 7 |
| 平均数 | 2.025 6 | 0.713 1 | 0.396 6 | 0.009 6 | 0.317 5 |

2.2 基于 InDel 标记的黄瓜种质遗传多样性分析

在 48 份黄瓜种质资源中,遗传距离的范围在 0~0.955 1 之间,其中 D2 与 D3,D5 与 D18,D9 与 D11,D4 与 D15、D16 的遗传距离为 0,说明这些材料可能为同一种质资源,而 X1 与 X2 遗传距离最大,达到 0.9551,为比较理想的亲本组合。利用 NTSYS 2.1 软件分析发现,48 份黄瓜材料相似性系

数变幅为 0.44 ~ 1.00, 平均相似性系数为 0.72, 说明其亲缘关系较近, 遗传多样性不够丰富, 遗传背景相对狭窄。

采用 NTSYS 2.1 软件中的 UPGMA 对 48 份黄瓜种质资源进行聚类分析作图, 结果见图 2。在相似性系数为 0.44 时, 将黄瓜种质划分为 2 个类群, 第 1 类群包括 D1、D2、D3、D12、D5 等 31 份材料, 且大部分密刺黄瓜被聚为此类; 第 2 类群包括 X1、X3、

X7、X4、X11 等 17 份材料, 且该类群 76.5% 为水果黄瓜; 白绿黑刺黄瓜、白绿稀刺黄瓜全部在第一大类群, 2 份白绿无刺黄瓜在第二大类群。为了验证 NTSYS 软件的分析结果, 用 Power Marker 3.25 软件进行聚类分析, 发现 48 份黄瓜自交系也是被聚为两大类群 (图 3), 且聚类结果与上述 NTSYS 软件分析结果完全一致。

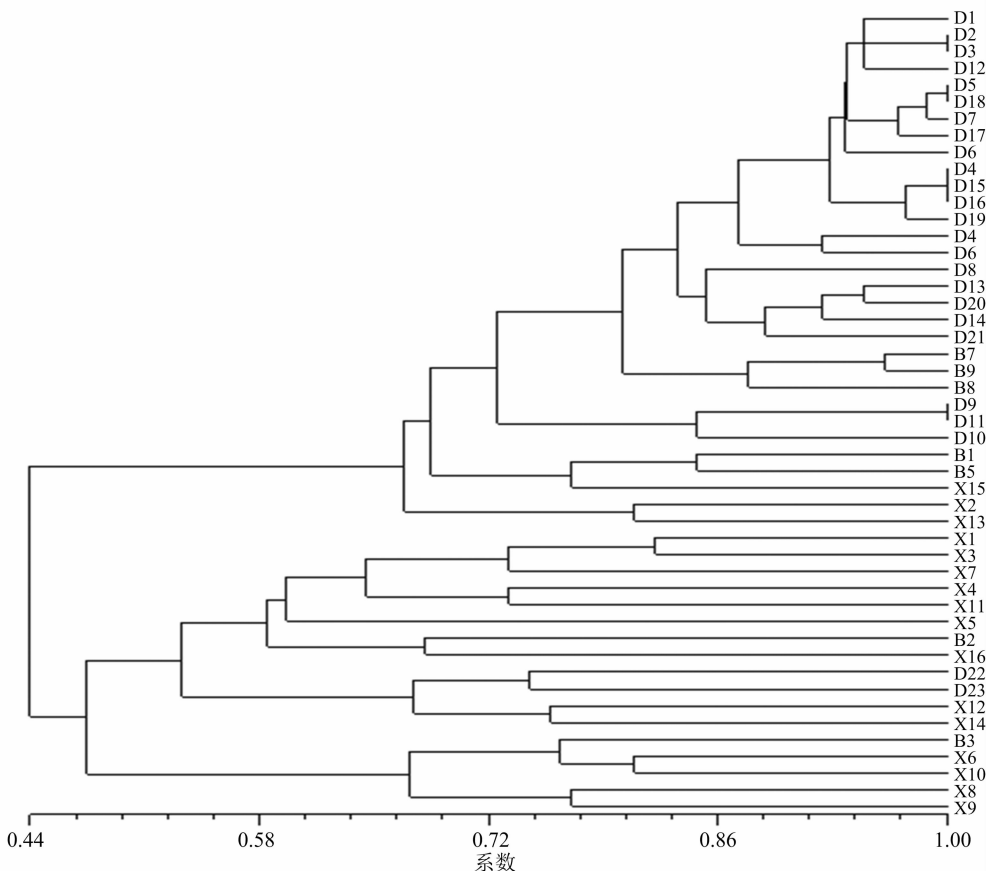


图2 48 份黄瓜资源聚类分析

3 讨论

近年来, 分子标记因其不受环境条件影响而作为作物遗传多样性及亲缘关系分析的有效工具。在黄瓜遗传多样性研究中, 用 RFLP、AFLP、SSR、EST-SSR、SNP 等标记对黄瓜种质的研究较多, 虽然 InDel 标记具有在基因组内分布广、密度高、变异稳定、多态性强、容易检测等优点, 但其在黄瓜种质研究中的报道较少。本研究选用 68 对 InDel 标记对 48 份黄瓜自交系进行遗传多样性分析, 研究黄瓜种质的亲缘关系, 为育种者提供相关有效信息。研究发现 39 对 InDel 标记具有强多态性且扩增带型清晰, 占所选标记的 57.4%; 39 对标记在 48 份材料

共检测出 79 个等位基因, 平均每对标记检测到 2.025 6 个等位基因, 遗传相似性系数在 0.44 ~ 1.00 之间, 平均相似性系数为 0.72, 说明 48 份材料总体亲缘关系较近, 遗传多样性不够丰富, 该结果与相关报道的黄瓜遗传背景狭窄研究结果^[2,4,9]一致。

本研究利用 UPGMA 聚类分析, 在相似性系数为 0.44 时, 将 48 份供试黄瓜材料分为两大类群, 第一大类群包括大部分的刺密黄瓜, 而第二大类群主要为水果黄瓜。在第一类群中刺密黄瓜 D2 与 D3, D5 与 D18, D9 与 D11, D4 与 D15、D16 的相似性系数高达 1, 遗传距离为 0, 说明这些黄瓜材料遗传背景更为相似, 可归为同一品系, 表型上的差异可能为环境条件影响所致, 也可能是因为本研究所选用

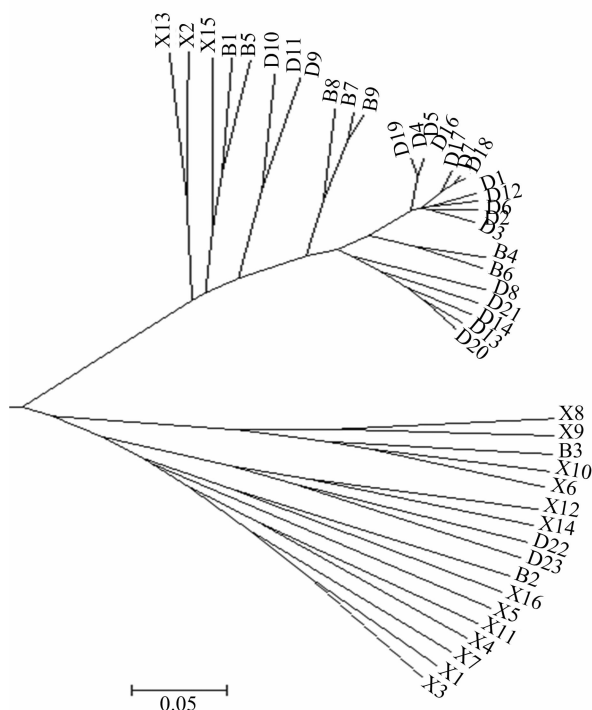


图3 48 份黄瓜资源聚类树状图

的 InDel 标记与表型无直接关系。除去遗传距离为 0 的材料外,其他种质资源的遗传距离在 0.006 4 ~ 0.955 1 范围内。此外,本研究中白绿黑刺黄瓜、白绿稀刺黄瓜,白绿无刺黄瓜分布在两大类型中,表明它们的基因组可能是由密刺黄瓜和水果黄瓜变异而来,从该研究结果中可以很清晰地了解所选黄瓜材料的遗传背景,指导育种人员进行杂交组配。水果黄瓜绿美 1 号的父母本 X1、X2 被划分到不同类群中,且 X1 与 X2 的遗传距离最大,二者的亲缘关系较远,且生产上绿美 1 号的品质和产量均优于亲本,说明绿美 1 号双亲间存在杂种优势,类似的研究在水稻、胡萝卜、玉米等作物上也有报道^[17-19],本研究首次从分子水平上揭示了亲本材料的遗传差异与黄瓜杂种优势的关系,为黄瓜育种和改良奠定了理论基础。

本研究对 48 份黄瓜种质资源进行遗传多样性分析,聚类分析揭示了黄瓜种质间的亲缘关系,将指导育种中合理选择亲缘关系较远的种质进行杂交组合的配置,提高优良组合选育,从而减少育种的盲目性,加快育种进程。

参考文献:

[1] 余冰,郑志华,孔令云,等. 加工黄瓜的标准化与质量控制[J]. 中国农学通报,2007,23(3):109-112.

[2] Mliki A, Staub J E, Sun Z Y, et al. Genetic diversity in melon (*Cucumis melo* L.): an evaluation of African germplasm[J]. Genet Resour Crop Evol, 2001,48(6):587-597.

[3] Lopez - sese A I, Staub J E, Gomez - guillamon M L. Genetic analysis of Spanish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm using a standardized molecular marker array and geographically diverse reference accessions[J]. Theor Appl Genet, 2003,108:41-52.

[4] Staub J E, Lopez - sese A I, Fanourakis N. Diversity among melon landraces (*Cucumis melo* L.) from Greece and their genetic relationships with other melon germplasm of diverse origins [J]. Euphytica, 2004,136(2):151-166.

[5] Escribano S, Lazaro A, Cuevas H E, et al. Spanish melons (*Cucumis melo* L.) of the Madrid provenance; a unique germplasm reservoir [J]. Genet Resour Crop & Evol, 2012,59(3):359-373.

[6] Dijkhuizen A, Kermard W C, Havey M J, et al. RFLP variation and genetic relationships in cultivated cucumber[J]. Euphytica, 1996,90(1):79-87.

[7] 李锡香,朱德蔚,杜永臣,等. 黄瓜种质资源遗传多样性及其亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 园艺学报,2004,31(3):309-314.

[8] 穆生奇,顾兴芳,张圣平,等. 栽培黄瓜种质遗传多样性的 SSR 鉴定[J]. 园艺学报,2008,35(9):1323-1330.

[9] 刘俊青,李佩芳,胡建斌,等. 用 EST-SSR 标记评价 21 份黄瓜种质的遗传多样性[J]. 河南农业大学学报,2011,45(6):657-661.

[10] 姚丹青,楼坚锋,朱文莹,等. 基于 SNP 的黄瓜遗传多样性分析[J]. 上海农业学报,2017,33(1):21-30.

[11] 潘存红,王子斌,马玉银,等. InDel 和 SNP 标记在水稻图位克隆中的应用[J]. 中国水稻科学,2007,21(5):447-453.

[12] 张红梅,翟文,金海军,等. 利用 InDel 标记分析 23 份黄瓜种质的遗传多样性及核心种质资源筛选[J]. 上海农业学报,

朱 璐,李淑顺,闻 婧,等. 鸡爪槭金陵丹枫组培再生体系的建立[J]. 江苏农业科学,2021,49(1):54-58.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2021.01.010

鸡爪槭金陵丹枫组培再生体系的建立

朱 璐,李淑顺,闻 婧,马秋月,颜坤元,李倩中

(江苏省农业科学院休闲农业研究所,江苏南京 210014)

摘要:鸡爪槭新品种金陵丹枫叶色绚烂,是优质的彩叶树种。以金陵丹枫带芽茎段为外植体,75% 乙醇 40 s + 0.1% 氯化汞 20 min 消毒效果最佳。以 NN69 为基本培养基,筛选获得最适宜的启动培养基为 NN69 + 0.1 mg/L IBA,增殖培养基为 NN69 + 0.4 mg/L KT + 0.1 mg/L IBA,生根培养基为 NN69 + 0.3 mg/L IBA。探讨了金陵丹枫不定芽对羧苄青霉素和潮霉素的敏感性,筛选获得羧苄青霉素的临界值为 300 ~ 400 mg/L,潮霉素的临界值为 2.5 mg/L。

关键词:金陵丹枫;再生体系;羧苄青霉素;潮霉素

中图分类号: S792.350.5 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2021)01-0054-05

金陵丹枫是槭树科槭属植物鸡爪槭 (*Acer palmatum*) 的一个园艺品种,由江苏省农业科学院经过多年选育而成^[1]。其叶片掌状 5 ~ 7 裂,叶片边缘具有重锯齿,叶基部近心脏形,新叶为亮红色,观赏期达 100 d 以上。金陵丹枫已获得江苏省林木良种认定证书和植物新品种权证书;可孤植、群植或作为高档盆栽用,具有极高的观赏和应用价值。

在金陵丹枫种苗的生产中,通常采用嫁接的方式,但是嫁接成活率受多种外界因素影响较大,如砧木和接穗的质量,嫁接季节和温度、湿度等,不利于大规模生产^[2]。金陵丹枫扦插不易生根,繁殖较

困难,因此亟待建立金陵丹枫的组培再生体系,解决批量生产的问题。目前,国内虽有少量鸡爪槭品种已建立了组培再生体系,如金陵黄枫、赤枫、日本红枫等^[3-6],但是不同品种的鸡爪槭对不同培养基和植物激素的适应性差异很大,还需要针对不同品种研究其适宜的组培繁殖技术。

本研究以金陵丹枫当年生枝条作为外植体,通过启动培养、增殖培养和生根培养等阶段,筛选最适宜金陵丹枫生长的激素浓度,同时还研究了金陵丹枫不定芽对不同浓度的羧苄青霉素(carbenicillin,简称 Carb)和潮霉素(hygromycin,简称 Hyg)的敏感性,以期为金陵丹枫转基因体系的建立提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

鸡爪槭品种金陵丹枫健康无病害的当年新鲜枝条,采集于江苏省农业科学院槭树良种基地。试验于 2019 年 5 月开始进行,试验地点为江苏省农业科学院休闲农业研究所实验室。

2019,35(4):28-33.

[13] 青 阔,张桂华,王 永,等. 基于 InDel 标记快速检测黄瓜津优 38 种子纯度[J]. 种子,2011,30(6):19-23.

[14] 吴 迷,汪 念,沈 超,等. 基于重测序的陆地棉 InDel 标记开发与评价[J]. 作物学报,2019,45(2):196-203.

[15] 胡陶铸,林 丽,胡继军,等. 利用 InDel 标记构建番茄新品种指纹图谱[J]. 上海交通大学学报(农业科学版),2019,37(2):24-29.

[16] 聂京涛,李晓丹,姚永康,等. 用于黄瓜白粉病抗性鉴定的 InDel

标记[J]. 中国蔬菜,2015,1(9):26-30.

[17] Phetmanyseng X, Xie F, Hernandez J E, et al. Hybrid rice heterosis and genetic diversity of IRRI and Lao rice [J]. Field Crops Research, 2010,117:18-23.

[18] Jagoz B. The relationship between heterosis and genetics distance based on RAPD and AFLP markers in carrot [J]. Plant Breeding, 2011,130(5):574-579.

[19] 杨亚桐,董安忆,刘松涛,等. 基于 SSR 分子标记的糯玉米遗传多样性研究[J]. 江苏农业科学,2020,48(2):83-86.