

SRAP 标记在植物性状标记和遗传图谱构建中的应用研究进展

王从彦

(南通大学 生命科学学院, 江苏 南通 226019)

摘要: 由于 SRAP 标记简便、快速、不需预知物种的序列信息, 近年来已广泛应用于植物遗传多样性分析、种质鉴定、遗传连锁图谱构建、基因连锁标记、基因定位、比较基因组学研究及杂种优势预测等研究。基于此, 综述了 SRAP 分子标记在植物性状标记和遗传连锁图谱构建方面的应用进展, 以便为今后的研究提供相应的理论依据。

关键词: 遗传多样性; 遗传连锁图谱; 植物; 相关序列扩增多态性

中图分类号: Q78 **文献标志码:** A **文章编号:** 1004-3268(2012)09-0001-06

Review on Application of SRAP Marker in Plant Trait Marker and Linkage Map Construction

WANG Cong-yan

(School of Life Sciences, Nantong University, Nantong 226019, China)

Abstract: SRAP is a molecular marker technology based on PCR. In recent years, SRAP marker has been widely used in plant genetic diversity analysis, germplasm identification, linkage map construction, gene linkage marker, gene mapping, comparative genomics research, and heterosis prediction due to its advantages such as simple, fast and non-essential to know the sequence information of the species. In this paper, the research progresses of SRAP application in plant trait markers and linkage map construction were reviewed to provide the relevant theoretical basis for the further study.

Key words: genetic diversity; genetic linkage maps; plant; SRAP

相关序列扩增多态性(sequence-related amplified polymorphism, SRAP), 是一种以 PCR 技术为基础的分子标记。由于其简便、快速、不需预知物种的序列信息^[1], 近年来已用于植物遗传多样性分析、种质鉴定、遗传连锁图谱构建、基因连锁标记、基因定位、比较基因组学研究及杂种优势预测等领域。文中简要综述了 SRAP 标记在植物性状标记和遗传连锁图谱构建方面的应用进展, 以便为其相关研究提供相应的理论依据。

1 SRAP 标记在植物性状标记方面的应用研究

在植物某一性状的基因控制研究方面, 张丽

等^[2]选用抗稻瘟病水稻沈农 606 为抗病亲本, 以普感品种丽江新团黑谷为感病亲本配制杂交组合对两亲本及其 F_2 代单株进行苗期抗病鉴定, 结果表明, 抗病亲本的抗性由 1 对显性核基因控制。张弛等^[3]将黄瓜有毛野生类型 S06 (G1G1) 和无毛突变体 (g1g1) 作为亲本, 对其后代 F_1 和 F_2 进行分析, 结果表明, 黄瓜的有毛无毛性状由 1 对核基因控制, 有毛性状对无毛性状为显性。

如刘雅辉等^[4]以 Thatcher 和 23 个以 Thatcher 为遗传背景的小麦抗叶锈病近等基因系及 TcLr₁₉ 与 Thatcher 杂交的 F_2 为材料, 用 SRAP 标记对小麦抗叶锈病基因 *Lr19* 进行分析, 获得一个与小麦抗叶锈病基因连锁的、与目的基因的遗传图距为

收稿日期: 2012-04-15

作者简介: 王从彦(1982-), 男, 河南民权人, 博士, 主要从事环境微生物生态学及分子生物学等方面的相关研究。

E-mail: liuyuxue623@163.com

2.6 cM 的标记 M_{73} 。景然等^[5]以高抗和高感白粉病的黄瓜亲本及其杂交后代 F_2 分离群体为材料,从 437 对 SRAP 引物中筛选出 62 对可在 2 个亲本抗、感池间扩增出稳定多态性条带的引物,其中,引物对 Me1/Em9 扩增出的标记 (Me1/Em9-284 bp) 能与黄瓜抗白粉病基因连锁,遗传距离为 9.8 cM。邓思立等^[6]用黄瓜雌雄异花同株自交系 S_{22} 与两性花自交系 H_{34} 杂交组合的 F_2 代群体,用 SRAP 标记对单性花 M 基因进行定位,找到一个与 M 基因间距为 17.8 cM 的 SRAP 标记 ME23SA4。哈矿武等^[7]以甜瓜杂交组合 4G21 \times 3A832 的 F_1 、 F_3 家系、BCs 和 BCr 及其双亲为材料,将甜瓜蔓枯病抗源 4G21 基因 ($Sb-x$) 定位于甜瓜基因组图谱 LG1 连锁群上,与其两侧的 SRAP 标记位点 me45em42-4、me45em2-3、me45em2-4、me3em42-4 和 me3em42-3 紧密连锁,其遗传图距分别为 2 cM 和 3 cM。

在将植物的某一个连锁标记进行定位研究方面,邱青等^[8]以白菜缘枯病抗病材料山西信中籽-339 和感病材料山西信中籽-332 为亲本,构建含 111 个单株的 F_2 分离群体,用 SRAP 标记筛选到与缘枯病抗病基因连锁的标记 BMe10CO11,遗传图距为 11.4 cM。张慧等^[9]对白菜隐性细胞核雄性不育系 454AB 的恢复基因 $BrMs f3$ 进行 SRAP 标记,构建含 320 个单株的分离群体,筛选 SRAP 标记 1 128 个,筛选出与恢复基因连锁的 2 个标记 BMe10SA4 和 M52K2,与恢复基因的遗传距离分别为 4.35 cM 和 7.74 cM。李坤等^[10]以白菜感干烧边品种 A67 和抗干烧边品种 A53 配制的 141 个 F_2 代单株组成的群体为材料,双亲 DNA 构建白菜感病池和抗病池,对 104 对 SSR 引物和 320 对 SRAP 引物进行筛选,并对与干烧边性状相关的 QTL 和对应的连锁关系进行分析,获得 2 个与白菜干烧边性状相关的 QTL,并获得 3 个与这 2 个 QTL 连锁的标记,其中 A29-890 和 E6-400 标记与其最近 QTL 位点的遗传距离分别为 1.5 cM 和 7.1 cM。

在获得数量性状的位点及定位研究方面,吉家敏等^[11]用 SSR、EST-SSR 及 SRAP 标记对木薯群体进行遗传图谱构建,然后用所建遗传连锁图谱对群体的淀粉率含量、单株产量、收获指数和干物质率进行 QTL 分析,共获得 44 个 QTL 位点。张冠英等^[12]用黄瓜耐弱光品系 M22 和弱光敏感品系 M14 杂交衍生的 152 个 F_2 单株为作图群体,利用 21 个

SSR 多态性标记和 135 个 SRAP 多态性标记构建遗传图谱,结合 2008 年秋季和 2009 年春季弱光胁迫下 123 株 $F_{2,3}$ 家系 (F_2 代单株衍生为 $F_{2,3}$ 家系) 的下胚轴性状进行 QTL 定位,结果在两季共检测到 15 个控制下胚轴性状的 QTLs,贡献率为 5.5%~19.8%,分别定位在 LG1、LG2、LG4、LG6 和 LG7 连锁群上。郁有健等^[13]以紫色大白菜 BC1 回交群体的 120 个单株为材料构建大白菜的紫色与非紫色池,用 SRAP 标记筛选两池间的多态性,并对与紫色性状相关的 QTL 和对应的连锁关系进行分析,结果获得 3 个与紫色性状相关的 QTL (qp-cl-1、qp-cl-2 和 qp-cl-3),并获得 6 个与该 QTLs 连锁的标记。潘颖等^[14]以野生醋栗番茄和栽培番茄为材料,结合发芽期大规模盐胁迫筛选方法和 AB-QTL 技术进行耐盐 QTL 定位和转育研究,建立了含 280 个 BC_3S_1 单株的高代回交群体,用 26 个 CAPS 标记、66 个 SSR 标记和 39 个 SRAP 多态性标记进行耐盐性 QTL 定位。欧承刚等^[15]以高胡萝卜素自交系 P50006 和 HCM A. C. 为亲本构建的 F_2 群体为作图群体,对胡萝卜中 α -胡萝卜素、 β -胡萝卜素、总胡萝卜素和番茄红素含量进行 QTL 定位,结果显示, α -胡萝卜素、 β -胡萝卜素、总胡萝卜素和番茄红素含量的广义遗传力分别为 0.75、0.50、0.31 和 0.93,遗传图谱含 91 个 SRAP 标记,共 9 个连锁群,长 502.9 cM,标记间平均距离为 5.5 cM。汪保华等^[16]用 4 106 对 SSR 引物、384 对 AFLP 引物、2 对 RAPD 引物和 1 对 SRAP 引物以及来自 8891 的显性黄花药基因 $P1$ 作为标记,对中棉所 12 和 8891 的杂交组合湘杂棉 2 号进行分析,结果共获得 149 个多态位点,132 个位点分布于 26 个染色体/连锁群,覆盖 865.20 cM,约占棉花基因组的 18.57%,标记间平均距离 6.55 cM 的遗传图谱,并定位出 34 个 QTLs。顾慧等^[17]以甘蓝型油菜浙平 1 号 (抗倒) \times 04Pbll (易倒) F_2 共 189 株作为作图群体,获得含 24 个 SSR 标记和 137 个 SRAP 标记的遗传图谱,共 19 个连锁群,长 2 154.0 cM,标记间平均距离为 13.5 cM,并获得 3 个与 RPPP (单株抗压力) 相关的 QTLs。

在确定数量性状的主效位点研究方面,李爱贤等^[18]以 240 个高淀粉甘薯品种漯徐薯 8 号 (母本) 和低淀粉甘薯品种郑薯 20 (父本) 杂交得到的 F_1 分离单株为材料,以该群体所构建的连锁图谱为基础,以 2008 年和 2009 年所测定的淀粉含量为指标分析

了甘薯淀粉含量的 QTL,结果检测到 1 个主效位点,位于父本郑薯 20 的 Z31 连锁群上 a02b40.02ds**和 a08b37.03fs*标记之间。

2 SRAP 标记在植物遗传连锁图谱构建方面的应用研究

张丽等^[19]用超级稻品种沈农 06 和普通粳稻丽江新团黑谷为亲本杂交获得的 102 份 F₂ 单株,通过标记分析构建含 14 个连锁群、由 129 个多态性位点组成的水稻 SRAP 遗传图谱,长 1 671.5 cM,平均遗传距离为 13.0 cM。唐茜等^[20]用随机选择的 46 个甘薯高淀粉品种 BB3-26 与低淀粉品种潮薯 1 号杂交的 F₁ 代单株构成作图群体,构建含 40 个 SRAP 标记、19 个连锁群(母本 7 个连锁群,父本 12 个连锁群)的遗传图谱,长 535.1 cM,标记间平均图距为 13.37 cM,含 1 个淀粉含量的 QTL。李爱贤等^[21]以 240 个高淀粉甘薯品种漯徐薯 8 号为母本、低淀粉甘薯品种郑薯 20 为父本杂交得到的 F₁ 分离单株为作图群体,构建了 2 个亲本的 SRAP 连锁图谱,其中漯徐薯 8 号的图谱含由 473 个 SRAP 标记组成的 81 个连锁群,长 5 802.46 cM,标记间平均图距为 10.16 cM;郑薯 20 的图谱含由 328 个 SRAP 标记组成的 66 个连锁群,长 3 967.90 cM,标记间平均遗传距离为 12.02 cM。

李坤等^[22]用 SRAP 和 SSR 标记对黄瓜种子高含油量品系 Ma7 与低含油量品系 M6 杂交组合的 F₂ 群体进行检测,获得 102 个分子标记,构建含 7 个连锁群的遗传图谱,该图谱总长 764 cM,标记间平均长度 7.49 cM。程志学等^[23]以节瓜全雌系 K36 及弱雌系 G4 组配得到的 115 个 F₂ 单株为群体,用 AFLP、RAPD 和 SRAP 标记构建节瓜的遗传图谱,并定位始雌花节位性状基因,该图谱含 13 个连锁群,共 93 个 AFLP 标记、16 个 RAPD 标记、35 个 SRAP 标记,长 1 651.9 cM,标记间平均图距为 11.47 cM;并检测到 3 个控制始雌花节位的 QTL 位点。屈淑平等^[24]以大白菜高抗 TuMV-C3 株系的自交系 A52-2 和感病自交系 P9805 杂交的 F₂ 代 202 个单株,构建含 95 个 SRAP 标记的大白菜遗传图谱,长 1 151.1 cM,平均距离为 12.1 cM。耿建峰等^[25]用 SRAP、SSR、RAPD 和 ISSR 标记构建不结球白菜的遗传图谱,长 1 116.9 cM,含 14 个连锁群、186 个多态性分子标记,其中包括 114 个 SRAP 标记、33 个 SSR 标记、24 个 RAPD 标记和 15 个 ISSR 标记,每条连锁群上的标记数为 4~27,长

30.3~165.8 cM,平均图距为 3.4~11.1 cM。原玉香等^[26]以大白菜晚抽薹 DH 系 Y177-12 和早抽薹 DH 系 Y195-93 为亲本建立的 183 个 DH 系为作图群体,用 SRAP、SSR、AFLP、STS、ESTP 和 CAPS 等多种分子标记和形态标记构建含 10 个连锁群、233 个标记(包括 145 个 SRAP 标记、62 个 SSR 标记、12 个 AFLP 标记、6 个 STS 标记、4 个 ESTP 标记、3 个形态标记和 1 个 CAPS 标记)的大白菜遗传图谱。单晓政等^[27]以不结球白菜常州乌塌菜和二青杂交产生的 181 株 F₂ 代分离材料为作图群体,用 ISSR、RAPD、SSR 及 SRAP 等标记构建不结球白菜遗传图谱,该图谱含 11 个连锁群,共 139 个标记(4 个 ISSR 标记、19 个 RAPD 标记、22 个 SSR 标记和 94 个 SRAP 标记),每条连锁群上的标记数为 4~33,连锁群长度为 61~164 cM,覆盖基因组 950 cM,总平均图距为 6.8 cM。徐莹莹等^[28]以大白菜高抗软腐病的自交系 A32-2 和感病自交系 A19-2 进行杂交的 F₂ 代 225 个单株为作图群体,用 SRAP 标记构建含 10 个连锁群、103 个标记、长 1 223.6 cM 的大白菜遗传图谱,其中含 4 个抗软腐病的 QTL 位点。房超等^[29]以茄子 255-4-4 与巴-3 杂交产生的 118 个 F₂ 单株为作图群体,用 24 个 SRAP 标记位点构建含 4 个连锁群、长 381.3 cM、各标记位点间遗传距离为 19.1 cM 的茄子遗传图谱。

金梦阳等^[30]用 AFLP、SRAP、SSR 和 TRAP 标记以黄籽 GH06 为母本、黑籽 P174 为父本杂交得到的 F₆ 重组自交系 188 个株系为作图群体,构建含 20 个连锁群、300 个标记位点的甘蓝型油菜遗传图谱(LOD \geq 3.0),共 202 个 SRAP 标记、65 个 SSR 标记、23 个 AFLP 标记和 10 个 TRAP 标记,总长 1 273.7 cM,标记间平均距离为 4.25 cM,连锁群上的标记数为 4~56,长 37.1~109.2 cM,群内平均图距为 1.80~14.20 cM。易斌等^[31]通过 QTL 作图,分析了产量及相关性状的数量性状位点,以甘蓝型油菜中油 821 和保 604 的 F₁ 代小孢子培养获得的 DH 系为作图群体构建共 20 个连锁群、含 251 个分子标记(2 个 RFLP 标记、72 个 RAPD 标记、91 个 SSR 标记和 86 个 SRAP 标记)的遗传图谱,平均图距为 6.96 cM,长 1 746.5 cM。金梦阳等^[30]用 AFLP、SRAP、SSR 和 TRAP 标记以黄籽亲本 GH06 和黑籽亲本 P174 杂交得到的 F₂ 家系的 188 个株系为作图群体构建含 19 个连锁群、300 个标记位点、长 1 248.5 cM 的遗传图谱。蔡长春等^[32]用 SSR、SRAP 及 AFLP 标记,以由

2 个春性甘蓝型油菜双低品种 DH401(早花)和 Q2(迟花)的 F_1 植株通过小孢子培养所获得的 DH 群体为作图群体,构建遗传图谱,并对开花期性状进行 QTL 分析,在亲本间共检测到 263 个多态性标记(88 个 SSR 标记、101 个 SRAP 标记及 74 个 AFLP 标记),长 1 634.7 cM,标记间平均图距为 6.6 cM,标记偏分离比例达 27.4%。李媛媛等^[33]用 AFLP、SSR 和 SRAP 标记,以甘蓝型油菜自交不亲和系 SI-1300 及其恢复系 Eagle 组配得到的 184 个 F_2 单株为群体构建的遗传图谱,共 21 个连锁群,含 137 个 SRAP 标记、143 个 SSR 标记和 118 个 AFLP 标记,长 1 949.8 cM,标记间平均图距为 4.9 cM。王峰等^[34]以常规品系 04-1139 与高产多角果品系 05-1054 构建的 F_2 代群体为作图群体构建 SSR 和 SRAP 遗传图谱,含 200 个标记,共 19 个连锁群,长 1 700.23 cM,标记间平均图距为 8.50 cM,并用复合区间作图法对单株产量构成因素(单株有效角果数、每果粒数和千粒重)进行 QTL 分析,检测到 12 个 QTL。王强等^[35]以杂交组合(豫花 4 号 \times 郑 8903)的 F_2 群体为材料,构建含 223 个标记位点、22 个连锁群、长 2 129.4 cM 的花生栽培种的 SRAP 遗传图谱。

陈美霞等^[36]以半野生种 Ga42(源自加纳)和栽培种阿联红麻(源自埃及)杂交产生的 203 株 F_2 代分离群体作为作图群体,用 SRAP 和 ISSR 标记构建长 1 336.6 cM、标记平均间距为 17.82 cM 的红麻遗传图谱。高丽霞等^[37]用拟测交作图,用白姜花 \times 圆瓣姜花的 F_1 群体 87 个单株分别构建父母本的 SRAP 连锁图谱,其中 414 对引物中 92 对引物可检测到拟测交位点,在检测到的 398 个拟测交位点中,237 个来自于父本圆瓣姜花,161 个来自于母本;经 χ^2 测验及连锁分析,父本中 203 个标记进入 23 个连锁群,长 1 386.8 cM,母本中 139 个标记进入 18 个连锁群,长 917.1 cM。赵玉辉等^[38]以荔枝特迟熟品种马贵荔为母本,特早熟品种焦核三月红为父本杂交获得 F_1 群体,利用该群体的 76 个单株为作图群体连同 2 个亲本进行 RAPD、SRAP 和 AFLP 标记分析,分别构建马贵荔和焦核三月红的遗传图谱,其中马贵荔的遗传图谱共 20 个连锁群,含 238 个标记位点,长 1 096.59 cM,位点间平均间距为 4.61 cM,焦核三月红的遗传图谱共 19 个连锁群,含 239 个标记位点,长 881.36 cM,位点间平均间距为 3.69 cM。郭印山等^[39]以龙眼特优质品种凤梨朵为母本,大果型主栽品种大乌圆为父本,杂交创建了凤梨朵 \times 大乌圆 F_1 群体,从该杂种群体中随

机选用 94 个单株作为作图群体,连同 2 个亲本品种进行 RAPD、ISSR、SRAP 和 AFLP 分析,并构建凤梨朵和大乌圆的遗传图谱,其中凤梨朵的遗传图谱含 21 个连锁群,共 183 个标记位点,长 965.1 cM,位点间平均间距为 5.84 cM,大乌圆的遗传图谱含 22 个连锁群,共 251 个标记位点,长 1 064.8 cM,位点间平均间距为 4.65 cM。陈迪文等^[40]用白肋烟抗黑胫病品种 B37(Burley37)和感黑胫病品种 1367(Burley67)杂交, F_1 以花药培养技术培养获得的 87 个株系为作图群体,用 AFLP 和 SRAP 标记在群体中获得 135 个多态性标记,构建含 23 个连锁群、共 99 个标记、长 915.7 cM、标记间平均间距为 9.2 cM 的白肋烟遗传图谱。蔡长春等^[41]用 DH 群体采用 AFLP 和 SRAP 标记构建含 22 个连锁群、长 1 953.6 cM 的白肋烟遗传图谱。马红勃等^[42]用烤烟品种台烟 7 号与白肋烟品种白肋 21 杂交构建含 187 个单株的 F_2 遗传作图群体,用所筛选的 68 个 SRAP 和 ISSR 多态性引物对 F_2 作图群体进行分析,构建含 26 个连锁群、共 112 个标记(92 个 SRAP 标记和 20 个 ISSR 标记)的烟草遗传图谱,长 1 560.2 cM,平均间距为 18.1 cM。刘伟等^[43]以桃野生近缘种红根甘肃桃与贝蕾杂交的 BC_1 代 190 株后代为试材构建红根甘肃桃的 SRAP 连锁图谱,该图谱共 8 个连锁群,含 103 个标记(102 个 SRAP 标记及 1 个抗南方根结线虫标记),长 994.2 cM,连锁群平均长为 124.3 cM,标记间平均间距为 9.6 cM。沈志军等^[44]以油桃和油蟠桃组合霞光 \times NF 杂交群体 115 个单株为材料,构建含 8 个连锁群、长 1 232.7 cM、位点间的平均间距为 9.34 cM 的油蟠桃组合遗传图谱,含 22 个 SSR 标记、108 个 SRAP 标记及扁平果形和非酸 2 个位点。刘恩英等^[45]以簸箕柳 \times 绵毛柳 F_1 代作为作图群体构建 1 份柳树遗传连锁框架图,该图谱含 117 个标记(56 个 SSR,54 个 SRAP,5 个 SCAR 和 2 个性别标记),总长 1 631.4 cM,标记间平均图距为 14.1 cM,估算柳树基因组长 2 261.39 cM,总的图谱覆盖率为 72.14%。

3 存在问题及前景展望

由于 SRAP 标记通过设计特殊的引物对开放阅读框架进行扩增,提高了扩增结果与表型的相关性,同时具有简便、快速、不需预知物种的序列信息等优点,所以 SRAP 标记在植物应用中具有很大的潜力^[46-47],这为植物的性状标记和遗传图谱构建提供了很好的工具。然而,SRAP 标记目前主要应用

于农作物,其他植物种类应用较少,特别是野生植物资源类应用不多,所以,应加大这方面的相关研究,如加大对相关植物基因和性状的标记及基因图谱的构建,从而培育出更多高产、抗逆的新品种。再者,很多研究进行性状标记和图谱构建时所用群体数量较少,尤其是进行遗传图谱构建,并不能构建覆盖度较广的遗传图谱。另外,不同种类的分子标记对植物的遗传分析能力有一定的差异,所以,应加强多种分子标记的联合分析,从而更好地对植物遗传性状进行标记以及对遗传图谱进行构建。

参考文献:

- [1] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, 103(2-3): 455-461.
- [2] 张丽, 姜树坤, 张喜娟, 等. 水稻沈农 606 抗稻瘟病基因遗传分析及 SRAP 标记筛选 [J]. *分子植物育种*, 2007, 5(1): 64-68.
- [3] 张驰, 关媛, 何欢乐, 等. 利用 SRAP 分子标记对黄瓜 *G1* 基因的初步定位分析 [J]. *上海交通大学学报: 农业科学版*, 2009, 27(4): 380-383.
- [4] 刘雅辉, 闫红飞, 杨文香, 等. 小麦抗叶锈病基因 *Lr19* 的 SRAP 标记 [J]. *华北农学报*, 2007, 22(4): 193-196.
- [5] 景然, 陈新娟, 朱育强, 等. 黄瓜白粉病抗性序列相关扩增多态性的分子标记研究 [J]. *浙江大学学报: 农业与生命科学版*, 2011, 37(4): 387-392.
- [6] 邓思立, 潘俊松, 何欢乐, 等. 黄瓜 *M* 基因连锁的 SRAP 分子标记 [J]. *上海交通大学学报: 农业科学版*: 2006, 24(3): 240-244.
- [7] 哈矿武, 张慧玲, 柳剑丽, 等. 甜瓜高代自交系 4G21 抗蔓枯病基因的分子定位 [J]. *园艺学报*, 2010, 37(7): 1079-1084.
- [8] 邱青, 张淑江, 章时蕃, 等. 大白菜缘枯病抗性基因的 SRAP 标记筛选 [J]. *中国蔬菜*, 2010, 16(4): 21-25.
- [9] 张慧, 张淑江, 李菲, 等. 大白菜隐性细胞核雄性不育恢复基因 *BrMs3* 的标记 [J]. *中国蔬菜*, 2011, 17(4): 13-16.
- [10] 李坤, 史庆馨, 张耀伟. 与大白菜干烧边性状相关的 SSR 和 SRAP 标记分析 [J]. *中国瓜菜*, 2010, 23(4): 6-11.
- [11] 吉家敏, 夏志强, 邹枚伶, 等. 木薯群体重要农艺性状遗传连锁图谱和 QTL 分析 [J]. *现代农业科学*, 2009, 16(5): 26-30.
- [12] 张冠英, 司龙亭, 李丹丹. 弱光胁迫下黄瓜幼苗下胚轴性状 QTL 分析 [J]. *园艺学报*, 2011, 38(2): 295-302.
- [13] 郁有健, 张耀伟, 张德双. 大白菜紫色性状的 SRAP 连锁标记的筛选 [J]. *分子植物育种*, 2009, 7(3): 573-578.
- [14] 潘颖, 王孝宣, 杜永臣, 等. 利用高代回交群体定位野生醋栗番茄发芽期耐盐 QTL [J]. *园艺学报*, 2010, 37(1): 39-46.
- [15] 欧承刚, 邓波涛, 鲍生有, 等. 胡萝卜 (*Daucus carota* L.) 中主要胡萝卜素和番茄红素含量的 QTL 分析 [J]. *遗传*, 2010, 32(12): 1290-1295.
- [16] Wang Baohua, Guo Wangzhen, Zhu Xiefei, et al. QTL mapping of yield and yield components for Elite Hybrid Derived-RILs in upland cotton [J]. *遗传学报*, 2007, 34(1): 35-45.
- [17] 顾慧, 戚存扣. 甘蓝型油菜 (*Brassica napus* L.) 抗倒伏性状的 QTL 分析 [J]. *江苏农业学报*, 2009, 25(3): 484-489.
- [18] 李爱贤, 刘庆昌, 王庆美, 等. 甘薯淀粉含量的 QTL 定位 [J]. *分子植物育种*, 2010, 8(3): 516-520.
- [19] 张丽, 姜树坤, 张喜娟, 等. 粳稻 SRAP 分子标记遗传群的构建与分析 [J]. *植物生理学通讯*, 2007, 43(3): 443-447.
- [20] 唐茜, 何凤发, 王季春, 等. 甘薯 SRAP 遗传图谱构建及淀粉含量 QTL 初步定位 [J]. *西南大学学报: 自然科学版*, 2010, 32(6): 40-45.
- [21] 李爱贤, 刘庆昌, 王庆美, 等. 利用 SRAP 标记构建甘薯分子连锁图谱 [J]. *作物学报*, 2010, 36(8): 1286-1295.
- [22] 李坤, 司龙亭, 张克岩, 等. 黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 种子含油量性状的 QTL 定位与分析 [J]. *分子植物育种*, 2011, 9(2): 198-203.
- [23] 程志学, 陈清华, 彭庆务, 等. 节瓜分子遗传图谱的构建与始雌花节位性状定位 [J]. *中国农业科学*, 2010, 43(7): 1508-1515.
- [24] 屈淑平, 张彤, 张俊华, 等. 大白菜抗 TuMV-C3 的 QTL 分析 [J]. *东北农业大学学报*, 2009, 40(11): 33-37.
- [25] 耿建峰, 侯喜林, 张晓伟, 等. 利用 DH 群体构建不结球白菜遗传连锁图谱 [J]. *南京农业大学学报*, 2007, 30(2): 23-28.
- [26] 原玉香, 张晓伟, 孙日飞, 等. 大白菜遗传图谱的构建及与染色体关联分析 [J]. *华北农学报*, 2010, 25(3): 80-86.
- [27] 单晓政, 李英, 高素燕, 等. 不结球白菜分子遗传图谱的构建及分析 [J]. *西北植物学报*, 2009, 29(6): 1116-1121.
- [28] 徐莹莹, 崔崇士, 屈淑平. 大白菜抗软腐病性状的 SRAP 标记分析 [J]. *东北农业大学学报*, 2010, 41(6): 36-40.

(下转第 21 页)

- status and body fatness on plasma leptin concentration assessed by a specific RIA in sheep[J]. *Endocrinol*, 2000, 165(2): 519-526.
- [15] Morrison C D, Daniel J A, Holmberg B J, *et al*. Central infusion of leptin into well-fed and undernourished ewe lambs; effects on feed intake and serum concentrations of growth hormone and luteinizing hormone[J]. *Endocrinol*, 2001, 168(2): 317-324.
- [16] Amstalden M, Garcia M R, Stanko R L, *et al*. Central infusion of recombinant ovine leptin normalizes plasma insulin and stimulates a novel hypersecretion of luteinizing hormone after short-term fasting in mature beef cows[J]. *Biol Reprod*, 2002, 66(5): 1555-1561.
- [17] Liefers S C, Veerkamp R F, te Pas M F W, *et al*. Leptin concentrations in relation to energy balance, milk yield, intake, live weight, and estrus in dairy cows[J]. *Dairy Sci*, 2003, 86(3): 799-807.
- [18] Block S S, Butler W R, Ehrhardt R A, *et al*. Decreased concentration of plasma leptin in periparturient dairy cows is caused by negative energy balance[J]. *Endocrinol*, 2001, 171(2): 339-348.
- [19] Leury B J, Baumgard L H, Block S S, *et al*. Effect of insulin and growth hormone on plasma leptin in the periparturient dairy cow[J]. *Am J Physiol Regul Integr Comp Physiol*, 2003, 24: 24.
- ~~~~~
- (上接第5页)
- [29] 房超, 杨志荣, 刘独臣, 等. 应用 SRAP 分子标记构建茄子遗传图谱初探[J]. *西南农业学报*, 2010, 23(5): 1591-1594.
- [30] 金梦阳, 刘列钊, 付福友, 等. 甘蓝型油菜 SRAP、SSR、AFLP 和 TRAP 标记遗传图谱构建[J]. *分子植物育种*, 2006, 4(4): 520-526.
- [31] 易斌, 陈伟, 马朝芝, 等. 甘蓝型油菜产量及相关性状的 QTL 分析[J]. *作物学报*, 2006, 32(5): 676-682.
- [32] 蔡长春, 傅廷栋, 陈宝元, 等. 甘蓝型油菜遗传图谱的构建及开花期的 QTL 分析[J]. *中国油料作物学报*, 2007, 29(1): 1-8.
- [33] 李缓缓, 沈金雄. 利用 SRAP、SSR 和 AFLP 标记构建甘蓝型油菜遗传连锁图谱[J]. *中国农业科学*, 2007, 40(6): 1118-1126.
- [34] 王峰, 官春云. 甘蓝型油菜遗传图谱的构建及单株产量构成因素的 QTL 分析[J]. *遗传*, 2010, 32(3): 271-277.
- [35] 王强, 张新友, 汤丰收, 等. 基于 SRAP 分子标记的栽培种花生遗传连锁图谱构建[J]. *中国油料作物学报*, 2010, 32(3): 374-378.
- [36] 陈美霞, 张广庆, 祁建民, 等. 红麻 SRAP、ISSR 遗传连锁图构建的初步研究[J]. *中国麻业科学*, 2008, 30(3): 121-127.
- [37] 高丽霞, 刘念, 黄邦海. 姜花属 SRAP 分子标记连锁图谱构建[J]. *云南植物研究*, 2009, 31(4): 317-325.
- [38] 赵玉辉, 郭印山, 胡又厘, 等. 应用 RAPD、SRAP 及 AFLP 标记构建荔枝高密度复合遗传图谱[J]. *园艺学报*, 2010, 37(5): 697-704.
- [39] 郭印山, 赵玉辉, 刘朝吉, 等. 利用多种分子标记构建龙眼高密度分子遗传图谱[J]. *园艺学报*, 2009, 36(5): 655-662.
- [40] 陈迪文, 柴利广, 蔡长春, 等. 白肋烟遗传连锁图的构建及黑胫病抗性 QTL 初步分析[J]. *自然科学进展*, 2009, 19(8): 852-961.
- [41] 蔡长春, 柴利广, 王毅, 等. 白肋烟分子标记遗传图谱的构建及部分性状的遗传剖析[J]. *作物学报*, 2009, 35(9): 1646-1654.
- [42] 马红勃, 祁建民, 李延坤, 等. 烟草 SRAP 和 ISSR 分子遗传连锁图谱构建[J]. *作物学报*, 2008, 34(11): 1958-1963.
- [43] 刘伟, 曹珂, 王力荣, 等. 甘肃桃抗南方根结线虫性状的 SRAP 标记[J]. *园艺学报*, 2010, 37(7): 1057-1064.
- [44] 沈志军, 马瑞娟, 俞明亮, 等. 油蟠桃组合遗传连锁图谱构建及糖酸性状 QTL 分析[J]. *园艺学报*, 2010, 37(11): 1735-1744.
- [45] 刘恩英, 王源秀, 徐立安, 等. 基于 SSR 和 SRAP 标记的簸箕柳×绵毛柳遗传框架图[J]. *林业科学*, 2011, 47(5): 23-30.
- [46] 王从彦, 李晓慧, 胡小丽, 等. SRAP 技术在西瓜种子纯度鉴定中的应用[J]. *河南农业大学学报*, 2008, 42(5): 491-495.
- [47] 李晓慧, 田朝阳, 王从彦. SRAP 分子标记分析西瓜遗传多态性[J]. *生物技术*, 2007, 17(3): 23-26.