

辣椒属 5个栽培种部分种质亲缘关系的 RAPD 分析

陈学军^{1,2} 陈劲枫^{1*} 耿红¹ 娄群峰¹

(¹南京农业大学园艺学院, 作物遗传与种质创新国家重点实验室, 江苏南京 210095; ²江西省农业科学院蔬菜花卉研究所, 江西南昌 330200)

摘要: 采用 31 个 10 bp 随机 RAPD 引物对辣椒属 (*Capsicum*) 5 个栽培种 31 份材料进行 PCR 扩增, 共扩增出 276 条带, 其中多态性带 244 条, 占 88.41%。*C. annuum* 多态性位点比例 (PPB) 和 Shannon 多样性指数 (D) 分别为 32.97% 和 0.1599, 表明其遗传多态性较低。31 份材料两两不同种质间 Jaccard 相似系数在 0.349~0.952 之间, 平均为 0.729。聚类分析结果显示: *C. annuum* 与其它 4 个栽培种的亲缘关系由近至远分别是 *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens* 和 *C. baccatum*。对 *C. annuum* 24 份不同类型材料聚类分析的结果与形态分类不能完全对应, 说明我国现行主要基于果实形态的变种分类体系不能准确反映 *C. annuum* 种质的遗传差异。本研究还发现中国云南西双版纳 *C. frutescens* 种质与美洲 *C. frutescens* 种质具有较大的扩增片段差异, 为进一步考证我国云南西双版纳地区也是辣椒起源地之一提供了新的证据。

关键词: 辣椒属; 遗传差异; RAPD; 聚类分析

中图分类号: S 641.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2006) 04-0751-06

RAPD Analysis of Phenogenic Relationship in Five Cultivated *Capsicum* Species

Chen Xuejun^{1,2}, Chen Jinfeng^{1*}, Geng Hong¹, and Lou Qunfeng¹

(¹National Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Department of Horticulture, Nanjing Agricultural University, Nanjing, Jiangsu 210095, China; ²Vegetable and Flower Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang, Jiangxi 330200, China)

Abstract: RAPD analysis was conducted in 31 accessions from 5 cultivated species in *Capsicum*. Thirty-one primers generated 276 scorable RAPD bands of which 244 were polymorphic. The percentage of polymorphic loci (PPB) and Shannon's information index (D) in *C. annuum* were 32.97% and 0.1599 respectively, indicating the genetic diversity within *C. annuum* was low. Jaccard's similarity between pairs of accessions ranged from 0.349 to 0.952 with a mean of 0.729. The results from cluster analysis showed that the genetic distances of *C. annuum* with other four species beginning with nearer were *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens* and *C. baccatum*. The cluster formed by the 24 accessions of *C. annuum* did not fully correspond to the current morphologic classification, suggesting that the genetic differences among those accessions of *C. annuum* could not be precisely reflected by the current taxonomic system. Great diversity of amplification bands was observed between *C. baccatum* accession from Xishuangbanna, China and that from America, which provided us with new evidence to the argument that if the Xishuangbanna area in China was also a place for pepper origin.

Key words: *Capsicum*; Genetic diversity; RAPD marker; Cluster analysis

根据形态学和细胞学研究结果, 已确定辣椒属有 5 个种被人工驯化栽培^[1], 即 *Capsicum annuum*、*C. frutescens*、*C. chinense*、*C. baccatum* 和 *C. pubescens*, 其中 *C. annuum* 是世界上栽培最广泛、类型最丰富的种, 包括长椒 (var. *longum*)、灯笼椒 (var. *grossum*)、圆锥椒 (var. *conoides*)、樱桃椒 (var. *cerasiforme*) 和簇生椒 (var. *fasciculatum*) 5 个变种, 我国现有栽培辣椒品种绝大多数都属于这

收稿日期: 2005-10-08; 修回日期: 2006-02-27

基金项目: 国家高技术研究发展计划专项经费项目 (2004AA241120); 作物遗传与种质创新国家重点实验室开放课题资助项目

* 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: jfchen@njau.edu.cn)

5个变种^[2,3]。*C. frutescens*仅在云南西双版纳地区和四川西南地区有少量栽培^[4,5],其它3个种则主要分布于南美洲,在我国尚无栽培报道。迄今在世界范围内,辣椒育种主要在*C. annuum*这个栽培种上展开^[1],但其遗传基础较为狭窄^[6],制约了辣椒育种的进展。国外一些学者开展了辣椒属种间及种内遗传差异分析^[7-10]。国内相关研究则集中于*C. annuum*^[11-14],但关于其不同类型的品种、品系与其它栽培种的遗传差异,以及我国云南西双版纳*C. frutescens*种质与美洲*C. frutescens*种质的亲缘关系,目前尚缺乏研究。此外,由于研究方法、材料等的不同,对辣椒的起源、分类尚有歧见^[4]。因此,本研究基于RAPD技术,选用辣椒属5个栽培种的31份不同类型材料进行亲缘关系分析,探讨种间及*C. annuum*种内遗传变异,为辣椒的起源、分类和辣椒种质资源的利用提供参考。

1 材料与方法

材料编号、名称、来源及种类列于表1。

表1 辣椒属5个栽培种31份种质

Table 1 The 31 accessions from 5 cultivated species in *Capsicum*

种质号 Code	材料名称 Accession	来源 Origin	种类 Species
1	P592807	美国 USA*	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
2	PB71867	美国 USA*	<i>C. annuum</i> . var <i>conoides</i> Irish
3	P142	中国江西 Jiangxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
4	湘潭晚椒 Xiangtan Wan jiao	中国湖南 Hunan, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
5	黄皮尖椒 Huangpi Jianjiao	中国辽宁 Liaoning, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
6	广丰牛角椒 Guangfeng Niu jiao jiao	中国江西 Jiangxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
7	吉林长椒 Jilin Changjiao	中国吉林 Jilin, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
8	B ₉₄₃₁	中国江西 Jiangxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
9	鸡爪椒 Jizhuajiao	中国浙江 Zhejiang, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
10	C3-2	中国江西 Jiangxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
11	A-1	中国江西 Jiangxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
12	本地椒 Bendijiao	中国江西 Jiangxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
13	CD	中国甘肃 Gansu, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
14	猪大肠 Zhudachang	中国甘肃 Gansu, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
15	YN01	中国云南 Yunnan, China	<i>C. frutescens</i>
16	朝天椒 Chaotianjiao	中国湖南 Hunan, China	<i>C. annuum</i> . var <i>conoides</i> Irish
17	朝天椒 A Chaotianjiao A	中国江西 Jiangxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>conoides</i> Irish
18	二金条 Erjintiao	中国四川 Sichuan, China	<i>C. annuum</i> . var <i>longum</i> Sent
19	8819线椒 8819 Xianjiao	中国陕西 Shaanxi, China	<i>C. annuum</i> . var <i>fasciculatum</i> Sturt
20	指天椒 Zhitianjiao	中国广东 Guangdong, China	<i>C. annuum</i> . var <i>conoides</i> Irish
21	P439526	美国 USA*	<i>C. frutescens</i>
22	PT439527	美国 USA*	<i>C. frutescens</i>
23	P593613	美国 USA*	<i>C. frutescens</i>
24	Grif1614	墨西哥 Mexico*	<i>C. pubescens</i>
25	P241679	智利 Chile*	<i>C. baccatum</i>
26	P267740	美国 USA*	<i>C. annuum</i> . var <i>conoides</i> Irish
27	P592815	美国 USA*	<i>C. annuum</i> . var <i>cerasiform</i> Irish
28	PB71870	美国 USA*	<i>C. annuum</i> . var <i>grossum</i> Sent
29	P592808	美国 USA*	<i>C. annuum</i> . var <i>grossum</i> Sent
30	哈椒 1号 Hajiao 1	中国黑龙江 Heilongjiang, China	<i>C. annuum</i> . var <i>grossum</i> Sent
31	P439487	美国 USA*	<i>C. chinense</i>

注: *由美国国家种质资源实验室提供。其余均由江西省农业科学院蔬菜花卉研究所提供。

Note: * Provided by national gemplasm resources laboratory (NGRL), USA, and others provided by vegetable and flower institute, Jiangxi academy of agricultural sciences

2004年8月6日大棚播种育苗,9月10日定植。RAPD试验于2004年10~12月在南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室进行。在生长盛期采摘无病虫害辣椒嫩叶,采用CTAB法^[16]提取DNA。Taq DNA聚合酶、缓冲液、dNTP、RAPD随机引物等均购自上海Sangon公司。以形态差异较大的两个供试材料DNA为模板,从53个引物中筛选出扩增条带清晰、重复性高的引物31个进行RAPD分析(表2)。PCR总反应体系20.0 μL,其中10×B₁uffer溶液2.0 μL; 25 mmol/L的MgCl₂溶液2.0 μL; 2 mmol/L的dNTPs溶液2.0 μL; 8 mmol/L的10 bp随机引物1.0 μL; 20~40 ng模板

DNA 1.0 μ L; 1.0 U Taq DNA 聚合酶。PCR 反应于 PTC - 100 热循环仪上进行, 94 预变性 4 min, 94 变性 30 s, 35 复性 30 s, 72 延伸 1 min, 40 个循环; 最后 72 延伸 7 min。PCR 产物在 1.5% 琼脂糖凝胶上电泳分离 2.5 h, 电压为 5 V/cm, 0.5 μ g/L 的溴化乙锭染色, 302 nm 透射紫外灯检测扩增结果, Olympus C-740 数码相机拍照。

表 2 RAPD 引物表

Table 2 List of the RAPD primers

引物 Primers	序列 Sequence	引物 Primers	序列 Sequence	引物 Primers	序列 Sequence
AA-02	GAGACCA GAC	A I-02	AGCCGTTCAG	BG-19	GGTCTCGCTC
AA-09	AGATGGGCAG	B-13	TTCCCCCGCT	BH-05	GTAAGTICGA
AA-16	GGAACCCACA	BA-01	TTCCCCACCC	BH-10	GTGTGCCTGG
AA-18	TGGTCCA GCC	BA-07	GGGTCGCA TC	G-09	CTGACGTACAC
AG-06	GGTGGCCAA G	BA-09	GGAAC TCCAC	G-11	TGCCCCGTCGT
AG-10	ACTGCCCGAC	BA-16	CCACGCA TCA	K-06	CACCTTTCCTC
AM-01	TCACGTACGG	BB-05	GGGCCGAACA	Q-01	GGGACGATGG
AM-07	AACCGCGGCA	BB-18	CAACCGGTCT	Q-06	GAGCGCCTTG
AM-17	GCTAACGTCC	BD-05	GTGCGGTGAG	P-10	TCCCGCCTAC
AM-20	ACCAACCAAG	BD-09	CCACGGTCA G	Z-19	TGGCAAGGCA
AJ-11	GAACGCTGCC				

PCR 试验重复 2 次进行, 将电泳图谱上清晰且可重复出现的条带记为 “1”, 同一位置没有条带记为 “0”, 获得数据矩阵。利用 Popgene v1.31 软件计算 RAPD 扩增产物的多态性位点数和比率, 每位点等位基因数和有效等位基因数及 Shannon 多样性指数。遗传相似系数和聚类分析应用 Ntsys v2.1 软件进行, 采用 Jaccard 相似系数, 用 UPGMA 方法聚类, 得到亲缘关系树状图。

2 结果与分析

2.1 RAPD 扩增结果

2.1.1 引物的多态性 31 个引物共在 276 个位点获得扩增片段, 平均每个引物扩增片段 8.90 条, 扩增片段最多的引物是 G-11, 为 16 条, 最少是引物 AA-16、G-09 和 AG-10, 均只有 4 条。多态性带共 244 条 (88.41%), 平均每个引物产生 7.87 条。扩增片段的分子量在 200 ~ 2 500 bp 之间。

2.1.2 不同种质的特异扩增片段 31 份种质材料共获得 4 412 条扩增带, 条带最多的是 31, 有 149 条; 最少的为种质 27, 有 132 条; 平均每份种质有扩增带 142.32 条。供试材料共产生特异扩增片段 71 条, 占多态性带的 29.10%。总体而言, 种质 25 (*C. baccatum*) 及种质 24 (*C. pubescens*) 与其它栽培种的扩增带型有较大差异, 特异带多 (图 1), 分别有 25 条和 21 条, 占多态性带的比例分别为

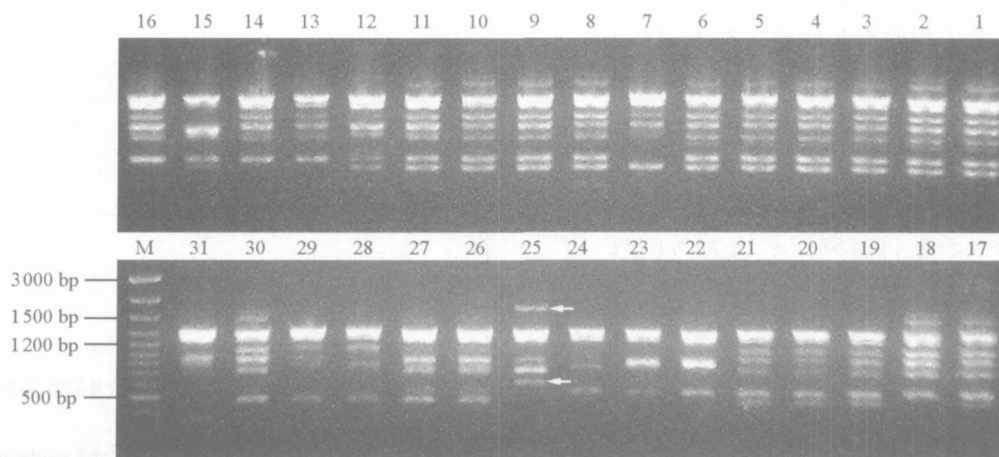


图 1 引物 A I-02 的 RAPD 扩增结果

1 ~ 31 为种质编号, 详见表 1; 箭头所指为特异片段; M 为 DNA marker。

Fig. 1 The RAPD amplified profile using the primer A I-02

1 - 31 are the numbers of materials listed in Table 1; The arrow marks specific bands; M is the DNA marker

10.25%和 8.61%；它们的特异缺失带也最多，分别有 10条和 7条。

特异带较多的种质还有 31 (*C. chinense*) 和 15 (*C. frutescens*)，它们的特异带各有 9条和 7条，特异缺失带分别有 1条和 2条 (图 2)。扩增片段 AM-07 0.56 kb和 Q-06 1.3 kb为 *C. annuum* 所特有，这两条特异带可以将 24份 *C. annuum* 种质与其它 4个栽培种区分开来。美洲 *C. frutescens* 种质 21、22和 23，有 5条特异带和 1条特异缺失带。

2.2 遗传多样性分析

从表 3看到，*C. annuum* 多态性位点比率为 32.97%，Shannon多样性指数为 0.1599，每位点有效等位基因为 1.1838，均明显低于其它栽培种的 7个材料及全部 31个材料的对应值。这说明 *C. annuum* 种内遗传变异小于辣椒属种间遗传变异。

表 3 辣椒属栽培种遗传多样性的比较

Table 3 Genetic diversity for cultivated species in Capsicum based on RAPD

组群	总位点数	多态性位点数	多态性位点比率	Shannon多样性指数 I	每位点等位基因数 Na	每位点有效等位基因数 Ne
Groups	Total number of loci	Number of polymorphic loci	PPB (%)	Index I		
C-1	276	91	32.97	0.1599	1.3162	1.1838
C-2	276	226	81.88	0.4051	1.8361	1.4524
C-3	276	244	88.41	0.3255	1.8896	1.3385

注：C-1指参试的 24个 *C. annuum* 材料；C-2为其他 7个材料；C-3指所有供试的 31个材料。

Note: C-1: 24 accessions in *C. annuum*; C-2: Other 7 accessions; C-3: All the 31 accessions in this study.

2.3 遗传相似性与亲缘关系

2.3.1 遗传相似性评价 以 31份辣椒材料和 276个位点的谱带数据为原始矩阵，共获得 465个两两不同种质间的遗传相似系数，相似系数最大者为 0.952 (种质 3与 4)，最小者为 0.349 (种质 25与 31)，平均为 0.729。有 87.10%的相似系数大于 0.500。在 5个栽培种中，*C. annuum* 分别与 *C. frutescens*、*C. chinense*以及 *C. frutescens* 与 *C. chinense*遗传相似系数较高，都大于 0.500；*C. annuum* 分别与 *C. pubescens*、*C. baccatum* 以及与其它种间相似系数则都低于 0.500。

C. annuum 材料之间遗传相似系数变化范围为 0.727~0.952，平均为 0.858。*C. frutescens* 种内相似系数为 0.585~0.858，平均为 0.699；其中，美洲 *C. frutescens* 种质 21、22、23平均相似系数为 0.792，与中国西双版纳 *C. frutescens* 种质 15的平均相似系数为 0.607，可见，15与 21、22、23亲缘关系较远。

2.3.2 聚类分析 以 0.495的相似系数为阈值，所有供试材料被分为 4大组群，即 *C. annuum* + *C. chinense*组、*C. frutescens*组、*C. pubescens*组和

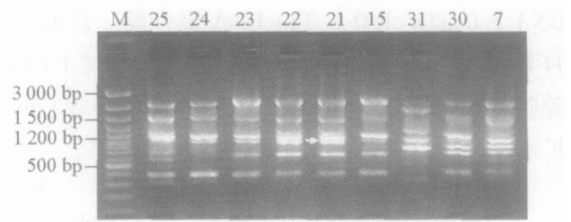


图 2 部分种质 RAPD 扩增片段的比较

7、30.....25为种质编号；引物为 BH-10；箭头所指为种质 15的特异缺失片段。

Fig. 2 Comparison of polymorphic bands of some accessions using the primer BH-10

7, 30.....25 are the numbers of materials listed in Table 1, RAPD primer is BH-10, The arrow marked specific missing bands of accession 15.

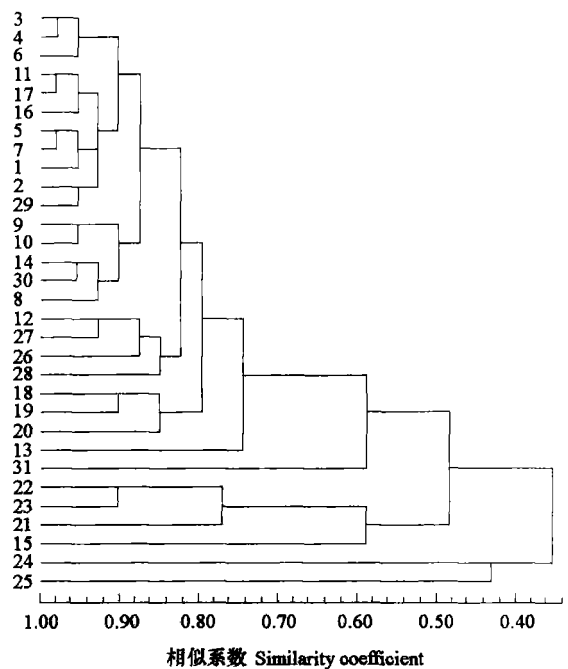


图 3 辣椒属 5个栽培种 31个供试材料的 RAPD 聚类图

1~31为种质号，详见表 1。

Fig. 3 Cluster analysis of 31 accessions of 5 cultivated Capsicum species based on RAPD data

1 - 31 are the numbers of materials listed in Table 1.

C. baccatum 组。在 *C. annuum* + *C. chinense* 组中, 包含所有的 *C. annuum* 材料和 *C. chinense* 种质 31, 种质 15、21、22 和 23 则构成 *C. frutescens* 组, 种质 24 和 25 分别聚为 *C. pubescens* 组和 *C. baccatum* 组。以相似系数 0.586 为阈值, 则可分成 6 大组群, 种质 31 和 15 均单独聚为 1 类 (图 3)。

所有 *C. annuum* 材料在相似系数 0.727 处聚为 1 类, 并与其它 4 个栽培种远远分开。在 0.808 的相似系数处, *C. annuum* 进一步分为 5 个亚组, 第 1 亚组种质比较广泛, 包括长椒种质 3、4、6、11、8、14、5、7、1、9、10, 灯笼椒种质 29、30, 圆锥椒种质 2、16、17。第 2 亚组多为美洲种质, 12 为干鲜两用的长椒品种, 26 为紫色朝天椒, 27 为樱桃椒, 28 为果顶直立向上的甜椒。第 3 亚组 18 和 19, 为两个干椒材料。第 4 亚组只有广东的 1 份种质 20, 为观赏椒, 果实圆锥形, 果顶朝上。第 5 亚组为来自甘肃的种质 13, 该材料果实扭曲, 果面皱缩不平, 辣味强。

3 讨论

有研究表明, 当调查的 RAPD 位点数达到或超过 70 时, 即能获得比较稳定可靠的遗传差异信息^[15]。本试验扩增反应条件和体系相对固定一致, 因此结果的稳定性较好, 类似的报道还有很多^[16, 17]。本研究扩增片段的多态性比例高达 88.41%, 材料间遗传相似系数变幅较大, 从 0.349 ~ 0.952, 这说明在长期的进化过程中, 辣椒属 5 个栽培种在 DNA 分子水平上形成并保持了较高的遗传变异。

聚类分析结果表明, *C. annuum* 与 *C. chinense* 亲缘关系最近, 其次是 *C. frutescens*, 而与 *C. pubescens*、*C. baccatum* 亲缘关系较远, 这与前人基于形态学和细胞学的研究结果一致^[18, 19]。*C. annuum*、*C. chinense* 和 *C. frutescens* 三者为 *C. annuum* 复合体成员, 具有共同的祖先基因池, 彼此杂交能产生部分可育的种子^[19, 20]。研究发现, *C. pubescens*、*C. baccatum* 具有较多的特异带和特异缺失带, 形态上亦有明显特点, *C. pubescens* 叶面多毛, 花冠紫色, 种子黑色, 而 *C. baccatum* 花冠具有独特的黄色圆斑, 萼齿突出, 果柄较长。两者之间及与其它栽培种之间存在杂交不亲和或单向不亲和现象^[1, 20], 这可能是它们能保持较大种质差异的主要原因。

在 *C. annuum* 中, 种质间遗传相似系数较高, 从 0.727 ~ 0.952, 多态性位点比例 (PPB) 仅为 32.97%, Shannon 多样性指数 (D) 也明显低于 5 个栽培种的总均值, 因此, *C. annuum* 种内遗传多样性要低于辣椒属栽培种种间遗传多样性, 这与前人的研究结果一致^[1, 6, 8]。种质 6、9、14 和 18 等是我国有名的辣椒地方品种, 聚类分析显示, 这些种质与美国 *C. annuum* 种质仍有较高的遗传相似系数。本研究供试的 24 份 *C. annuum* 材料, 分属于 *C. annuum* 5 个变种, 虽然一部分形态和生物学性状类似的种质首先聚在了一起, 但基于本研究的 RAPD 聚类分析, 并没有形成与其形态分类相对应的聚类, 如第 1 亚组既有长椒种质, 也有灯笼椒和圆锥椒种质; 第 2 亚组种质 28 与第 1 亚组种质 29、30 均属灯笼椒变种, 但 28 却与 12 (长椒)、26 (圆锥椒)、27 (樱桃椒) 聚为 1 类。其他研究者用不同的试材也得到与本试验相类似的结果^[7, 8, 11, 12], 但也有少数研究者其 RAPD 聚类分析与形态分类比较吻合^[14], 这可能与试材来源单一有关。因此, 总体来看, 我国现行蔬菜学教科书采用的主要基于果实形态的 *C. annuum* 变种分类体系并不能准确反映 *C. annuum* 种质的遗传差异。

以相似系数 0.586 为阈值, 我国云南西双版纳种质 15 被单独聚为 1 组。该种质与美洲种质 21、22、23 在形态分类上均属 *C. frutescens*, 但却具有美洲 *C. frutescens* 种质所没有的特异带或特异缺失带。我国云南西双版纳地区的气候条件和生态环境与中、南美洲类似, 因此该地区也可能是辣椒起源地之一; 由于种质起源的不同以及地理的隔离, 才导致两地 *C. frutescens* 种质有较大的扩增片段差异。本研究结果为进一步考证辣椒的起源与演化提供了分子试验证据。

参考文献:

- 1 Pickersgill B. Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. Euphytica, 1997, 96: 129 ~ 133

- 2 李曙轩. 蔬菜栽培学各论. 北京: 中国农业出版社, 1986. 227 ~ 230
Li S X. Vegetable cultivation. Beijing: China Agricultural Press, 1986. 227 ~ 230 (in Chinese)
- 3 中国农业科学院蔬菜花卉研究所. 中国蔬菜栽培学. 北京: 中国农业出版社, 1987. 649 ~ 652
Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Science. The Chinese vegetable cultivation. Beijing: China Agricultural Press, 1987. 649 ~ 652 (in Chinese)
- 4 庄灿然, 吕金殿, 梁耀琦. 中国干制辣椒. 北京: 中国农业科技出版社, 1995. 13 ~ 24
Zhuang C R, L ū J D, Liang Y Q. Chinese chilli. Beijing: China Agricultural Scientific and Technical Press, 1995. 13 ~ 24 (in Chinese)
- 5 滕有德, 徐向上, 陈学群. 川西南辣椒种质资源. 中国蔬菜, 1997 (3): 29 ~ 32
Teng Y D, Xu X S, Chen X Q. Pepper germplasm resources in southwest Sichuan. China Vegetables, 1997 (3): 29 ~ 32 (in Chinese)
- 6 Prince J P, Lackney V K, Angeles C, Blauth J R, Kyle M M. A survey of DNA polymorphism within the genus *Capsicum* and the fingerprinting of pepper cultivars. Genome, 1995, 38: 224 ~ 231
- 7 Paran I, Aftergoot E, Shifris C. Variation in *Capsicum annuum* revealed by RAPD and AFLP markers. Euphytica, 1998, 99: 167 ~ 174
- 8 Rodriguez J M, Berke T, Engle L, Nienhuis J. Variation among and within *Capsicum* species revealed by RAPD markers. Theor Appl Genet, 1999, 99: 147 ~ 156
- 9 Lefebvre V, Goffinet B, Chauvet J C, Caromel B, Signoret P, Brand R, Palloix A. Evaluation of genetic distances between pepper inbred lines for cultivar protection purposes: comparison of AFLP, RAPD and phenotypic data. Theor Appl Genet, 2001, 102: 741 ~ 750
- 10 Sergio L, Alberto A, Luciana Q, Ezio P. RAPD and AFLP assessment of genetic variation in a landrace of pepper (*Capsicum annuum* L.) grown in north-west Italy. Genetic Resources and Crop Evolution, 2003, 50: 723 ~ 735
- 11 张璐, 杨若林, 刘文轩, 邓志瑞, 陈沁. 辣椒部分栽培种遗传相似性的 RAPD 分析. 上海大学学报 (自然科学版), 2003, 9 (5): 433 ~ 437
Zhang L, Yang R L, Liu W X, Deng Z R, Chen Q. Genetic similarities among some cultivars of *Capsicum annuum* L. revealed by RAPD. Journal of Shanghai University (Natural Science), 2003, 9 (5): 433 ~ 437 (in Chinese)
- 12 马艳青, 刘志敏, 邹学校. 辣椒种质资源的 RAPD 分析. 湖南农业大学学报 (自然科学版), 2003, 29 (2): 120 ~ 123
Ma Y Q, Liu Z M, Zou X X. A RAPD analysis of pepper germplasm resources. Journal of Hunan Agricultural University (Natural Science), 2003, 29 (2): 120 ~ 123 (in Chinese)
- 13 孙凌云, 盖树鹏, 樊治成, 孟祥栋. 辣(甜)椒种质资源的 RAPD 分析. 西北植物学报, 2005, 25 (50): 870 ~ 875
Sun L Y, Gai S P, Fan Z C, Meng X D. RAPD analysis of chilli (pimiento) (*Capsicum annuum*) germplasm. Acta Bot Boreali-Occidentalia Sinica, 2005, 25 (50): 870 ~ 875 (in Chinese)
- 14 庄飞云, 陈劲枫. 黄瓜栽培种、近缘野生种、种间杂种及其回交后代的 RAPD 分析. 园艺学报, 2003, 30 (1): 47 ~ 50
Zhuang F Y, Chen J F. RAPD analysis of cultivated cucumber, wild *Cucumis* species, interspecific hybrid and its progenies from backcrossing. Acta Horticulturae Sinica, 2003, 30 (1): 47 ~ 50 (in Chinese)
- 15 周泽扬, 夏庆友, 鲁成, 冯丽春, 向仲怀. 分子系统学研究中分子位点数与遗传差异信息可靠性的关系. 遗传, 1998, 20 (5): 12 ~ 15
Zhou Z Y, Xia Q Y, Lu C, Feng L C, Xiang Z H. The correlation between the number of RAPD-loci and the reliability of the information on genetic variation in molecular phylogenetic studies. Hereditas, 1998, 20 (5): 12 ~ 15 (in Chinese)
- 16 周永红, 郑有良, 杨俊良, 颜济, 贾继增. 10种披碱草属植物的 RAPD 分析及其系统学意义. 植物分类学报, 1999, 37 (5): 425 ~ 432
Zhou Y H, Zheng Y L, Yang J L, Yan J, Jia J Z. Phylogenetic relationships among ten *Elymus* species based on random amplified polymorphic DNA. Acta Phytotaxonomica Sinica, 1999, 37 (5): 425 ~ 432 (in Chinese)
- 17 Rafalski J A, Morgante M, Powell W, Vogel J M, Tingey S V. Generating and using DNA markers in plant. In: Birren B, Lai E, ed. Analysis of non-mammalian genomes—a practical guide. Boca Raton: Academic Press, 1995. 75 ~ 134
- 18 Pickersgill B, Heiser C B, McNeill J. Numerical taxonomic studies on variation and domestication in some species of *Capsicum*. In: Hawkes J G, Lester R N, Skelding A D, ed. The biology and taxonomy of the Solanaceae. New York: Academic Press Inc., 1979. 679 ~ 700
- 19 Pickersgill B. Cytogenetics and evolution of *Capsicum* L. In: Tsuchiya T, Gupta P K, ed. Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution. Part B. Amsterdam: Elsevier, 1991. 139 ~ 160
- 20 Egawa Y. Cytogenetical relationships between wild and cultivated *Capsicum* peppers and their phylogenetic differentiation: [Ph. D. thesis]. Tsukuba: Department of Genetic Resources, National Institute of Agrobiological Resources, 1985. 68