

# 基于 SRAP 分子标记的安祖花遗传连锁图谱的构建

于 翠<sup>1</sup>, 金茂勇<sup>2</sup>, 张宝珠<sup>2</sup>, 明 军<sup>1</sup>, 袁素霞<sup>1</sup>, 王 钊<sup>1</sup>, 储丽红<sup>1</sup>,  
刘 春<sup>1,\*</sup>

(<sup>1</sup>中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081; <sup>2</sup>北京市大兴区苗圃, 北京 102601)

**摘 要:** 以安祖花 (*Anthurium andraeanum*) 抗逆性较强的品种 ‘Pink Champion’ 为母本, 主栽品种 ‘Dakota’ 为父本, 杂交得到 F<sub>1</sub> 代, 从该杂种 F<sub>1</sub> 代中随机选出 94 个单株为作图群体, 利用 SRAP 分子标记技术并运用 JoinMap4.0<sup>®</sup> 软件的 CP 作图模型构建了遗传连锁图谱。该图谱覆盖基因组长 1 689.5 cM, 共 254 个标记, 定位于 19 个连锁群上, 标记间平均距离为 6.65 cM。各连锁群长度在 7.6 ~ 187.2 cM 范围内, 每个连锁群包含 3 ~ 43 个标记。

**关键词:** 安祖花; SRAP 分子标记; 遗传连锁图谱; 双假测交

**中图分类号:** S 682.1<sup>+</sup>4

**文献标识码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2012) 06-1151-08

## Genetic Linkage Map of *Anthurium andraeanum* Based on SRAP Molecular Markers

YU Cui<sup>1</sup>, JIN Mao-yong<sup>2</sup>, ZHANG Bao-zhu<sup>2</sup>, MING Jun<sup>1</sup>, YUAN Su-xia<sup>1</sup>, WANG Zhao<sup>1</sup>, CHU Li-hong<sup>1</sup>, and LIU Chun<sup>1,\*</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; <sup>2</sup>Beijing Daxing Nursery, Beijing 102601, China)

**Abstract:** A genetic linkage map of *Anthurium andraeanum* was constructed in 94 F<sub>1</sub> individuals from the cross of ‘Pink Champion’ × ‘Dakota’ by using sequence-related polymorphism (SRAP) polymorphic markers. The map was obtained by utilizing JoinMap4.0<sup>®</sup> software’s CP model. It included 19 linkage groups which contained 254 loci and covered genome 1 689.5 cM with a mean marker interval of 6.65 cM. The length of linkage groups varied from 7.6 – 187.2 cM and each of them included 3 – 43 markers respectively.

**Key words:** *Anthurium andraeanum*; SRAP molecular marker; genetic linkage map; double-pseudo-testcross

分子遗传连锁图谱的构建是基因定位、基因克隆、基因组结构与功能研究的基础 (阮成江 等, 2002), 利用遗传连锁图谱寻找分子标记与控制优良性状基因之间的连锁关系, 对观赏植物基础遗传

收稿日期: 2012 - 03 - 01; 修回日期: 2012 - 05 - 18

基金项目: 北京市科技计划研发攻关项目 (YLHH201200109); 中国农业科学院与北京市大兴区科技合作项目 (YLHH200900106); 农业部园艺作物生物学与种质创制重点实验室资助项目

\* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: liuchun@mail.caas.net.cn)

育种研究具有重要的应用价值。国内外关于安祖花 (*Anthurium andraeanum*) 遗传图谱构建的研究尚未见报道, 主要是因为其杂合度高, 世代周期长, 自交不亲和等因素, 较难获得纯系, 从而制约其遗传图谱的构建。“双假测交”(double-pseudo-testcross) 理论的提出 (Grattapaglia & Sederoff, 1994; Weeden et al., 1994), 使得安祖花遗传图谱的构建成为可能。该理论认为对于林木、花卉等遗传背景高度杂合的物种, 许多基因位点在  $F_1$  代就发生了分离, 可视为回交 (BC) 群体模型来进行图谱构建。高丽霞等 (2009) 认为此方法对于天然杂合性高, 主要采取无性繁殖的植物同样适用。安祖花属于该类植物, 因此可运用  $F_1$  群体构建图谱。

SRAP 标记具有物种通用性, 其上、下游引物可两两搭配, 用少量的引物可得到多个引物对 (Li & Quiros, 2001; 孙佳琦 等, 2010)。由于安祖花遗传背景复杂, 基因组未被测序, SRAP 标记非常适合其遗传多态性分析及图谱构建。

本研究中利用 SRAP 标记以安祖花品种 ‘Pink Champion’  $\times$  ‘Dakota’ 的杂交  $F_1$  代为材料, 选用 JoinMap4.0<sup>®</sup> 软件的 CP 作图模型构建分子遗传连锁图谱, 以期为安祖花遗传育种工作提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料及其基因组 DNA 提取

选用中国农业科学院蔬菜花卉研究所百合课题组引自荷兰的两个安祖花 (*Anthurium andraeanum*) 品种 ‘Pink Champion’ 与 ‘Dakota’ 为亲本材料, 二者在株形、花色、叶形等性状上均存在较大差异 (图 1)。



图 1 两亲本的株形、佛焰苞片及叶片

Fig. 1 The plant appearance, spathes and leaves of parents

2011 年 6 月进行授粉杂交, 11 月收获杂交种子。2011 年 12 月对种胚消毒灭菌处理后, 接种到

培养基上进行育苗, 3 个月后将开始发芽。5 个月后将长出高 1~2 cm 的小苗, 待小苗长到 2.5~4.0 cm 时及时分株, 避免污染或其他因素导致死亡, 确保足够的群体数量。然后将其接种到生根培养基上生长 1 个月, 生根后移栽到苗盘无菌土中, 定植于中国农业科学院蔬菜花卉研究所南口试验基地日光温室中生长。共获得健壮生长的  $F_1$  代植株 152 株, 从中随机选取 94 个单株为作图群体。所有材料均为二倍体。

采集亲本及杂交后代的幼嫩叶片, 采用 CTAB 微量法提取基因组 DNA, 具体步骤参照孟鹤等 (2011) 的方法。利用紫外分光光度计和 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测所提取的 DNA 浓度与质量。稀释 DNA 至所需浓度 (约  $20 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ ),  $-20^\circ\text{C}$  冰箱中保存待用。

## 1.2 SRAP-PCR 反应体系及扩增程序

SRAP 引物序列由上海生工生物工程技术有限公司合成。反应体系为  $20 \mu\text{L}$ , 包括  $3 \mu\text{L}$  DNA 模板 ( $20 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ ),  $2 \mu\text{L}$   $10 \times \text{PCR buffer}$  (含  $\text{Mg}^{2+}$ ),  $1.6 \mu\text{L}$  dNTPs ( $2.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ ), 上、下游引物 ( $10 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ ) 各  $0.6 \mu\text{L}$ ,  $0.2 \mu\text{L}$  *Taq* polymerase ( $5 \text{ U} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ ),  $12 \mu\text{L}$  ddH<sub>2</sub>O。

PCR 扩增程序参照 Li 和 Quiros (2001) 的扩增程序:  $94^\circ\text{C}$  预变性 5 min;  $94^\circ\text{C}$  变性 1 min,  $35^\circ\text{C}$  退火 1 min,  $72^\circ\text{C}$  延伸 1 min, 共 5 个循环;  $94^\circ\text{C}$  变性 1 min,  $50^\circ\text{C}$  退火 1 min,  $72^\circ\text{C}$  延伸 1 min, 共 35 个循环;  $72^\circ\text{C}$  延伸 10 min; 最后于  $4^\circ\text{C}$  终止反应。

扩增产物采用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测。在 120 V 恒定电压下电泳 90 min, 电泳后银染, 参考张志峰等 (2005) 的方法, 银染后在胶片观察灯上观测电泳结果, 并照相记录。

## 1.3 连锁图谱的构建

根据“双假测交”, 亲本杂合的  $F_1$  代群体可视为 BC 群体或  $F_2$  群体 (章秋平等, 2011), 将电泳结果中清晰出现的多态性条带记为“1”, 无带记为“0”, 不清晰或缺失的带记为“-”。对 SRAP 标记从上到下分别统计, 采用“引物名称 + 条带大小”命名。然后将统计的原始数据统一转换为 JoinMap4.0<sup>®</sup>软件中 CP 作图模型的数据格式。

“CP”作图模型中的“CP”即“cross pollinators”, 指由两个杂合基因型或一个杂合基因型与一个纯合基因型二倍体亲本杂交产生的一类群体。

本研究所采用的  $F_1$  群体即属于这一类群体。在 CP 模型的数据文件中, 可以兼容 1:1 和 3:1 的分离类型 (高妍等, 2008)。

根据标记在  $F_1$  代中的分离类型, 将多态性条带进行整理, 首先对亲本间有差异的所有标记进行卡方 ( $\chi^2$ ) 测验, 排除缺失数据过多或发生显著偏分离 ( $P < 0.01$ ) 的位点, 然后再将符合 1:1 或 3:1 分离的标记采用 JoinMap4.0<sup>®</sup>软件的 CP 作图模型作图。设置 LOD 值为 4.0, 最大重组值为 0.4, 用 Create Groups Using the Groupings Tree 命令获得用于作图的组群, 用 Calculate Map 命令建立每个连锁群, 最后使用 Combine Map 命令将连锁群图谱进行整合。

# 2 结果与分析

## 2.1 引物筛选

首先用 740 对 SRAP 引物组合对双亲进行多态性筛选, 初步选出带型清晰, 综合效果好的引物组合 209 对, 再分别对亲本及 94 株  $F_1$  代个体筛选, 根据后代的分离情况, 选出了扩增稳定、能够用于图谱构建的 SRAP 引物 141 对。图 2 为引物 M5E7 对部分群体的标记分离情况。

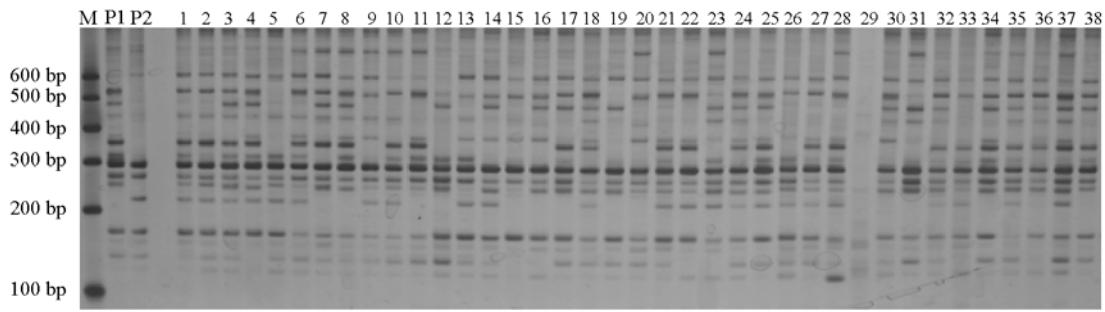


图 2 引物 M5E7 的部分扩增结果  
M: Marker I; P1: 母本; P2: 父本; 1~38: F<sub>1</sub> 代植株。

Fig. 2 Parts of amplifications using primer M5E7  
M: Marker I; P1: Female parent; P2: Male parent; 1 - 38: F<sub>1</sub> individuals.

2.2 标记的多态性和偏分离分析

141 对引物扩增出 335 条多态性带。根据亲本基因型及其在子代中的分离方式，将这些多态性条带分为 3 种类型进行统计。

第 1 种是 *lm* × *ll* 基因型分离类型，即母本为杂合基因型 *lm*，父本为纯合基因型 *ll*，子代呈 1:1 孟德尔分离比例。141 对引物中 109 对引物扩增出 194 个该类型带，占多态性带总数的 57.9%。平均每对引物扩增的条带数为 1.78 条。

第 2 种是 *nn* × *np* 基因型分离类型，即父本为杂合基因型 *np*，母本为纯合基因型 *nn*，子代呈 1:1 孟德尔分离比例。141 对引物中有 81 对引物扩增出 115 个该类型带，占多态性带总数的 34.3%，平均每对引物扩增的条带数为 1.42 条。

第 3 种是 *hk* × *hk* 基因型分离类型，即双亲均为杂合基因型 *hk*，子代可能的基因型为 *h*-和 *kk* 或 *hh* 和 *k*-，呈 3:1 或 1:3 的孟德尔分离比例。141 对引物中有 22 对引物扩增出 26 个该类型带，占多态性带总数的 7.8%。平均每对引物扩增的条带数为 1.18 条。

利用 JoinMap4.0<sup>®</sup> 软件对不同分离类型标记的偏分离情况进行了分析，结果如表 1 所示。

表 1 SRAP 标记不同分离类型多态带的偏分离情况  
Table 1 Distorted segregation of different SRAP segregation patterns

多态带类型 Segregation patterns	多态带位点 Polymorphic bands	偏分离位点 Distorted bands	百分率/% Percentage
<i>lm</i> × <i>ll</i>	194	30	15.5
<i>nn</i> × <i>np</i>	115	19	16.5
<i>hk</i> × <i>hk</i>	26	0	0
总计 Total	355	49	13.8

2.3 分子遗传连锁图谱的构建

将得到的 335 个多态性标记用 JoinMap4.0<sup>®</sup> 软件的 CP 作图模型构建了一张分子遗传连锁图谱。图谱包括 19 个连锁群，共 254 个标记位点，覆盖总图距 1 689.5 cM，位点间平均遗传距离为 6.65 cM，连锁群平均长度为 88.9 cM（表 2，图 3）。每个连锁群平均包含 13.4 个位点，在 19 个连锁群中，位点数最多的连锁群（LG1）含 43 个位点，位点数最少的连锁群（LG14、LG15、LG19）含 3 个位点。各个连锁群长度在 7.6~187.2 cM 范围内，其中最长的连锁群 L2 覆盖图距为 187.2 cM，最短的连锁群 LG19 覆盖图距为 7.6 cM。其中偏分离位点 81 个，占 24.2%。

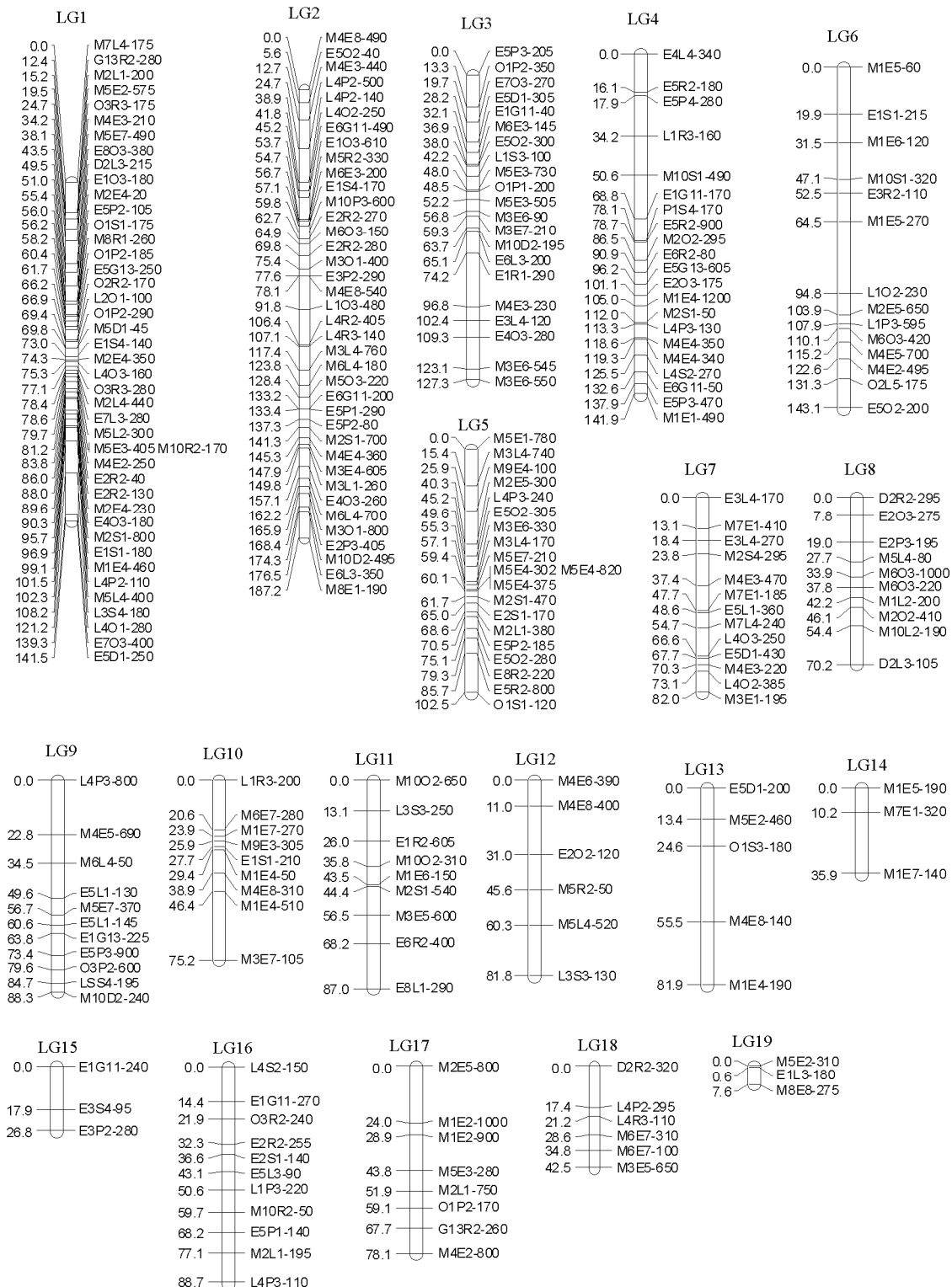


图 3 基于 SRAP 分子标记的 'Pink Champion' × 'Dakota' 遗传连锁图谱

Fig. 3 Genetic linkage map of 'Pink Champion' × 'Dakota' based on SRAP markers

表 2 遗传连锁图谱中各连锁群的图距和标记分布

Table 2 The genetic distance and distribution of markers in the linkage groups

连锁群 Linkage group	长度/cM Distance	总标记数 Number of markers	偏分离标记数 Number of distorted	平均图距/cM Average distance
LG1	141.48	43	14	3.29
LG2	187.21	38	2	4.93
LG3	127.29	21	3	6.06
LG4	141.92	21	1	6.76
LG5	102.49	20	3	5.12
LG6	143.09	14	3	10.22
LG7	82.02	13	1	6.31
LG8	70.17	10	1	7.02
LG9	88.25	11	3	8.02
LG10	75.16	9	0	8.35
LG11	87.01	9	2	9.67
LG12	81.81	6	0	13.63
LG13	81.89	5	1	16.38
LG14	35.94	3	0	11.98
LG15	26.77	3	0	8.92
LG16	88.75	11	3	8.07
LG17	78.06	8	1	9.76
LG18	42.50	6	0	7.08
LG19	7.64	3	0	2.54
合计 Total	1 689.50	254	38	6.65

### 3 讨论

作图群体大小影响所建图谱密度。方宣钧等（2001）认为，群体大小取决于所建图谱的目的，若图谱用于精细定位或基因组序列分析，则它比建立一个分子框架连锁图谱所需群体大得多；群体大小也取决于群体的类型，一般为  $F_2 > RI > BC_1$ 。本试验从  $F_1$  大群体的 152 个植株中，随机选取了 94 个单株构成的小群体，基本满足连锁图谱的构建。

2005 年之前的许多研究中，用于图谱构建的作图软件，如 Mapmaker 等不能整合不同分离类型的标记，故均采用 BC 作图模型分别构建两亲本的遗传图谱。随着作图软件不断发展，Stam 等（2005）将 CP 作图模型引入 JoinMap<sup>®</sup> 软件，可以把呈现 1:1 和 3:1 分离比例的位点同时导入，从而直接得到一个整合的双亲共有的遗传连锁图谱。Porceddu 等（2002）的研究利用 BC 和 CP 模型分别作图比较，发现“CP”图谱并未改变“BC”图谱的标记距离和顺序，能很好地整合双亲的“BC”图谱。此后，许多应用  $F_1$  群体进行图谱构建的研究，都采用该作图模型。高妍等（2008）利用该模型构建了桃的遗传连锁图谱，整合了 1:1 分离和 3:1 分离的标记位点，提高了作图效率。国内外运用 CP 作图模型对观赏植物进行作图的研究很少，本研究中充分利用了  $F_1$  群体的多态数据，构建了安祖花的分子遗传连锁图谱。

标记的偏分离在作图过程中普遍存在（Gebhardt & Ritter, 1989）。本研究中对标记的偏分离进行分析，共发现了 49 个发生偏分离标记的位点，占多态性位点总数的 13.8%，在偏分离的条带中，有 30 个条带偏向‘Pink Champion’亲本，19 个条带偏向‘Dakota’亲本。造成偏分离的因素以及对偏分离位点的处理方式，国内外学者有许多不同见解，如孢子体及配子体选择、非同源重组、标记类型、群体类型、环境因素等原因。标记在连锁图中的偏分离比例一般在 6.8%~31.8% 之间（王晓武 等，2005），但大部分研究中一般不把偏分离标记位点用于遗传作图。然而近几年也有学者认为那些偏分离不严重、表现稳定的标记也可用于作图，且并不影响作图效率和 QTL 定位（孙文英，

2008)。本研究中除去了发生偏分离标记的位点, 可能也是制约高密度连锁图谱构建的原因。因此, 可在本试验基础上增大标记数量, 开发新的标记类型或扩大群体数, 进行图谱加密和整合。

一个基本的连锁图谱要求连锁群上标记的平均间隔不大于 20 cM。Peltier 等 (1994) 利用 RAPD 和形态学标记构建了矮牵牛的连锁图谱, 覆盖基因组长 262.9 cM, 平均图距为 8.2 cM; Dunemann 等 (1999) 利用 239 个 RAPD, 38 个 RFLP 和 2 个微卫星标记构建了北美杜鹃两个亲本的分子连锁图谱, 其中父母本分别覆盖基因组长 556 和 720 cM, 平均图距分别为 3.1 和 4.3 cM; Debener 和 Mattiesch (1999) 运用 305 个 RAPD 和 AFLP 标记构建了玫瑰的分子连锁图谱, 两亲本分别覆盖基因组长 326 和 370 cM, 平均图距分别为 2.4 和 2.6 cM; Han 等 (2002) 利用 AFLP 标记构建了六出花的连锁图谱, 两亲本分别覆盖基因组长 306.3 和 605.6 cM, 平均图距为 2.51 和 2.83 cM; 黄翠娟 (1997) 利用 RAPD 和 SSR 标记对梅花 F<sub>1</sub> 群体构建了分子框架连锁图谱, 父、母本分别覆盖基因组长 556.6 和 366.4 cM, 平均图距为 23.2 和 22.9 cM。

与前人的研究相比较, 本研究中构建的安祖花连锁图谱, 覆盖基因组长 1 689.5 cM, 标记间平均间距为 6.65 cM, 已基本达到了连锁图谱的要求。但本图谱的饱和度不高, 因为某些区域还有大于 20 cM 的空隙, 而且存在三联体连锁群 (LG14、LG15、LG19)。另外, 安祖花染色体数为 2n = 30, 其饱和遗传图谱的连锁群数应该为 15。本研究中构建的遗传图谱有 19 个连锁群, 说明 SRAP 标记在安祖花基因组上应用效率偏低, 还存在空缺标记区。而且, 所用标记数量和得到的标记位点过少, 会使正常分离的标记无法找到对应的连锁位点, 从而降低作图效率 (施季森和童春发, 2006)。本试验中所获得的总标记数量不多, 可能是因为标记的偏分离或标记数量少未能使其连锁。

此外, 安祖花的株形、佛焰苞片颜色、花梗长度、叶形、抗病性、抗逆性等都是重要的观赏性状, 本研究中的群体植株目前尚处于幼年期, 等重要观赏性状出现以后, 有待于对控制重要性状的基因进行定位, 使安祖花从传统的表型选择到基因选择成为可能, 从而加速分子育种进程。

## References

- Debener T, Mattiesch L. 1999. Construction of a genetic linkage map for roses using RAPD and AFLP markers. *Theor Appl Genet*, 99 (5): 891 - 899.
- Dunemann F, Kahnau R, Stange I. 1999. Analysis of complex leaf and flower characters in *Rhododendron* using a molecular linkage map. *Theor Appl Genet*, 98 (6 - 7): 1146 - 1155.
- Fang Xuan-jun, Wu Wei-ren, Tang Ji-liang. 2001. Marker assisted breeding on crops. Beijing: Science Press. (in Chinese)
- 方宣钧, 吴为人, 唐纪良. 2001. 作物 DNA 标记辅助育种. 北京: 科学出版社.
- Gao Li-xia, Liu Nian, Huang Bang-hai. 2009. Linkage maps of the genus *Hedychium* (Zingiberaceae) based on SRAP. *Acta Botanica Yunnanica*, 31 (4): 317 - 325. (in Chinese)
- 高丽霞, 刘 念, 黄邦海. 2009. 姜花属 SRAP 分子标记连锁图谱构建. *云南植物研究*, 31 (4): 317 - 325.
- Gao Yan, Han Ming-yu, Zhao Cai-ping, Song Jian. 2008. Construction of AFLP molecular markers linkage map in nectarine. *Journal of Fruit Science*, 25 (4): 478 - 484. (in Chinese)
- 高 妍, 韩明玉, 赵彩平, 宋 健. 2008. 桃分子连锁图谱的构建. *果树学报*, 25 (4): 478 - 484.
- Gebhardt C, Ritter E. 1989. RFLP analysis and linkage mapping in *Solanum tuberosum*. *Theoretical and Applied Genetics*, 78: 65 - 75.
- Grattapaglia D, Sederoff R. 1994. Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: Mapping strategy and RAPD markers. *Genetics*, 137: 1121 - 1137.
- Han T H, Eck H V, Jeu M D, Jacobsen E. 2002. The construction of a linkage map of *Alstroemeria aurea* by AFLP markers. *Euphytica*, 128 (2): 153 - 164.
- Huang Cui-juan. 2007. Construction of F<sub>1</sub> population and frame molecular linkage map in Mei flower [M. D. Dissertation]. Wuhan: Huazhong Agricultural University. (in Chinese)

- 黄翠娟. 2007. 梅花 F<sub>1</sub> 作图群体与框架分子连锁图谱的初步构建[硕士论文]. 武汉: 华中农业大学.
- Li G, Quiros C F. 2001. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in *Brassica*. Theoretical and Applied Genetics, 103: 455 - 461.
- Meng He, Jin Mao-yong, Xiao Ju-qing, Zhang Bao-zhu, Ming Jun, Yuan Su-xia, Liu Chun, Zhang Ning. 2011. Detection of *Xanthomonas campestris* pv. *dieffenbachiae* on *Anthurium andraeanum* by Nested-PCR. Acta Horticulturae Sinica, 38 (10): 2017 - 2022. (in Chinese)
- 孟 鹤, 金茂勇, 肖橘清, 张宝珠, 明 军, 袁素霞, 刘 春, 张 宁. 2011. 安祖花细菌性疫病的 Nested-PCR 检测. 园艺学报, 38 (10): 2017 - 2022.
- Peltier D, Farcy E, Dulieu H, Bervillé A. 1994. Origin, distribution and mapping of RAPD markers from wild *Petunia* species in *Petunia hybrida* Hort lines. Theor Appl Genet, 88: 637 - 645.
- Porceddu A, Albertini E, Barcaccia G, Falistocco E, Falcinelli M. 2002. Linkage mapping in apomictic and sexual Kentucky bluegrass (*Poa pratensis* L.) genotypes using a two way pseudo-testcross strategy based on AFLP and SAMPL markers. Theor Appl Genet, 104 (2 - 3): 273 - 280.
- Ruan Cheng-jiang, He Zhen-xiang, Qin Pei. 2002. Research progress of plant genetic linkage map in China. Acta Bot Bor-Occid Sin, 22 (6): 1526 - 1536. (in Chinese)
- 阮成江, 何祯祥, 钦 佩. 2002. 中国植物遗传连锁图谱构建研究进展. 西北植物学报, 22 (6): 1526 - 1536.
- Shi Ji-sen, Tong Chun-fa. 2006. Construction of forest genetic map and QTL positioning statistical analysis. Beijing: Science Press. (in Chinese)
- 施季森, 童春发. 2006. 林木遗传图谱构建和 QTL 定位统计分析. 北京: 科学出版社.
- Stam P, van Ooijen J W. 1995. Join Map version 2.0: Software for the calculation of genetic linkage maps. CPRO-DLO. Wageningen, The Netherlands.
- Sun Jia-qi, Liang Jian-guo, Shi Shao-chuan, Gao Yi-ke, Zhang Qi-xiang. 2010. Applications of SRAP marker in genetic breeding of ornamental plants. Molecular Plant Breeding, 8 (3): 577 - 588. (in Chinese)
- 孙佳琦, 梁建国, 石少川, 高亦珂, 张启翔. 2010. SRAP 标记在观赏植物遗传育种中的应用. 分子植物育种, 8 (3): 577 - 588.
- Sun Wen-ying. 2008. Genetic linkage map construction and gene localization of agronomic traits in pear (*Pyrus* L.) [M. D. Dissertation]. Baoding: Agricultural University of Hebei. (in Chinese)
- 孙文英. 2008. 梨 (*Pyrus* L.) 遗传连锁图谱构建及其农艺性状的基因定位研究[硕士论文]. 保定: 河北农业大学.
- Wang Xiao-wu, Lou Ping, He Hang-jun, Yang Bao-jun, Zhang Yan-guo, Zhao Jian-jun. 2005. Construction of an AFLP-based genetic linkage map using a doubled-haploid (DH) population derived from a cross between Chinese kale and broccoli. Acta Horticulturae Sinica, 32 (1): 30 - 34. (in Chinese)
- 王晓武, 娄 平, 何杭军, 杨宝军, 张延国, 赵建军. 2005. 利用芥蓝 × 青花菜 DH 群体构建 AFLP 连锁图谱. 园艺学报, 32 (1): 30 - 34.
- Weeden N F, Hemmat M, Lawson D M, Lodhi M, Bell R L, Manganaris A G, Reischs B I, Brown S K, Ye G N. 1994. Development and application of molecular marker linkage maps in woody fruit crops. Euphytica, 77 (1 - 2): 71 - 75.
- Zhang Qiu-ping, Liu Wei-sheng, Liu Ning, Zhang Yu-ping, Liu Shuo, Wei Xiao, Liu You-chun. 2011. Segregation type of heterozygous loci in F<sub>1</sub> and construction of molecular linkage map in apricot. Acta Horticulturae Sinica, 38 (10): 1983 - 1990. (in Chinese)
- 章秋平, 刘威生, 刘 宁, 张玉萍, 刘 硕, 魏 潇, 刘有春. 2011. 杏杂合位点共显性标记的分离方式及连锁图谱构建. 园艺学报, 38 (10): 1983 - 1990.
- Zhang Zhi-feng, Shi Hong-cai, Wu Jian, Jian Zi-jian. 2005. Advanced technique for silver staining of polyacrylamide gel of microsatellite DNA. Biotechnology, 15 (3): 51 - 53. (in Chinese)
- 张志峰, 史洪才, 武 坚, 简子健. 2005. 微卫星 DNA 聚丙烯酰胺凝胶电泳 (PAGE) 银染方法的改良. 生物技术, 15 (3): 51 - 53.