

# 樱桃主栽品种的遗传多样性分析

艾呈祥<sup>1</sup>, 辛力<sup>1</sup>, 余贤美<sup>2</sup>, 张力思<sup>1</sup>, 魏海蓉<sup>1</sup>, 苑克俊<sup>1</sup>, 孙清荣<sup>1</sup>, 刘庆忠<sup>1\*</sup>

(<sup>1</sup>山东省果树研究所, 山东省果树生物技术育种重点实验室, 山东泰安 271000; <sup>2</sup>中国热带农业科学院环境与植物保护研究所, 海南儋州 571737)

**摘要:** 利用 24 对 SSR 引物对 30 个樱桃主栽品种进行遗传多样性分析, 以了解樱桃产区的资源多样性状况, 为种质资源的开发和利用提供帮助。结果表明: 樱桃产区具有丰富的遗传变异。SSR 的遗传多样性指数的分布范围为 1.3647 ~ 2.9964, Simpson 指数分布范围为 0.6111 ~ 0.9326。30 个品种的分子数据聚类结果均呈现一定的地理分布规律。根据系统聚类分析将 30 个樱桃品种分为两大类: 欧洲甜樱桃和中国樱桃, 与传统分类学的结果相符。同时在两大类内又将品种进行细分, 第 1 类分为 3 组, 第 2 类分为 2 组, 其结果与地理分布有一定的相关性, 能够反映樱桃的遗传特点及区域特性。

**关键词:** 樱桃; 品种; 遗传多样性; SSR

中图分类号: S 662.5 文献标识码: A 文章编号: 0513-353X (2007) 04-0871-06

## Analysis of Genetic Diversity in *Cerasus* by SSR Markers

AI Cheng-xiang<sup>1</sup>, XN Li<sup>1</sup>, YU Xian-mei<sup>2</sup>, ZHANG Li-si<sup>1</sup>, WEI Hai-rong<sup>1</sup>, YUAN Ke-jun<sup>1</sup>, SUN Qing-rong<sup>1</sup>, and LU Qing-zhong<sup>1\*</sup>

(<sup>1</sup>Shandong Institute of Pomology, Key Laboratory for Fruit Biotechnology Breeding of Shandong, Tai'an, Shandong 271000, China; <sup>2</sup>Institute of Environment and Plant Protection, Chinese Academy of Tropical Agriculture Sciences, Danzhou, Hainan 571737, China)

**Abstract:** The genetic diversity of thirty cultivars of *Prunus avium* L. and *P. pseudocerasus* Lindl were evaluated by 24 pairs of SSR primers. The aim of the study is to reveal the genetic diversity in *Cerasus* and help to exploit and make use of the germplasm of *Cerasus*. The results showed that the Shannon-weaver index of genetic diversity ranged from 1.3647 to 2.9964 and the Simpson index from 0.6111 to 0.9326, which indicated that the *Cerasus* has abundant genetic diversity. The molecular clustering showed some rules in the geographical distribution. The cultivars used in this study were divided into 2 groups by cluster analysis: *P. avium* L. and *P. pseudocerasus* Lindl, which was in agreement with the traditional taxonomy on *Cerasus*. Moreover, *P. avium* L. was subdivided into 3 subgroups, and *P. pseudocerasus* Lindl into 2 subgroups respectively. The cluster results showed that the molecular classification of *Cerasus* in China had some relativity to the geographic taxonomic system, which reflected the genetic and territorial character of *Cerasus*.

**Key words:** *Cerasus*; Cultivar; Genetic diversity; SSR

樱桃属 (*Cerasus*) 植物有 30 多个种, 多数分布在亚洲和欧洲 (孔旭, 1987; 于亚军等, 2003)。目前世界上栽培较普遍的樱桃种类有欧洲甜樱桃 (*Prunus avium* L.)、欧洲酸樱桃 (*P. cerasus* L.)、中国樱桃 (*P. pseudocerasus* Lindl) 和毛樱桃 (*P. tomentosa* Thunb.), 其中中国生产栽培的樱桃, 主要是中国樱桃和欧洲甜樱桃。

收稿日期: 2007 - 01 - 15; 修回日期: 2007 - 04 - 17

基金项目: 山东省农业科学院青年基金项目 (2005YQ013); 科技部国际合作项目 (2006DFA33130); 国家 '863' 计划项目 (2006AA100108)

\* 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: qzliu@sdip.cn)

国外曾见用来自桃的 SSRs 进行甜樱桃品种指纹及系统分析的研究 (Dirlewanger et al, 2002; Wunsch & Homaza, 2002)。国内学者对樱桃的遗传多样性研究较少, 利用分子标记方法鉴定遗传多样性的更少。RAPD、AFLP 技术已被用于樱桃品种鉴定和遗传多样性研究 (Struss et al, 2001; 陈晓流等, 2004; 王彩虹等, 2005; 蔡宇良等, 2006), 而用 SSR 标记分析樱桃品种及其遗传多样性研究未见报道。

本研究利用 SSR 标记对 30 个樱桃品种的遗传多样性进行了分析, 旨在为樱桃种质资源的收集、保存、鉴定、创新和有效利用提供一定的理论依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 试验材料

供试的 30 个樱桃品种为欧洲甜樱桃和中国樱桃两个种类, 有 10 个品种采自泰安省庄、司家庄、肥城大王庄, 大连旅顺园艺场和大连市农业科学研究院 5 个樱桃基地, 另外的 20 个品种为本实验室历年从美国、加拿大、英国、乌克兰和日本引进的优良品种 (表 1)。

表 1 供试材料及来源

Table 1 The origins of the materials

编号 No	所属种 Species belonged	品种名称 Cultivar	来源 Origin	编号 No	所属种 Species belonged	品种名称 Cultivar	来源 Origin
1	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	萨米脱 Summit	加拿大 Canada	16	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	拉宾斯 Lapins	加拿大 Canada
2	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	红艳 Hongyan	辽宁大连 Dalian, Liaoning	17	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	那翁 Napoleon	德国 Germany
3	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	红灯 Hongdeng	辽宁大连 Dalian, Liaoning	18	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	友谊 Youyi	乌克兰 Ukraine
4	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	前寨黄 Qianzhaihuang	山东泰安 Tai'an, Shandong	19	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	伯兰特 Burlat	法国 France
5	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	红丰 Hongfeng	山东烟台 Yantai, Shandong	20	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	布鲁克斯 Brooks	美国 USA
6	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	长把红 Changbahong	山东烟台 Yantai, Shandong	21	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	甜心 Sweet Heart	加拿大 Canada
7	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	Star	加拿大 Canada	22	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	红蜜 Hongni	辽宁大连 Dalian, Liaoning
8	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	左藤锦 Satonishiki	日本 Japan	23	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	8-106	辽宁大连 Dalian, Liaoning
9	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	意大利早红 Moreau	法国 France	24	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	前寨红 Qianzhaihong	山东泰安 Tai'an, Shandong
10	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	塔顿 Tieton	美国 USA	25	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	岱红 Daihong	山东泰安 Tai'an, Shandong
11	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	艳阳 Yanyang	加拿大 Canada	26	中国樱桃 <i>P. pseudocerasus</i>	莱阳短枝 Laiyang Short	山东莱阳 Laiyang, Shandong
12	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	雷尼尔 Rainier	美国 USA	27	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	养老 Elton	美国 USA
13	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	犹它巨果 Uta Giant	美国 USA	28	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	先锋 Van	加拿大 Canada
14	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	抉择 Jueze	乌克兰 Ukraine	29	欧洲甜樱桃 × 中国樱桃 <i>P. avium</i> × <i>P. pseudocerasus</i>	寇尔特 Colt	英国 England
15	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	早红宝石 Early Ruby	乌克兰 Ukraine	30	欧洲甜樱桃 <i>P. avium</i>	宇宙 Yuzhou	乌克兰 Ukraine

### 1.2 DNA 的提取

采用改良的 CTAB 法 (艾呈祥和刘庆忠, 2006) 提取樱桃叶片的基因组 DNA, 并进行 DNA 样品

的浓度和纯度的测定。

### 1.3 PCR扩增及产物检测

应用选择性扩增微卫星 (SAM) 法开发 SSR 序列 (Ai et al, 2007), SSR 引物由北京赛百盛基因技术有限公司合成。SSR 扩增反应在 ABI 公司 Gene Amp PCR System 9700 上进行。反应体系 (20  $\mu\text{L}$ ) 中含有 10  $\times$ PCR buffer 2.0  $\mu\text{L}$ , 2.5  $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$  dNTPs 1.5  $\mu\text{L}$ ,  $\text{MgCl}_2$  (2.5  $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ ) 1.5  $\mu\text{L}$ , 1 U *Taq* DNA 聚合酶, SSR 上、下游引物 (5  $\text{pmol} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ ) 各 1  $\mu\text{L}$ , 50 ~ 100 ng 模板 DNA。SSR 扩增热循环参数为: 94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min, 然后 94  $^{\circ}\text{C}$  变性 45 s, 52  $^{\circ}\text{C}$  退火 45 s, 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 1 min, 共 28 个循环, 最后 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 7 min。扩增产物用测序胶 (6% 聚丙烯酰胺凝胶, 8  $\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$  脲素) 分离, 银染技术检测。

### 1.4 数据分析

每个 SSR 等位变异的有无分别用 1 和 0 表示。成对品种相似系数 (pair similarity coefficient) 用 Nei 和 Li 计算法, 计算公式为  $S_{ij} = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$ , 其中  $N_{ij}$  为两个品种共有的等位变异数,  $N_i$ 、 $N_j$  分别为第  $i$  和第  $j$  品种各自的等位变异数 (Nei & Li, 1979)。根据品种相似系数, 以非加权类平均数 (UPGMA) 进行聚类分析, 建立树状聚类图。利用 Cophenetic values 对聚类图进行处理, 计算品种遗传距离矩阵与类平均法 (UPGMA) 聚类树表型相关系数矩阵的相关系数, 检测聚类结果的可靠性。计算每个 SSR 位点的 Shannon-weaver 多样性指数和 Simpson 指数。

Shannon-weaver 多样性指数计算公式如下:  $H = - \sum_{i=1}^s p_i \ln p_i$ ; Simpson 多样性指数 (Simpson index,  $D$ ) 计算公式如下:  $D = 1 / \sum_{i=1}^s p_i^2$ 。

其中  $p_i$  为某个 SSR 位点的第  $i$  个等位变异出现的次数占该位点全部等位变异出现次数的百分比;  $s$  表示每个 SSR 位点有  $s$  个等位变异;  $i = 1$  时, 第 1 个等位变异出现的次数占该位点全部等位变异出现次数的百分比。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR引物的遗传多样性指数

利用 24 对 SSR 引物分析 30 个中国樱桃和欧洲甜樱桃品种的遗传多样性, 利用这 24 对引物进行 SSR 扩增, 获得了较好的扩增效果 (图 1)。30 个品种共检测到 205 个位点, 每个 SSR 位点的等位变异范围为 3 ~ 14 个, 平均每对引物有 8.5 个扩增位点。SC6 的等位变异数最少, 仅 3 个; SC11 的等位变异数最多, 为 14 个。每个 SSR 的 Shannon-weaver 指数的分布范围为 1.3647 ~ 2.9964, 平均值为 1.9963; Simpson 指数分布范围为 0.6111 ~ 0.9326, 平均值为 0.8148 (表 2)。



图 1 特异性 SSR 引物 SC37 的多态性电泳图谱

M. 25 bp DNA marker; 1 ~ 27. 不同材料编号, 详见表 1。

Fig 1 Polymorphic electrophoresis pattern of special SSR primer SC37

M. 25 bp DNA marker; 1 - 27. The number of materials, see the Table 1.

表 2 24对 SSR引物遗传多样性指数

Table 2 Genetic diversity index of 24 loci

位点 Locus	等位变异数 Alleles	<i>D</i>	<i>H</i>	位点 Locus	等位变异数 Alleles	<i>D</i>	<i>H</i>
SC1	11	0.9004	1.9901	SC17	7	0.7494	2.3781
SC2	9	0.8455	2.0126	SC19	6	0.7878	2.0007
SC3	6	0.9326	2.0022	SC20	12	0.8772	2.9964
SC4	13	0.8511	1.5439	SC22	9	0.7999	1.8452
SC6	3	0.7964	1.3647	SC23	13	0.7968	1.7474
SC7	5	0.8324	1.9845	SC24	9	0.8322	2.2554
SC9	10	0.6907	1.5420	SC26	5	0.8105	2.0442
SC10	7	0.8620	1.9425	SC29	7	0.7456	2.1551
SC11	14	0.7952	1.8459	SC30	10	0.6111	1.9067
SC13	4	0.8624	1.8993	SC32	6	0.9023	2.4908
SC14	8	0.8029	1.5458	SC36	9	0.8053	1.8542
SC16	11	0.8327	2.1066	SC37	11	0.8438	2.4565
平均值 Mean value	8.5	0.8148	1.9963				

## 2.2 SSR标记遗传多样性分析

品种间的相似系数总体平均值为 0.5249, 变化范围为 0.4800 ~ 0.8654, 平均值从 0.4978 到 0.6841。品种早红宝石和宇宙的相似系数最高, 达 0.9512, 它们都取自乌克兰, 地理间隔较近。分别来自加拿大的萨米脱和先锋的相似系数为 0.8916, 山东泰安的前寨黄和前寨红的相似系数为 0.8705, 其分布特点具有一定的地理相似性。

利用 SSR 数据对 30 个品种聚类。品种相似系数矩阵与类平均法 (UPGMA) 聚类树表型相关系数矩阵的相关系数为 0.8042, 达极显著水平。聚类将品种分为欧洲甜樱桃和中国樱桃两大类。SSR 分子标记的聚类结果与品种的地理分布具有一定相关性 (图 2)。

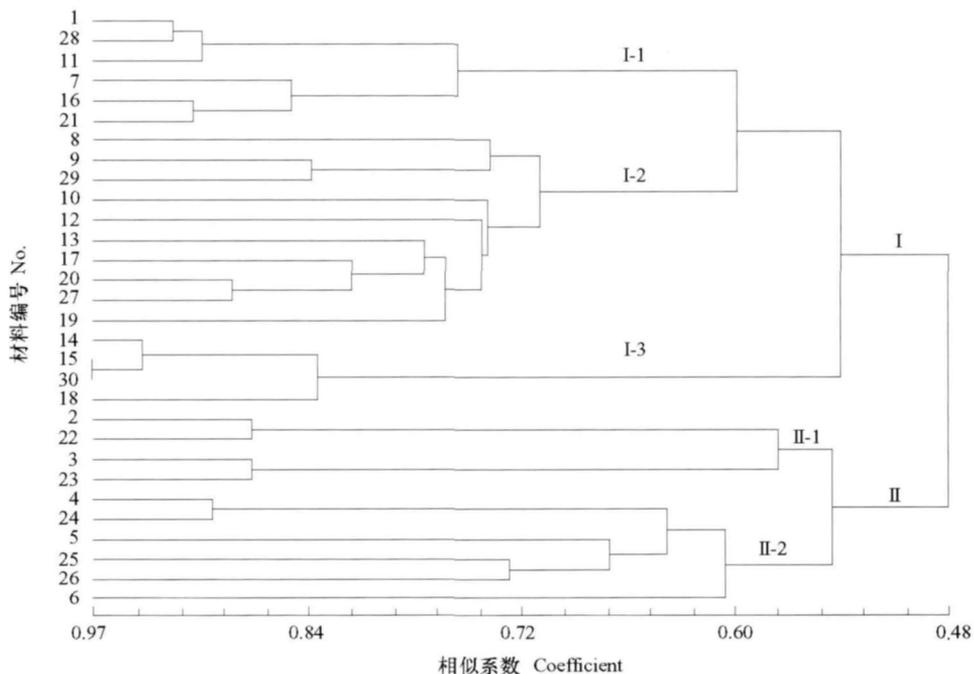


图 2 30份材料 SSR数据聚类图

1~30. 不同材料编号, 详见表 1。

Fig. 2 Dendrogram of cluster analysis based on SSR data of 30 cultivars

1 - 30. The number of materials, see the Table 1.

第 类大多为欧洲地区的品种，包括 20 个品种，加拿大 6 个，美国 5 个，乌克兰 4 个，法国 2 个，日、英、德各 1 个；第 类为中国泰安、烟台、大连地区的品种，包括 10 个品种，辽宁大连 4 个，山东泰安 3 个、烟台 2 个、莱阳 1 个。

第 类，可划分为 3 个亚类。 - 1 亚类，包括萨米脱、先锋、艳阳、Star 拉宾斯和甜心，共 6 个品种，全部为加拿大的品种； - 2 亚类，包括日本的左藤锦，法国的意大利早红，英国的寇尔特，美国的塔顿、犹它巨果、抉择、布鲁克斯、养老，德国的那翁，法国的伯兰特，共 10 个品种； - 3 亚类，包括抉择、早红宝石、宇宙和友谊，共 4 个品种，全部为乌克兰品种。

第 类，可划分为 2 个亚类。 - 1 亚类，全部辽宁大连地区的品种，包括红艳、红蜜、红灯和 8-106，共 4 个品种； - 2 亚类全部为山东的品种，包括泰安的前寨黄、前寨红和岱红，莱阳的莱阳短枝和烟台的红丰、长把红，共 6 个品种。可见，分子标记数据在一定程度上反映了品种的地理分布特点。

### 3 讨论

从分子水平来说，遗传距离的变幅越大，说明其遗传分化越大；遗传多样性高，表明遗传背景的复杂及该物种存在历史的长远。

从本研究的结果来看，来源不同的 30 个品种的遗传多样性 Shannon-weaver 指数高达 2.9964，Simpson 指数高达 0.9326，品种间的相似系数最大的为 0.9512，最小的为 0.3425，表明樱桃在遗传进化过程中，随着时空的变化，其基因组 DNA 发生变异，从而构成了丰富的樱桃品种资源基因库，这与樱桃栽培历史悠久，种植范围辽阔有关。

本研究利用 24 对 SSR 引物分析 30 个主栽樱桃品种资源的遗传多样性，根据聚类结果在一定程度上反映了品种的地理分布情况，说明地理因素对品种有很大影响。但是，也有少部分来自不同地区甚至地理距离很远的品种遗传距离表现非常相近，这可能与品种具有相似的环境条件和相近的人工选择标准有关。

前人利用同工酶、RAPD、AFLP、RFLP 等技术，分析樱桃品种，表明分子标记在一定程度上，能够反映品种的地理分布特点 (Granger et al, 1993; 蔡宇良 等, 2006)。利用 RAPD、AFLP 技术对欧洲甜樱桃品种进行遗传多样性分析，发现该品种群具有较高的遗传多样性 (Gerlach & Stösser, 1997; Struss et al, 2001)，这些地区共有的特点就是栽培历史悠久，樱桃生产量大，品种资源丰富，过去长期采用实生繁殖，群体庞大，单株性状纷杂多样 (Granger et al, 1993)；其次，品种类型变异较大，该品种群中大量为实生单株人工选优产物，归根结底是性状各异的天然杂种，还有极少数人工杂种 (Christensen, 1986) 造成了其遗传多样性。

本研究发现中国樱桃的遗传多样性更为丰富，中国樱桃的遗传相似系数普遍低于欧洲甜樱桃，中国樱桃的相似系数为 0.5224~0.7116，而欧洲甜樱桃的相似系数为 0.5887~0.8654，这说明了中国樱桃品种间的遗传相似性都很小。

寇尔特为中国樱桃和甜樱桃的种间杂交种，首先和中国樱桃聚在一起，然后再和欧洲甜樱桃聚在一起，说明寇尔特的遗传基因分别来自双亲，与前人对樱桃的研究结果 (Granger et al, 1993) 相一致，也进一步说明了中国樱桃与欧洲甜樱桃具有较密切的亲缘关系 (蔡宇良 等, 2006)。红灯 (那翁 × 黄玉) 和岱红 (大紫 ×?) 的亲本来自欧洲甜樱桃，在本研究结果中，红灯和岱红与中国樱桃聚为一类，并且遗传距离也有较大的差异，但相似系数较大，可能是遗传漂变对基因频率产生了较大的影响，因而由基因频率所得的遗传距离仍有可能产生偏差。

本研究根据 SSR 分子数据分析，聚类结果与地理来源也具有一定相关性。地理来源相近的材料聚为一类，如前寨黄 (山东泰安)、前寨红 (山东泰安)、红丰 (山东烟台)、岱红 (山东泰安)、莱

阳短枝 (山东莱阳) 和长把红 (山东烟台)。这进一步证实 SSR 分子标记在一定程度上, 能够揭示材料的地理分布情况。但是, 也有地理分布较远的材料聚在一起, 如英国的寇尔特和法国的意大利早红聚在一起。因而应在多个水平, 借助多种研究手段, 对材料进行综合评价, 才能更为准确地评价品种资源, 从而为樱桃品种鉴定、选配杂交组合、配置授粉树及遗传育种提供更多的信息。

## References

- Ai Cheng-xiang, Liu Qing-zhong 2006. Rapid isolation of sweet cherry DNA. *Deciduous Fruits*, (2): 4 - 5. (in Chinese)  
艾呈祥, 刘庆忠. 2006. 甜樱桃 DNA 的快速提取法. *落叶果树*, (2): 4 - 5.
- Ai Cheng-xiang, Yu Xian-mei, Zhang Li-si, Wei Hai-rong, Xin Li, Yuan Ke-jun, Jin Song-nan, Sun Qing-rong, Liu Qing-zhong 2007. Development of SSR markers in sweet cherry using selectively amplified microsatellite. *Acta Horticulturae Sinica*, 34 (2): 311 - 316.  
艾呈祥, 余贤美, 张力思, 魏海荣, 辛力, 苑克俊, 金松南, 孙清荣, 刘庆忠. 2007. 甜樱桃 SSR 标记的选择性扩增微卫星 (SAM) 法筛选. *园艺学报*, 34 (2): 311 - 316. (in English)
- Cai Yu-liang, Li Shan, Cao Dong-wei, Qian Zeng-qiang, Zhao Gui-fang, Han Ming-yu 2006. Use of amplified DNA sequences for the genetic analysis of the cherry germplasm. *Acta Horticulturae Sinica*, 33 (2): 249 - 254. (in Chinese)  
蔡宇良, 李珊, 曹东伟, 钱增强, 赵桂仿, 韩明玉. 2006. 利用 DNA 扩增片段序列对樱桃种质资源的遗传分析. *园艺学报*, 33 (2): 249 - 254.
- Chen Xiao-liu, Chen Xue-sen, Shu Huai-rui, Xu Heng 2004. RAPD analysis of 15 cherry cultivars. *Journal of Fruit Science*, 21 (6): 556 - 559. (in Chinese)  
陈晓流, 陈学森, 束怀瑞, 许衡. 2004. 15个樱桃品种的 RAPD 分析. *果树学报*, 21 (6): 556 - 559.
- Christensen J V. 1986. Evaluation of characteristics of 18 sour cherry cultivar. *Tidsskrift for Plantavl*, 90 (4): 339 - 347.
- Dirlwanger E, Cosson P, Tavaud M, Aranzana M J, Poizat C, Zanetto A, Anus P, Laigret F. 2002. Development of microsatellite markers in peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theor Appl Genet*, 105: 127 - 138.
- Gerlach H K, Stosser R. 1997. Patterns of random amplified polymorphic DNAs for sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivar identification. *Angew. Bot*, 71: 212 - 218.
- Granger A R, Ciarke G R, Jackson J F. 1993. Sweet cherry cultivar identification by leaf isoenzyme polymorphism. *Theor Appl Genet*, 86 (4): 458 - 464.
- Kong Xu 1987. *Fruit Science Pomological of China*. Beijing: China Agricultural Press: 558 - 559. (in Chinese)  
孔旭. 1987. *中国果树栽培学*. 北京: 农业出版社: 558 - 559.
- Nei M, Li W H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceeding of the National Academy of Science of USA*, 76: 5269 - 5273.
- Struss D, Boritzki M, Glözer K. 2001. Detection of genetic diversity among populations of sweet cherry (*Prunus avium* L.) by AFLPs. *Hort Sci Bi*, 76 (3): 362 - 367.
- Wang Cai-hong, Tian Yi-ke, Zhao Jing, Dai Hong-yi, Wang Dong 2005. RAPD analysis of the genetic differences among several cherry varieties. *Acta Bot Boreal Occident Sin*, 25 (12): 2431 - 2435. (in Chinese)  
王彩虹, 田义轲, 赵静, 戴洪义, 王东. 2005. 樱桃品种资源间遗传差异的 RAPD 分析. *西北植物学报*, 25 (12): 2431 - 2435.
- Wunsch A, Homaza J I. 2002. Molecular characterization of sweet cherry (*Prunus avium* L.) genotypes using peach [*Prunus persica* (L.) Batsch] SSR sequences. *Heredity*, 89: 56 - 63.
- Yu Ya-jun, Dai Han-ping, Li Bao-jiang, Chen Li-jun. 2003. Status of cherry breeding in the world. *Journal of Fruit Science*, 20 (2): 135 - 139. (in Chinese)  
于亚军, 代汉萍, 李宝江, 陈丽君. 2003. 世界樱桃育种进展. *果树学报*, 20 (2): 135 - 139.