

郑伟,吴亚维,宋莎,等.不同苹果品种白粉病田间抗性与遗传多样性分析[J].江苏农业科学,2023,51(6):107-113.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.06.016

不同苹果品种白粉病田间抗性与遗传多样性分析

郑伟,吴亚维,宋莎,罗昌国,王彬

(贵州省农业科学院果树科学研究所,贵州贵阳 550006)

摘要:为探究贵州苹果栽培品种亲缘关系,筛选优异抗源材料,挖掘优良抗性基因,利用 ISSR 分子标记技术,通过 DNA 提取、PCR 扩增、电泳检测、引物选择、数据分析等,对 16 份栽培苹果品种进行亲缘关系分析,建立供试种质的 DNA 指纹图谱数据库,并分析各品种亲缘关系与白粉病田间抗性的相关性。遗传分析结果表明,在标记检测范围内,16 份苹果样品表现出遗传差异性,其遗传距离在 0.56~0.93。聚类分析显示,以相似系数 0.63 为标准,可将供试的 16 份苹果品种划分为 2 大类,第 1 类只有 1 份材料,为翠秋;第 2 类包括 15 份材料,其中以遗传距离 0.72 为阈值,该类分为 5 小类,其中凉香的季节与王富的遗传距离最小,亲缘关系最近,相似系数为 0.93;脆秋与王林的遗传距离最大,亲缘关系最远,相似系数为 0.56。ISSR 分子标记技术可用于苹果不同品种间的遗传多样性分析,鉴定 16 个苹果品种的遗传相似性,筛选出的 ISSR 引物具有一定的代表性,可为之后苹果的品种资源多态性及抗病性的鉴定提供一定的参考。而不同品种田间抗性的调查数据和亲缘关系的分析数据显示,不同苹果品种对白粉病的抗性与亲缘关系的远近没有太大的相关性。

关键词:苹果;白粉病;田间抗性;遗传多样性;DNA 指纹图谱;聚类分析;相关性

中图分类号:S436.611.1⁺4 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)06-0107-07

苹果白粉病病原为白叉丝单囊壳(*Podosphaera leucotricha*),属于子囊菌亚门叉丝单囊壳属,无性阶段(*Oidium* sp.)属半知菌类真菌,在我国苹果产区发生普遍^[1]。该病也是贵州省威宁县苹果生产中的主要病害之一,芽、嫩梢、花、叶及幼果都会受到侵染,严重影响树势,降低产量,严重制约威宁县优质苹果产业的发展^[2]。

韩婷婷等以白肉苹果金冠为母本、红肉苹果红勋 1 号为父本杂交获得的 F₁ 代为试材,对杂交后代的性状进行遗传多样性分析^[3]。李政等以 18 个新疆野苹果优系、23 个鲜食苹果品种和 7 个苹果砧木品种为材料,对 3 类苹果资源的遗传多样性及亲缘关系进行分析^[4]。侯丽媛等以山定子和 25 份苹果栽培品种为试验材料,利用 16 对荧光 SSR 分子标记对供试材料进行分子鉴定,同时进行了遗传多样

性分析,并构建了各供试材料的指纹数据和分子身份证^[5]。索相敏等利用 TRAP(target region amplified polymorphism)分子标记对苹果属 30 个种和梨属 3 个种共 33 份材料进行了遗传多样性分析^[6]。侯丽媛等利用 TP-M13-SSR 技术对供试材料进行指纹图谱构建,在此基础上采用 GenAlEx 6.501 软件对供试材料进行亲缘关系和遗传多样性分析,利用 Ntsys 软件基于 Jaccard 系数进行了 UPGMA 聚类分析^[7]。侯丽媛等以赤霞及其亲本和部分苹果栽培品种为试验材料,利用 16 对荧光 SSR 分子标记进行分子鉴定的同时构建了指纹图谱,并进行了遗传多样性分析^[8]。于少帅等利用 15 对特异性 SSR 引物对 290 份新疆野苹果和栽培苹果样品进行扩增,并通过分子生物学方法分析其遗传变异特征与系统发育关系^[9]。苏艳丽等做了 SSR 标记的开发在苹果遗传多样性中的应用研究^[10]。高源等对苹果属 15 个种的叶绿体 DNA 变异与遗传分化进行了研究,对苹果属植物种质多样性的 SLAF-seq 进行了分析^[11-12]。有多位学者对苹果树腐烂病、茎沟病毒、褪绿叶斑病毒、褐斑病、炭疽病等的遗传多样性进行了分析^[13-17]。虽然前人在以上方面研究很多,但在不同苹果品种白粉病田间抗性与遗传多样性相关性方面报道还很少。采用

收稿日期:2022-05-09

基金项目:贵州省精品水果现代农业产业技术体系项目(编号:GZCYTX2022-02);贵阳市与贵州省农业科学院农业科技合作项目(编号:院地农科合字[2014]2号)。

作者简介:郑伟(1980—),女,贵州大方人,硕士,研究员,从事植保研究与推广。E-mail:zwwb2008@163.com。

通信作者:王彬,硕士,研究员,从事果树栽培及生理研究。E-mail:guizhouwangbin@163.com。

ISSR 分子标记对 16 份苹果送检样品进行了 DNA 鉴定,建立供试种质的 DNA 指纹图谱数据库,并对白粉病田间抗性进行评价和遗传多样性分析,了解不同苹果品种间亲缘关系以及与白粉病抗性之间关系,以期为抗性利用、病害防治和新品种选育等提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

鉴定材料详细信息见表 1。
取样时间:2017 年 5 月 18 日;取样地点:威宁县雪山镇新街果园。

表 1 材料编号及名称

样品序号	鉴定编号	名称
2017 - J001	1	翠秋
2017 - J001	2	红盖露
2017 - J001	3	玉华早富
2017 - J001	4	天红 2 号
2017 - J001	5	红富士
2017 - J001	6	蜜脆
2017 - J001	7	凉香的季节
2017 - J001	8	王富
2017 - J001	9	红露
2017 - J001	10	96 - 1
2017 - J001	11	华富
2017 - J001	12	王林
2017 - J001	13	布瑞本
2017 - J001	14	凉香
2017 - J001	15	华红
2017 - J001	16	皮诺娃

1.2 检测方法和调查方法

1.2.1 DNA 的提取及检测 采用天根生物科技(北京)有限公司的新型植物基因组 DNA 提取试剂盒(DP320 - 03)提取样品 DNA,操作方法参考试剂盒使用说明,1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的质量后, - 20 ℃ 储存。

1.2.2 PCR 扩增 从 33 条 ISSR 引物中筛选出 19 条谱带清晰、多态性较好的引物进行 PCR 扩增,引物序列及其退火温度见表 2。PCR 反应体系为 10 μL:3.0 μL ddH₂O;0.8 μL 10 μmol/L ISSR 引物;1.2 μL 50 ng/μL DNA 模板;5.0 μL 2 × Taq PCP Master Mix;最后加 1 滴石蜡油防止蒸发。

PCR 反应程序:94 ℃ 预变性 4 min;94 ℃ 变性 30 s,40 ~ 56 ℃ 退火 45 s(退火温度随引物而异),

72 ℃ 延伸 90 s,35 个循环;最后 72 ℃ 延伸 5 min。

1.2.3 电泳检测 取 5 μL PCR 扩增产物,在含 Goldview I 型核酸染色剂(0.6 μg/mL)的 1.5% 琼脂糖凝胶中以 110 V 的恒定电压电泳 50 min,以 DL2000[天根生化科技(北京)有限公司]为标准分子量对照,然后在紫外凝胶成像系统中观察,将所成图像拍照保存。

表 2 ISSR 引物序列及退火温度

引物名称	引物序列(5'→3')	退火温度(℃)
M06	AGCAGCAGCAGCY	56.5
807	AGAGAGAGAGAGAGACT	52.0
808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	54.0
810	GAGAGAGAGAGAGAGAT	52.0
812	GAGAGAGAGAGAGAGAA	52.0
813	CTCTCTCTCTCTCTCTT	52.0
814	CTCTCTCTCTCTCTCTA	52.0
815	CTCTCTCTCTCTCTCTG	54.0
820	GTGTGTGTGTGTGTGTC	54.0
876	GACAGACAGACAGACA	40.0
844	CTCTCTCTCTCTCTCTRC	56.0
850	GTGTGTGTGTGTGTGYC	56.0
853	TCTCTCTCTCTCTCTCRT	50.0
856	ACACACACACACACACYA	56.0
823	TCTCTCTCTCTCTCTCC	54.0
825	ACACACACACACACACT	52.0
835	AGAGAGAGAGAGAGAGTC	54.0
840	GAGAGAGAGAGAGAGAYT	50.0
841	GAGAGAGAGAGAGAGAYC	56.0

注:Y = C/T;R = A/G;D = A/G/T;V = A/C/G;H = A/C/T。

1.2.4 发病情况调查 在苹果叶片采集的当天,对园内的各品种进行白粉病的发病情况调查。

1.2.5 数据统计 ISSR 扩增产物按在相同迁移位置上(相同分子量片段)有带记为“1”,无带记为“0”,全部以 1、0 统计建立数据库,转换为数值矩阵后,用 NTSYSpc 2.10e 分析软件中的 Qualitative data 进行矩阵分析和 SAHN Clustering 计算相似系数,并按 UPMGA 法构建亲缘关系树状图。

2 结果与分析

2.1 DNA 指纹图谱

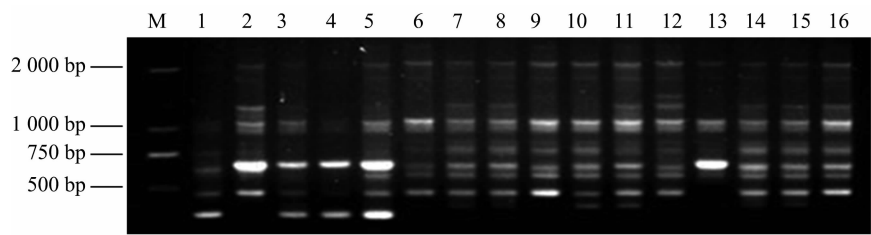
筛选出的 19 条引物均能扩增出 1 条以上的清晰条带,引物的有效扩增率达到了 100%,共扩增出 101 条谱带,多态性谱带 83 条,送检样品的指纹图谱详见表 3,图 1 为引物 835 的扩增谱带。

样品编号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
r1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r2	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	1	1
r3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r5	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
r6	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1
r7	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0
r8	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0
r9	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1
r10	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	1	1	0
r11	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
r12	1	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1
r13	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
r14	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r15	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r16	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r17	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
r18	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r19	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r20	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
r21	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	1
r22	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1
r23	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r24	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r25	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r26	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r27	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
r28	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r29	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0
r30	1	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r31	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	1
r32	0	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r33	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
r34	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0
r35	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
r36	1	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r37	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r38	1	0	0	0												

表 3(续)

样品编号	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
r44	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1	r45	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	1
r46	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r47	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r48	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
r49	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r50	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r51	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1
r52	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
r53	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r54	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
r55	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r56	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r57	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r58	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
r59	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r60	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
r61	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
r62	1	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
r63	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r64	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r65	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0
r66	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
r67	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
r68	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1
r69	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
r70	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r71	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
r72	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
r73	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
r74	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1
r75	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r76	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r77	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r78	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
r79	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
r80	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
r81	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r82	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
r83	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1

注:r1~r83 分别表示指纹 807-900、807-800、807-500、807-200、808-1 200、808-1 000、808-750、808-500、808-300、810-750、810-400、810-300、810-200、812-1 000、812-700、812-500、812-400、813-1 100、813-1 000、813-700、813-500、813-200、814-1 400、814-1 000、814-700、814-500、815-1 600、815-1 300、815-1 250、815-1 100、820-1 800、820-1 600、820-1 500、820-1 000、820-800、823-1 400、823-800、823-500、825-1 600、825-1 200、825-1 000、825-800、825-600、835-1 900、835-1 700、835-1 200、835-1 000、835-800、835-350、840-1 400、840-800、840-400、841-1 600、841-1 400、841-1 200、841-1 000、841-800、841-500、844-1 900、844-1 200、844-1 000、850-1 200、850-1 100、850-1 000、850-500、853-1 900、853-1 700、853-1 500、853-1 300、853-900、856-1 200、856-800、856-650、856-500、876-1 600、876-1 400、876-1 300、876-1 200、876-1 000、876-500、M06-1 600、M06-1 400、M06-1 200、M06-500。



M—DL 2000 marker; 1~16—样品编号, 详细信息见表 1

图1 引物 835 扩增部分样品电泳结果

2.2 样品间的亲缘关系

利用 19 条引物进行 PCR 扩增获得的标记信息,计算 16 份苹果样品的相似性系数。结果表明,被测样品间相似系数范围为 0.56 ~0.93,遗传相似系数见表 4。从图 2 可以看出,在遗传距离 0.63 处供试材料被分成 2 大类,第 1 类只有 1 份材料,为翠秋;第 2 类包括 15 份材料,其中以遗传距离 0.72 为阈值,该类分为 5 小类,其中凉香的季节、王富、96-1、华富、布瑞本、凉香、华红、皮诺娃聚在一起,说明

这几个品种亲缘关系较近;天红 2 号、红富士、蜜脆、红露聚到了一起,说明这几个品种亲缘关系较近;红盖露、王林、玉华早富都是单独的一类,说明这几个品种都与其他品种的亲缘关系较远。样品 7 号(凉香的季节)与 8 号(王富)的的遗传距离最小,亲缘关系最近,相似系数为 0.93;样品 1 号(脆秋)与 12 号(王林)的遗传距离最大,亲缘关系最远,相似系数为 0.56。

表 4 苹果样品间遗传相似系数

样品编号	相似系数															
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
1	1.00															
2	0.61	1.00														
3	0.61	0.73	1.00													
4	0.72	0.72	0.70	1.00												
5	0.72	0.67	0.74	0.78	1.00											
6	0.61	0.66	0.66	0.79	0.82	1.00										
7	0.61	0.71	0.78	0.70	0.72	0.73	1.00									
8	0.63	0.71	0.80	0.74	0.79	0.80	0.93	1.00								
9	0.59	0.68	0.66	0.71	0.72	0.85	0.73	0.76	1.00							
10	0.70	0.67	0.72	0.73	0.80	0.79	0.84	0.87	0.79	1.00						
11	0.63	0.66	0.76	0.70	0.77	0.76	0.88	0.88	0.73	0.86	1.00					
12	0.56	0.63	0.61	0.60	0.70	0.66	0.73	0.76	0.66	0.72	0.73	1.00				
13	0.67	0.70	0.70	0.76	0.78	0.72	0.80	0.84	0.70	0.83	0.71	0.72	1.00			
14	0.57	0.70	0.67	0.63	0.63	0.62	0.76	0.82	0.60	0.73	0.72	0.57	0.76	1.00		
15	0.62	0.71	0.77	0.73	0.76	0.74	0.84	0.89	0.72	0.85	0.84	0.67	0.83	0.80	1.00	
16	0.60	0.67	0.70	0.68	0.71	0.70	0.82	0.87	0.67	0.76	0.79	0.71	0.83	0.76	0.83	1.00

2.3 不同品种亲缘关系与苹果白粉病抗性的相关性

从图 3 和表 5 可以看出,天红 2 号属于高抗品种,王林属于中抗品种,凉香的季节、王富属于抗病品种,96-1、华红、红富士属于感病品种,红露、华富、凉香、玉华早富、布瑞本、翠秋、皮诺瓦、蜜脆属于中感品种,红盖露属于高感品种。从图 2 和图 3 可以看出,凉香的季节与王富亲缘关系最近,对苹果白粉病抗性的差异也较小,都属于抗病品种。而

凉香的季节、王富、96-1、华富、布瑞本、凉香、华红、皮诺娃这几个品种亲缘关系较近,但对苹果白粉病抗性的差异却相差很大,脆秋与王林的亲缘关系最远,但对白粉病的抗性差异却不是最小的。由此可见不同苹果品种对白粉病的抗性与亲缘关系的远近没有太大的相关性。

3 讨论与结论

ISSR 是在微卫星标记的基础上发展而来的分

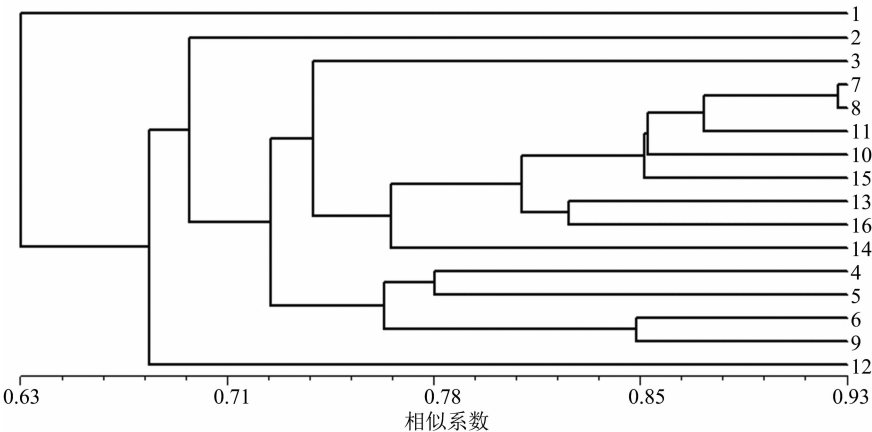


图2 16 份苹果样品 UPGMA 聚类分析

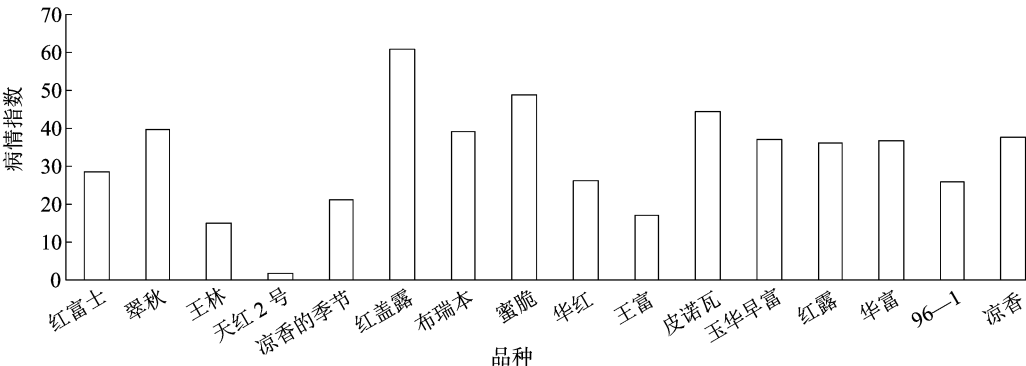


图3 不同苹果品种病情指数

表 5 抗白粉病鉴定分级

代表值	抗病程度	病情指数
0	免疫	0
1	高抗	0.1 ~ 5.0
2	中抗	5.1 ~ 15.0
3	抗病	15.1 ~ 25.0
4	感病	25.1 ~ 35.0
5	中感	35.1 ~ 50.0
6	高感	50.1 ~ 100.0

子标记技术^[18],能够揭示植物的遗传多态性,有效反映出品种间的亲缘关系^[19]。其引物容易设计,开发费用低,PCR 条件更为严谨,试验重复性强,操作过程简单,不需使用同位素,可以揭示更高层次的 DNA 多态性^[20]。目前 ISSR 分子标记技术已被广泛应用在果树、蔬菜、食用菌、茶叶、中药材、花卉等植物上进行遗传多样性分析、亲缘关系鉴定以及构建遗传连锁图谱等方面^[21-31]。研究结果表明,ISSR 标记技术是一种非常可靠的有效工具,在苹果树种上,ISSR 标记技术主要应用在杂交后代与亲本遗传^[32-33]、芽变鉴定^[34-35]、砧木资源遗传多样

性^[36-37]、病菌基因多态性的 ISSR 分析^[38]、栽培品种 ISSR 分析^[39]和指纹图谱构建^[40]等。本研究利用 ISSR 分子标记技术研究在贵州威宁苹果园内种植的 16 份苹果栽培品种的遗传多样性,筛选出的 19 条引物均能扩增出 1 条以上的清晰条带,引物的有效扩增率达到了 100%,共扩增出 101 条谱带,其中多态性谱带 83 条,多态性比率为 82.18%,表明这 19 条 ISSR 引物能够用于 16 个苹果品种的遗传关系分析。进一步遗传分析表明,在标记检测范围内,16 份苹果样品表现出遗传差异性,其遗传距离在 0.56 ~ 0.93。聚类分析显示,以相似系数 0.63 为标准,可将供试的 16 份苹果品种划分为 2 大类,第 1 类只有 1 份材料,为翠秋;第 2 类包括 15 份材料,其中以遗传距离 0.72 为阈值,该类分为 5 小类,其中凉香的季节与王富的遗传距离最小,亲缘关系最近,相似系数为 0.93;脆秋与王林的遗传距离最大,亲缘关系最远,相似系数为 0.56。但总的来说,遗传多样性分析发现群体的相似系数普遍较高,这表明筛选出的 ISSR 引物具有一定的代表性,可为之后苹果的品种资源多态性及抗病性的鉴定提供一

定的参考。而不同品种田间抗性的调查数据和亲缘关系的分析数据显示,不同苹果品种对白粉病的抗性 with 亲缘关系的远近没有太大的相关性。

参考文献:

- [1] 段淋渊,周 军,王大玮,等. 苹果白粉病危害防治及抗性资源研究进展[J]. 西南林业大学学报,2015,35(5):104-109.
- [2] 马永林. 贵州威宁苹果白粉病防治方法[J]. 农家参谋,2018(11):60.
- [3] 韩婷婷,杨天资,赵培磊,等. ‘金冠’和‘红勋1号’杂交后代遗传多样性分析[J]. 青岛农业大学学报(自然科学版),2021,38(1):1-6.
- [4] 李 政,左力辉,杨敏生,等. 3类苹果资源遗传多样性的 SSR 对比分析[J]. 河北农业大学学报,2017,40(4):50-56.
- [5] 侯丽媛,董艳辉,邓 舒,等. 部分苹果属种质遗传多样性分析及分子身份证构建[J]. 山西农业科学,2020,48(8):1171-1179.
- [6] 索相敏,郝 婕,冯建忠,等. 基于 TRAP 标记的苹果属种间遗传多样性分析[J]. 果树学报,2019,36(12):1609-1618.
- [7] 侯丽媛,董艳辉,聂园军,等. 苹果属种质 TP-M13-SSR 亲缘关系及遗传多样性分析[J]. 山西农业科学,2020,48(9):1371-1378,1522.
- [8] 侯丽媛,张春芬,邓舒,等. 苹果新品种‘赤霞’和栽培品种遗传多样性分析和分子身份证构建[J]. 分子植物育种,2020,18(22):7588-7599.
- [9] 于少帅,赵文霞,姚艳霞,等. 新疆野苹果和栽培苹果遗传分化与变异特征[J]. 江苏农业学报,2020,36(5):1274-1281.
- [10] 苏艳丽,毛 娟,马宗桓,等. SSR 标记的开发在苹果遗传多样性中的应用[J]. 分子植物育种,2020,18(22):7450-7457.
- [11] 高 源,王大江,王 昆,等. 苹果属 15 个种的叶绿体 DNA 变异与遗传分化[J]. 果树学报,2021,38(1):1-12.
- [12] 高 源,王大江,王 昆,等. 苹果属植物种质多样性的 SLAF-seq 分析[J]. 园艺学报,2020,47(10):1869-1882.
- [13] 刘钰娇,王 娟,王树桐,等. 河北省苹果树腐烂病菌菌遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 中国果树,2014(5):20-24.
- [14] 李鹏举,侯 帅,宋鹏慧,等. 黑龙江省苹果茎沟病毒的分布及遗传多样性分析[J]. 黑龙江农业科学,2021(4):59-62.
- [15] 续海红,王燕飞,窦彦鑫,等. 山西苹果褪绿叶斑病毒的分布及遗传多样性分析[J]. 植物保护,2021,47(6):75-82,92.
- [16] 宋艳艳,谢士昌,高小宁,等. 陕西关中地区苹果褐斑病菌遗传多样性分析[J]. 西北农业学报,2018,27(10):1547-1554.
- [17] 符丹丹,张红梅,孙建瑞,等. 中国北方苹果炭疽病原菌遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 北方园艺,2018(13):16-24.
- [18] 刘淑芹,吴凤芝,刘守伟. 园艺作物的 ISSR 分子标记研究及应用[J]. 东北农业大学学报,2012,43(4):145-150.
- [19] 董 坤,陈 玲,卢 俊,等. 15 份魔芋资源的生物学特性和 ISSR 分析[J]. 湖南农业科学,2021(2):6-10.
- [20] 杨玉玲,马祥庆,张木清. ISSR 分子标记及其在树木遗传育种研究中的应用[J]. 亚热带农业研究,2006,2(1):18-24.
- [21] 陈 晓,戴建军,李 垚,等. ISSR 分析崇明白山羊的遗传多样性及亲缘关系[J]. 上海农业学报,2020,36(1):77-81.
- [22] 余青青,王普昶,赵丽丽,等. 7 个燕麦品种的 ISSR 遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学,2018,46(19):34-37.
- [23] 刘 玲,程 明,唐仕成,等. 18 份团桑种质资源的 ISSR 分析[J]. 蚕桑通报,2020,51(2):18-21.
- [24] 牟海飞,林贵美,邹 瑜,等. 利用 ISSR 分子标记分析香蕉品种的遗传多样性[J]. 西南农业学报,2010,23(4):1206-1210.
- [25] 荆赞革,吕 叶,裴徐梨,等. 嫩食型南瓜种质资源遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 昆明学院学报,2021,43(6):84-87.
- [26] 殷丽琴,彭云强,付绍红,等. 基于 ISSR 标记的彩色马铃薯遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 西南农业学报,2016,29(1):20-25.
- [27] 汪 昊,牛玉蓉,荣成博,等. 19 个香菇菌株基于 ISSR,SRAP 和 TRAP 分子标记的遗传多样性分析[J]. 江苏农业科学,2019,47(17):54-59.
- [28] 张丽丽. 基于 ISSR 分子标记的茶树种质资源的遗传多样性及亲缘关系分析[J]. 现代园艺,2021,44(20):6-7.
- [29] 蒋小刚,王 华,周武先,等. 基于 ISSR 分子标记的白术遗传多样性分析[J]. 种子,2021,40(4):6-10.
- [30] 苏宇静,姚文敏,陈兆贵. 利用 ISSR 分子标记鉴定蝴蝶兰不同种资源的遗传多样性[J]. 黑龙江农业科学,2021(12):62-67.
- [31] 李会云,程孟雪,李勇慧,等. 牡丹的基因组 DNA 提取与 ISSR 引物筛选[J]. 江苏农业科学,2021,49(15):58-63.
- [32] 王玉霞,李林光,何 平,等. ‘寒富’×‘四倍体嘎拉’苹果的三倍性杂交后代 ISSR 和 AFLP 分析[J]. 分子植物育种,2013,11(4):532-538.
- [33] 何 平,王玉霞,李林光,等. 二倍体与四倍体苹果的三倍性杂交后代 ISSR 遗传分析[J]. 山东农业科学,2015,47(9):11-13.
- [34] 张俊苗,李文胜,曹 倩,等. 短枝条红型红富士苹果芽变的 ISSR 鉴定[J]. 新疆农业科学,2016,53(7):1230-1236.
- [35] 吴亚维,宋 莎,郑 伟,等. 红富士苹果短枝型芽变新种质的形态学性状及其 ISSR 鉴定[J]. 西南农业学报,2014,27(6):2524-2528.
- [36] 宋 莎,吴亚维,季祥彪,等. 贵州苹果砧木资源亲缘关系的 ISSR 分析[J]. 华中农业大学学报,2013,32(1):19-24.
- [37] 王雷宏,郑玉红,汤庚国. 8 个山荆子居群遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 西北植物学报,2010,30(7):1337-1343.
- [38] 臧 睿,黄丽丽,李正力,等. 陕西省苹果树腐烂病菌基因多态性的 ISSR 分析[J]. 植物保护学报,2012,39(1):51-57.
- [39] 郭长奎,李 疆,李文胜,等. 新疆主栽苹果品种 ISSR 分析及富士芽变优系分子鉴定[J]. 新疆农业大学学报,2010,33(2):105-108.
- [40] 宣继萍,章 镇,房经贵,等. 苹果品种 ISSR 指纹图谱构建[J]. 果树学报,2002,19(6):421-423.