

# 仁用杏品种 SRAP 遗传多样性分析及指纹检索系统的开发

艾鹏飞, 苏 珊, 靳占忠\*

(河北科技大学生物科学与工程学院, 石家庄 050018)

**摘 要:** 利用 SRAP 标记对 24 份仁用杏品种进行了遗传多样性分析。15 对引物共扩增出 280 条带, 其中 241 条为多态性谱带, 多态性比率为 85.34%; 每个引物组合扩增谱带数在 13 ~ 24 条之间, 平均为 18.7 条; 多态性信息含量 (*PIC*) 在 0.28 ~ 0.65 之间, 平均为 0.51。基于引物 Me4-Em4 扩增的多态性谱带, 构建的指纹检索系统可以区分 24 个仁用杏品种。根据 SRAP 扩增结果, 利用 UPGMA 法构建树状聚类图, 在相似系数为 0.70 处可将 24 个仁用杏品种分为 4 组, 聚类结果与形态分类基本一致。

**关键词:** 仁用杏; SRAP; 遗传多样性; 指纹检索系统

**中图分类号:** S 662.2

**文献标志码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2014) 06-1191-07

## Analysis of Genetic Diversity and Development of Fingerprinting Key Among Accessions of Kernel-using Apricot Using SRAP Markers

AI Peng-fei, SU Shan, and JIN Zhan-zhong\*

(College of Biological Science and Engineering, Hebei University of Science and Technology, Shijiazhuang 050018, China)

**Abstract:** In order to evaluate the genetic relationship among accessions of kernel-using apricot, sequence related amplified polymorphism (SRAP) markers were used to evaluate genetic diversity of 24 samples. Fifteen primer pairs generated 280 bands, 241 bands (85.34%) of which were polymorphic ones. SRAP primer pairs amplified 13 to 24 bands with an average of 18.7 bands per primer pair. Polymorphic information content (*PIC*) ranged from 0.28 to 0.65 with an average of 0.51. A fingerprinting key, established on the base of polymorphic bands amplified by a primer pair of Me4-Em4, could discriminate 24 accessions of kernel-using apricot. A dendrogram was constructed based on SRAP data using UPGMA cluster method. The 24 accessions were classified into 4 major groups at the genetic similarity coefficient of 0.70, which was basically corresponded with the genetic relationship based on morphological traits.

**Key words:** kernel-using apricot; SRAP; genetic diversity; fingerprinting key

中国各地栽培的仁用杏品种(系)主要来自民间,就近芽接,以致品种混杂,同物异名和同名异物现象严重,其遗传背景和品种间亲缘关系模糊不清,这对仁用杏的栽培利用和遗传改良造成了

收稿日期: 2013-12-27; 修回日期: 2014-05-05

基金项目: 河北省高等学校科学技术研究重点项目 (ZH2007116, ZD20131025)

\* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: apf2002@sina.com)

不便 (侯智霞 等, 2008)。

SRAP (sequence-related amplified polymorphism, 相关序列扩增多态性) 标记广泛分布于基因组间 (Li & Quiros, 2001), 作为遗传多样性研究 (Song et al., 2010)、种质鉴定 (Zhou et al., 2011)、遗传图谱构建 (章秋平 等, 2011; Zhang et al., 2012)、基因定位 (Xue et al., 2010) 等的有效工具, 已被广泛应用于动物、植物基因组的研究 (Ding et al., 2010; Deng et al., 2013)。

本研究中采用 SRAP 标记对生产上主栽的仁用杏品种进行遗传多样性分析, 构建 SRAP 指纹检索图谱和亲缘关系 UPGMA 聚类图, 为仁用杏品种鉴别及杂交亲本的选配提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 植物材料

试验于 2012—2013 年在河北科技大学生物科学与工程学院遗传工程实验室进行。供试材料来自河北省张家口市农业科学院仁用杏资源圃和辽宁国家果树种质熊岳李杏圃, 包括 24 个仁用杏 (*Prunus armeniaca* L.) 品种和优系 (表 1)。

表 1 供试的仁用杏材料及来源  
Table 1 Accessions of kernel-using apricot and their origin in the test

编号 Code	品种 Cultivar	来源 Origin	编号 Code	品种 Cultivar	来源 Origin
1	龙王帽 Longwangmao	河北 Hebei	13	龙丰 Longfeng	河北 Hebei
2	超仁 Chaoren	辽宁 Liaoning	14	80A03	河北 Hebei
3	C210-5	辽宁 Liaoning	15	80B05	河北 Hebei
4	国仁 Guoren	辽宁 Liaoning	16	79C13	河北 Hebei
5	油仁 Youren	辽宁 Liaoning	17	斑龙 Banlong	河北 Hebei
6	丰仁 Fengren	辽宁 Liaoning	18	优一 Youyi	河北 Hebei
7	80E05	河北 Hebei	19	中仁 1 号 Zhongren 1	河北 Hebei
8	一窝蜂 Yiwofeng	河北 Hebei	20	新 4 号 Xin 4	河北 Hebei
9	长城 1 号 Changcheng 1	河北 Hebei	21	三杆旗 Sanganqi	河北 Hebei
10	80D05	河北 Hebei	22	绿源 2 号 Lüyuan 2	内蒙古 Inner Mongolia
11	薄壳 1 号 Boke 1	河北 Hebei	23	白玉扁 Baiyubian	北京 Beijing
12	围选 1 号 Weixuan 1	河北 Hebei	24	串铃扁 Chuanlingbian	北京 Beijing

### 1.2 DNA 提取和 PCR 扩增

提取仁用杏嫩叶基因组 DNA (艾鹏飞 等, 2009), 经 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测后, 用紫外分光光度计检测, 将 DNA 浓度稀释至  $30 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ , 置于  $-20^\circ\text{C}$  备用。

设计正、反向 SRAP 引物 (Li & Quiros, 2001) 各 9 条 (表 2), 两两配对组成 81 个组合 (Me-Em)。基于前期研究 (艾鹏飞 等, 2009), SRAP 反应体系 ( $20 \mu\text{L}$ ) 包括: 模板 DNA  $30 \sim 50 \text{ ng}$ , dNTPs  $0.2 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ ,  $\text{Mg}^{2+}$   $2.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ , 引物浓度  $0.9 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ , TaqDNA 聚合酶  $1.5 \text{ U}$ ; SRAP 扩增程序为:  $94^\circ\text{C}$  预变性  $5 \text{ min}$ ,  $94^\circ\text{C}$  变性  $1 \text{ min}$ ,  $35^\circ\text{C}$  退火  $1 \text{ min}$ ,  $72^\circ\text{C}$  延伸  $1.5 \text{ min}$ , 5 个循环,  $94^\circ\text{C}$  变性  $1 \text{ min}$ ,  $52^\circ\text{C}$  退火  $1 \text{ min}$ ,  $72^\circ\text{C}$  延伸  $1.5 \text{ min}$ , 28 个循环,  $72^\circ\text{C}$  延伸  $10 \text{ min}$ ,  $4^\circ\text{C}$  保存。PCR 产物用 2.0% 琼脂糖凝胶电泳, EB 染色后凝胶成像系统拍照、分析。

### 1.3 数据处理与分析

电泳图谱中每条遗传变异的带均为一个分子标记, 代表 1 对 SRAP 引物的结合位点。根据条带

的有无统计所有的二元数据（有带为 1，无带为 0）。根据二元数据计算引物组合多态性比率（%）= 多态性条带数/总条带数 × 100，多态性信息含量（ $PIC$ ）=  $1 - \sum P_i^2$ ，其中  $P_i$  为第  $i$  个等位基因在该位点出现的基因频率（Anderson et al., 1993）。采用软件 NTSYS-pc 2.1（Rohlf, 2000）计算 Jaccard's 相似系数，根据类平均法（UPGMA）进行聚类分析，建立树状图。

表 2 SRAP 引物及序列  
Table 2 Primers and sequences of SRAP

引物名称 Primer	正向序列（5' - 3'） Forward sequence	引物名称 Primer	反向序列（5' - 3'） Reverse sequence
Me1	TGAGTCCAAACCGGAGC	Em1	GACTGCGTACGAATTGTC
Me2	TGAGTCCAAACCGGACC	Em2	GACTGCGTACGAATTGA
Me3	TGAGTCCAAACCGGTAA	Em3	GACTGCGTACGAATTAAC
Me4	TGAGTCCAAACCGGTCC	Em4	GACTGCGTACGAATTGAG
Me5	TGAGTCCAAACCGGTGC	Em5	GACTGCGTACGAATTCA
Me6	TGAGTCCAAACCGGTCA.	Em6	GACTGCGTACGAATTCTT
Me7	TGAGTCCAAACCGGAGA	Em7	GACTGCGTACGAATTGCA
Me8	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em8	GACTGCGTACGAATTGCC
Me9	TGAGTCCAAACCGGACT	Em9	GACTGCGTACGAATTATT

2 结果与分析

2.1 SRAP 标记多态性分析

在 81 对 SRAP 引物组合（Me-Em）中，15 对扩增出多态性丰富、稳定性好、分辨率高的谱带。图 1 为引物组合 Me3-Em4 的扩增图谱。

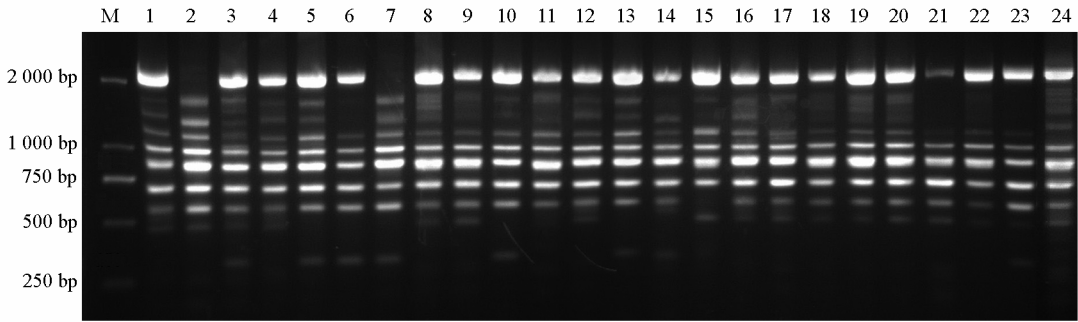


图 1 SRAP 引物组合 Me3-Em4 对 24 个仁用杏品种的扩增图谱  
Fig. 1 Patterns for 24 accessions of kernel-using apricot amplified by the SRAP primer Me3-Em4

用此 15 对引物对 24 个仁用杏品种进行扩增，结果（表 3）表明，每对引物扩增出 13 ~ 24 条清晰的谱带，平均每对引物产生 18.7 条谱带，15 对引物共产生 280 条带，其中 241 条为多态性谱带，多态性比率为 85.34%；每对引物扩增多态性条带数为 11 ~ 24 条不等，多态性比率在 76.47% ~ 100% 之间，平均每对引物产生 16.1 条多态性谱带；两个引物组合（Me4-Em3 和 Me4-Em4）分别扩增出的 21 条和 24 条谱带，均为多态性谱带，多态性比率 100%。

表 3 表明，15 对 SRAP 引物的  $PIC$  值在 0.28 ~ 0.65 之间，平均为 0.51，多数引物组合（66.7%）的  $PIC$  值超过 0.5，为高度多态性信息引物，少数（33.3%）为中度多态性信息引物（ $0.25 < PIC <$

0.5) (Anderson et al., 1993), 表明供试 SRAP 引物组合能高信息量地反映出仁用杏品种基因多样性水平, 可作为仁用杏资源遗传多样性分析的有效标记。

表 3 SRAP 引物组合扩增的多态性  
Table 3 Polymorphism revealed by primer combinations of SRAP

引物组合 Primer	总带数 Total bands	多态性带数 Polymorphic bands	多态性比率/% Polymorphic rate	多态性信息含量 PIC
Me1-Em1	18	15	83.33	0.53
Me1-Em2	17	13	76.47	0.28
Me1-Em5	13	11	84.62	0.52
Me2-Em7	20	16	80.00	0.65
Me3-Em4	13	11	84.62	0.38
Me4-Em3	21	21	100.00	0.61
Me4-Em4	24	24	100.00	0.53
Me4-Em6	19	15	78.95	0.52
Me5-Em6	20	16	80.00	0.55
Me5-Em9	23	20	86.96	0.67
Me6-Em6	13	10	76.92	0.51
Me8-Em9	22	20	90.91	0.42
Me9-Em8	16	14	87.50	0.38
Me9-Em5	24	21	87.50	0.61
Me8-Em7	17	14	82.35	0.45
总计 Total	280	241		
平均 Mean	18.7	16.1	85.34	0.51

2.2 SRAP 指纹检索系统开发

15 个 SRAP 引物组合中, Me2-Em7、Me4-Em3、Me4-Em4、Me5-Em9、Me8-Em9 和 Me9-Em5 等 6 对引物的品种鉴别能力在 85% 以上。其中, Me4-Em3 和 Me4-Em4 对供试的 24 份仁用杏材料鉴别能力为 100%, 即各自能根据扩增谱带的不同位点及材料间不同带型逐一鉴别出基因型不同的品种。基于引物 Me4-Em4 构建的仁用杏品种 SRAP 指纹检索系统如下, 其中, 字母 ‘B’ 右下角的数字为扩增带长度 (bp), ‘+’ 为出现条带, ‘-’ 为缺失条带。

1. B <sub>1610+</sub> /1250+		3.1.2 B <sub>310-</sub>	中仁 1 号 Zhongren 1
1.1 B <sub>1100+</sub> /910+		3.2 B <sub>1100+</sub> /910-	超仁 Chaoren
1.1.1 B <sub>820+</sub>	80D05	3.3 B <sub>1100+</sub> /910+	一窝蜂 Yiwofeng
1.1.2 B <sub>820-</sub>	79C13	4. B <sub>1610-</sub> /1250-	
1.2 B <sub>1100+</sub> /910-	长城 1 号 Changcheng 1	4.1 B <sub>1100+</sub> /910+	
1.3 B <sub>1100+</sub> /910+	三杆旗 Sanganqi	4.1.1 B <sub>820+</sub> /510+	绿源 2 号 Lüyuan 2
1.4 B <sub>1100+</sub> /910-	新 4 号 Xin 4	4.1.2 B <sub>820+</sub> /510-	国仁 Guoren
2. B <sub>1610+</sub> /1250-		4.1.3 B <sub>820+</sub> /510+	
2.1 B <sub>1100+</sub> /910+	龙丰 Longfeng	4.1.3.1 B <sub>750+</sub>	80B05
2.2 B <sub>1100+</sub> /910-		4.1.3.2 B <sub>750-</sub>	80A03
2.2.1 B <sub>820+</sub> /510+	围选 1 号 Weixuan 1	4.2 B <sub>1100+</sub> /910-	
2.2.2 B <sub>820+</sub> /510-	优一 Youyi	4.2.1 B <sub>820+</sub> /750+	斑龙 Banlong
2.3 B <sub>1100+</sub> /910+		4.2.2 B <sub>820+</sub> /750+	串铃扁 Chuanlingbian
2.3.1 B <sub>640+</sub>	龙王帽 Longwangmao	4.2.3 B <sub>820+</sub> /750-	白玉扁 Baiyubian
2.3.2 B <sub>640-</sub>	C210-5	4.3 B <sub>1100+</sub> /910+	丰仁 Fengren
3. B <sub>1610-</sub> /1250+		4.4 B <sub>1100+</sub> /910-	
3.1 B <sub>1100+</sub> /910+		4.4.1 B <sub>820+</sub>	80E05
3.1.1 B <sub>310+</sub>	薄壳 1 号 Boke 1	4.4.2 B <sub>820-</sub>	油仁 Youren

## 2.3 基于 SRAP 标记的聚类分析

根据 15 个 SRAP 引物组合扩增的 241 条多态性谱带, 对 24 个仁用杏品种进行遗传多样性分析, Jaccard's 相似系数在 0.58 ~ 0.91 之间。基于相似系数大小, ‘80A03’ 与 ‘龙王帽’ 的亲缘关系最远, ‘油仁’ 与 ‘丰仁’ 最近。

采用 UPGMA 法聚类分析, 在相似系数为 0.70 处, 可以将 24 个仁用杏品种分为 4 组 (图 2)。

第 I 组包括 5 个品种, 其中 ‘国仁’、‘丰仁’ 和 ‘油仁’ 都是由辽宁省果树研究所从 ‘一窝蜂’ 的优系中选育出的新品种, ‘80E05’ 亦为 ‘一窝蜂’ 的优系。

第 II 组由 8 个品种组成, 划分为 2 个小组。第 1 小组包括 ‘龙王帽’ 及其系选品种 ‘C210-5’ ‘超仁’、‘长城 1 号’; 第 2 小组包括 ‘优一’、‘中仁 1 号’ ‘新 4 号’、‘三杆旗’, 它们都是扁杏园实生选育品种。

第 III 组包括 9 个品种, 它们来源不尽相同 (‘绿源 2 号’ 来自内蒙古, ‘白玉扁’ 来自北京, 其余 7 个来自河北), 但绝大多数是从山杏的甜仁类型中选育出来的。最近选育出来的新品种 ‘围选 1 号’ 也聚类在这组中。

第 IV 组只有两个品种 ‘80A03’ 和 ‘串铃扁’, 与其它 3 组的亲缘关系较远。

上述表明, 聚类结果与形态分类基本一致。

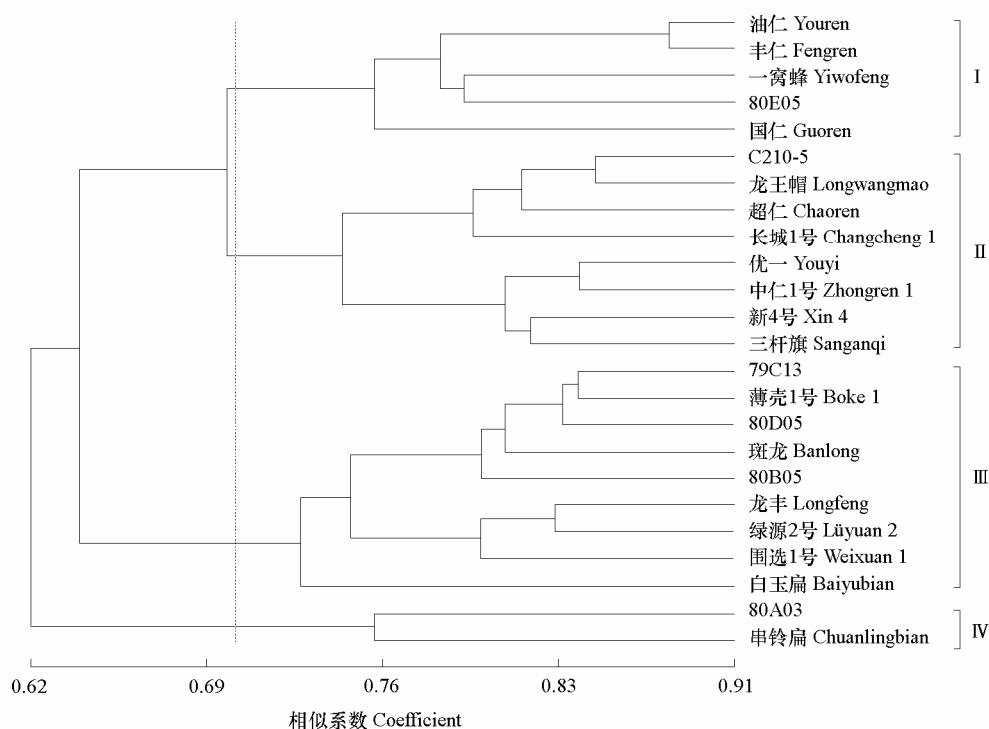


图 2 仁用杏 24 个品种的 SRAP 扩增谱带的 UPGMA 聚类图

Fig. 2 Dendrogram of 24 accessions of kernel-using apricot based on UPGMA of SRAP polymorphisms

## 3 讨论

### 3.1 SRAP 标记用于仁用杏遗传多样性研究的优越性

SRAP 扩增的序列位于 ORFs (open reading frames, 开放阅读框) 区域, 对育种目标性状评价

方面较其它分子标记（如 RAPD、SSR 等）表现出更高的多态性标记比率（Song et al., 2010）。本研究中，15 对 SRAP 引物对 24 份仁用杏材料的扩增结果表明，平均每对引物 16.1 条多态性带，多态性比率 85.34%。这比章秋平等(2013)报道的 21 对 SSR 引物对 67 份华北生态群普通杏(*A. vulgaris* L.) 扩增时平均 5.7 个等位变异和 39.9%多态性比率高，也比吴树敬和陈学森(2000)报道的 18 个 RAPD 引物对 20 个杏(*Armeniaca* spp.) 品种扩增时平均 5.9 条多态性带和 48.6%多态性比率高。此外，在仁用杏品种鉴定方面，SRAP 也表现出明显的优势。本研究中，采用 1 对 SRAP 引物 Me4-Em4 即可鉴别出 24 个仁用杏品种，而王玉柱等(2006)采用 RAPD 技术对 4 个仁用杏品种（‘龙王帽’、‘一窝蜂’、‘白玉扁’和‘优一’）鉴定时出现困难。其原因可能与 SRAP 扩增的等位位点变异幅度大（如表 3 中的 Me4-Em4 扩增出 24 条多态性谱带，多态性比率 100%）且带型丰富有关。由此可见，对仁用杏进行遗传多样性评价、品种鉴定和系统学研究时，SRAP 标记高效、可行。

### 3.2 基于 SRAP 标记的仁用杏品种聚类结果的可靠性

本研究中，24 个仁用杏品种的相似系数在 0.58 ~ 0.91 之间，比普通杏(*A. vulgaris* L.) 品种间的相似系数 0.083 ~ 0.987（张淑青 等, 2010）变化幅度小得多，这一结果与马丹慧(2007)的仁用杏资源遗传基础狭窄、群体变异幅度小的观点一致，也在一定程度上支持刘有春等(2010)仁用杏作为普通杏一个变种的看法。因此，在进行仁用杏杂交育种时，可以根据品种（系）间的相似系数大小来选配亲缘关系远的亲本组合，提高育种效率。

根据 SRAP 扩增结果构建的聚类图在相似系数 0.70 处将 24 份材料分成 4 组（图 2），这与生产实践中通过形态分类的结果一致。‘C210-5’‘超仁’、‘长城 1 号’来自‘龙王帽’的优系选育（刘威生, 2008），‘80E05’、‘油仁’、‘丰仁’、‘国仁’为‘一窝蜂’的系选品种，‘优一’、‘中仁 1 号’‘新 4 号’和‘三杆旗’是扁杏园实生选育品种，‘79C13’、‘80B05’、‘80D05’‘绿源 2 号’等来自大山甜杏实生树的优系（马丹慧, 2007），这些品种的形成过程均在聚类图（图 2）中得到印证，较好地反映出 24 份仁用杏材料的亲缘关系和遗传背景。但也有例外，如同样来自大山甜杏的‘80A03’没有与其他相同来源的品种聚在一起，表现出较远的亲缘关系。马丹慧(2007)采用 SSR 标记研究‘80A03’时也得到了这样的结果。其原因可能与仁用杏的多元化起源（刘有春 等, 2010）有关。

从图 2 中也可以看出，同一系列的品种聚在一起，不同系列的品种分别拥有各自的核心种质，且彼此间交流较少。这为下一步建立仁用杏核心种质资源圃提供了参考资料，在仁用杏杂交亲本组合的选配、新品种保护和优质资源的发掘等方面也具有参考意义。

## References

- Ai Peng-fei, Zhen Zhi-jun, Fang Shan-shan, Jin Zhan-zhong. 2009. Optimization of SRAP-PCR system for kernelled apricot by orthogonal design. *Journal of Hebei University of Science and Technology*, 30 (3): 248 - 252. (in Chinese)
- 艾鹏飞, 甄志军, 方闪闪, 靳占忠. 2009. 仁用杏 SRAP-PCR 体系的正交设计优化. *河北科技大学学报*, 30 (3): 248 - 252.
- Anderson J A, Churchill G A, Autrique J E, Tanksley S D, Sorrells M E. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36: 181 - 186.
- Deng C L, Qin R Y, Gao J, Jia Y Y, Ren Y X, Gao W J, Lu L D. 2013. SRAP analysis of DNA base sequence changes in lotus mutants induced by Fe<sup>3+</sup> implantation. *Genetics and Molecular Research*, 12 (1): 335 - 343.
- Ding W D, Cao Z M, Cao L P. 2010. Molecular analysis of glass carp (*Ctenopharyngodon idella*) by SRAP and SCAR molecular markers. *Aquaculture International*, 18 (4): 575 - 587.
- Hou Zhi-xia, Zhai Ming-pu, Cai Xiu-zhi, Su Shu-chai, Li Xiang. 2008. Analysis of current production status for kernel-apricot in China. *Northern Horticulture*, (2): 39 - 41. (in Chinese)
- 侯智霞, 翟明普, 蔡秀芝, 苏淑钗, 李 响. 2008. 我国仁用杏生产现状分析. *北方园艺*, (2): 39 - 41.

- 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*. *Theor Appl Genet*, 103: 455 - 461.
- Liu Wei-sheng. 2008. Eco-phylogenetic relationships among kernel-using apricots and main species of genus *Armeniaca* based on DNA molecular markers [Post-doctoral Work Report]. Beijing: Chinese Academy of Sciences. (in Chinese)
- 刘威生. 2008. 基于 DNA 分子标记的仁用杏及杏属主要种间生态系统关系研究 [博士后工作报告]. 北京: 中国科学院.
- Liu You-chun, Chen Wei-zhi, Liu Wei-sheng, Liu Ning, Zhang Yu-ping, Liu Shuo. 2010. Palynological study on the origin and systematic evolution of kernel-using apricots. *Acta Horticulturae Sinica*, 37 (9): 1377 - 1387. (in Chinese)
- 刘有春, 陈伟之, 刘威生, 刘 宁, 张玉萍, 刘 硕. 2010. 仁用杏起源演化的孢粉学研究. *园艺学报*, 37 (9): 1377 - 1387.
- Ma Dan-hui. 2007. Studies on the phylogenetic relationships and taxonomic status of apricot species by ISSR, SSR markers [M. D. Dissertation]. Changchun: Jilin Agricultural University. (in Chinese)
- 马丹慧. 2007. 杏种质资源亲缘关系及分类地位的 ISSR 和 SSR 分子标记研究 [硕士论文]. 长春: 吉林农业大学.
- Rohlf F J. 2000. NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system, Version 2.10. Exeter Software. New York.
- Song Z Q, Li X F, Wang H G, Wang J H. 2010. Genetic diversity and population structure of *Salvia miltiorrhiza* Bge in China revealed by ISSR and SRAP. *Genetica*, 138 (2): 241 - 249.
- Wang Yu-zhu, Sun Hao-yuan, Yang Li, Zhang Kai-chun, Lin Ke. 2006. Study on the phylgenetic relationship among genus *Armeniaca* based on RAPD markers. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2 (5): 53 - 56. (in Chinese)
- 王玉柱, 孙浩元, 杨 丽, 张开春, 林 柯. 2006. 杏属植物种间亲缘关系的 RAPD 分析. *中国农学通报*, 2 (5): 53 - 56.
- Wu Shu-jing, Chen Xue-sen. 2003. RAPD analysis of apricot cultivars. *Journal of Fruit Science*, 20 (2): 107 - 111. (in Chinese)
- 吴树敬, 陈学森. 2003. 杏品种的 RAPD 分析. *果树学报*, 20 (2): 107 - 111.
- Xue D W, Feng S G, Zhao H Y, Jiang H, Shen B, Shi N N, Lu J J, Liu J J, Wang H Z. 2010. The linkage maps of *Dendrobium* species based on RAPD and SRAP markers. *Journal of Genetic and Genomics*, 37 (3): 197 - 204.
- Zhang Qiu-ping, Liu Dong-cheng, Liu Wei-sheng, Liu Shuo, Zhang Ai-min, Liu Ning, Zhang Yu-ping. 2013. Genetic diversity and population structure of the North China population of apricot. *Scientia Agricultura Sinica*, 46 (1): 89 - 98. (in Chinese)
- 章秋平, 刘冬成, 刘威生, 刘 硕, 张爱民, 刘 宁, 张玉萍. 2013. 华北生态群普通杏遗传多样性与群体结构分析. *中国农业科学*, 46 (1): 89 - 98.
- 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  $F_1$  and construction of molecular markers 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 Shu-qing, Liu Dong-cheng, Liu Wei-sheng, Zhang Ai-min, Li Shao-hua. 2010. Analysis of genetic diversity in apricot cultivars (*Prunus armeniaca* L.) with simple sequence repeats (SSR) markers. *Acta Horticulturae Sinica*, 37 (1): 23 - 30. (in Chinese)
- 张淑青, 刘冬成, 刘威生, 张爱民, 李绍华. 2010. 普通杏品种 SSR 遗传多样性分析. *园艺学报*, 37 (1): 23 - 30.
- Zhang W W, Pan J S, He H L, Zhang C, Li Z, Zhao J L, Yuan X J, Zhu L H, Huang S W, Cai R. 2012. Construction of a high density integrated genetic map for cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Theor Appl Gene*, 124 (2): 249 - 259.
- Zhou Y J, Wang X G, Zhang X Q. 2011. Development and application of a SRAP marker for the identification of sex in *Buchloe dactyloides*. *Euphytica*, 181 (2): 261 - 266.