

基于 SCoT 标记的猕猴桃种质资源 遗传多样性研究

周遇巧¹,郭国业¹,周 索¹,杜 戈²,李书林²

(1. 南阳师范学院 生命科学与技术学院,河南 南阳 473061; 2. 河南省西峡猕猴桃研究所,河南 西峡 474573)

摘要: 利用 SCoT 分子标记对 28 份猕猴桃种质资源进行遗传多样性和 UPGMA 聚类关系研究。结果表明,8 条引物对供试猕猴桃材料显示多态性,共扩增出 75 条清晰的条带,平均每条引物扩增 9.1 个多态性条带,多态性比率为 97.3%。遗传相似系数在 0.47~0.86,显示供试的猕猴桃种质资源具有丰富的遗传多样性。UPGMA 聚类分析显示,在遗传相似系数 0.64 处可将 28 份猕猴桃种质划分为 3 个明显的聚类分支,部分中华猕猴桃、2 个软枣猕猴桃与多数美味猕猴桃种质聚类,显示中华猕猴桃、软枣猕猴桃与美味猕猴桃具有较高的遗传相似性,种质亲缘关系较近;部分中华猕猴桃种质遗传变异较高,并与大籽猕猴桃有较近的遗传关系。

关键词: 猕猴桃; SCoT; 遗传多样性; 聚类分析

中图分类号: S663.4 文献标志码: A 文章编号: 1004-3268(2020)06-0120-07

Study on Genetic Diversity of *Actinidia* Germplasm Resources Based on SCoT Markers

ZHOU Yuqiao¹, GUO Guoye¹, ZHOU Suo¹, DU Ge², LI Shulin²

(1. College of Life Science and Technology, Nanyang Normal University, Nanyang 473061, China; 2. Xixia Institute of Kiwifruit of Henan Province, Xixia 474573, China)

Abstract: SCoT molecular markers were applied to 28 *Actinidia* germplasm resources to study genetic diversity and UPGMA clustering relationship. The results showed that, 8 polymorphic SCoT primers were selected, a total of 75 clear bands were obtained from 28 *Actinidia* materials with 8 primers, and 9.1 polymorphic bands were obtained from each primer on average, with a polymorphic ratio of 97.3%. The genetic similarity coefficient ranged from 0.47 to 0.86, indicating that the tested *Actinidia* germplasm resources had abundant genetic diversity. UPGMA clustering analysis showed that 28 *Actinidia* germplasms could be divided into three distinct clustering groups at the genetic similarity coefficient of 0.64, and part of *A. chinensis*, two *A. arguta* germplasms and most germplasms of *A. chinensis* var. *deliciosa* clustered together, which showed that *A. chinensis*, *A. arguta* and *A. chinensis* var. *deliciosa* had high genetic similarity and closely genetic relationship among these germplasms. The genetic variation of some *A. chinensis* germplasms was high and had closely genetic relationship with *A. macrosperma*.

Key words: *Actinidia*; SCoT; Genetic diversity; Clustering analysis

收稿日期: 2019-12-20

基金项目: 河南省科技厅科技攻关项目(182102110329); 南阳师范学院人才引进科研启动基金专项(18005); 南阳师范学院大学生实践教学创新项目(SPCP2019257, SPCP2019271)

作者简介: 周遇巧(1995-), 女, 河南洛阳人, 在读硕士研究生, 研究方向: 植物资源保护。E-mail: 2664975449@qq.com

通信作者: 郭国业(1983-), 男, 河南南阳人, 讲师, 博士, 主要从事植物系统与分子进化生物学研究。

E-mail: guoguoye@126.com

猕猴桃原产中国,是属于猕猴桃科(Actinidiaceae)猕猴桃属(*Actinidia* Lindl.)的多年生藤本植物^[1]。全世界现有约 66 种猕猴桃属植物、118 个分类单位(变种、变型)^[1],最新的分类系统研究将其划分为 54 种、21 个变种,共 75 个分类群^[2-3]。研究表明,猕猴桃多数产于中国,中国被认为是猕猴桃属植物的起源、进化和分布中心,猕猴桃集中分布于秦岭以南、横断山以东的地域^[3-4]。丰富的猕猴桃野生种质资源为猕猴桃属植物的系统进化研究、品种选育和产业发展提供了条件。

由于猕猴桃为雌雄异株植物,染色体倍性呈现多倍化,种间和品种间的杂交严重,导致遗传背景错综复杂,谱系亲缘关系模糊不清,严重影响猕猴桃种质鉴定、品种改良和新品种的培育与开发利用。中华猕猴桃(*Actinidia chinensis*)和美味猕猴桃(*A. chinensis* var. *deliciosa*)存在较为广泛的野外居群的重叠分布^[5],使得杂交后代存在丰富的基因型和表型。因此,加强对猕猴桃种质资源遗传多样性与进化的研究对猕猴桃种质资源保护和利用以及新品种培育具有重要意义。起始密码子多态性(Start codon targeted polymorphism, SCoT)是 COLLARD 等^[6]根据植物基因组 ATG 翻译起始位点侧翼序列的保守性而开发的一种目的基因分子标记,其操作简单方便,引物遗传信息丰富,多态性好。目前,SCoT 分子标记已被成功应用于菊花、地黄、桂花、梨等多种植物的遗传多样性研究,特别是在遗传多样性、种质鉴定、遗传连锁图谱建立等方面取得较多进展^[7-10]。在猕猴桃种质资源多样性研究方面,简单重复序列间扩增多态性(ISSR)、扩增片段长度多态性(AFLP)、随机扩增多态性(RAPD)等分子标记已经成功应用于猕猴桃种质资源的遗传多样性研究^[11-13],而应用 SCoT 分子标记的研究尚较少。陈伯伦等^[14]利用 SCoT 分子标记对 17 个猕猴桃品种(系)进行遗传多样性和变异鉴定,发现 3 个变异株系均与对照品种(红阳和金桃)有一定的亲缘关系,可以有效区分猕猴桃性状变异。本研究运用 SCoT 分子标记技术,对 28 份猕猴桃种质资源的遗传多样性和亲缘关系进行分析,为猕猴桃种质关系鉴定、优良基因型挖掘和保护、新品种选育提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料为美味猕猴桃、中华猕猴桃以及近缘种,共 28 份,分别来源于河南、陕西、贵州等地。其

中,美味猕猴桃种质包含米坪行上 1 号、寨根 3 号、实生 2 号等。中华猕猴桃种质包含通山 5 号、华光 2 号、华光 3 号等。近缘种为大籽猕猴桃(*A. macrosperma*)、软枣猕猴桃(*A. arguta*, 雌、雄)。利用无菌水和 75% 乙醇,将采集的猕猴桃植株新鲜幼嫩叶片冲洗干净,分别放置于装有硅胶的采集袋中,保存于 -20 °C 的冰箱。供试猕猴桃材料信息见表 1。

表 1 28 份供试猕猴桃种质的名称及来源

Tab. 1 Name and origin of 28 tested *Actinidia* germplasm used in the experiment

编号 No.	名称 Name	物种 Species	来源 Origin
1	米坪行上 1 号	美味猕猴桃	河南西峡
2	米坪行上 2 号	美味猕猴桃	河南西峡
3	寨根 4 号	美味猕猴桃	河南西峡
4	寨根 3 号	美味猕猴桃	河南西峡
5	实生 2 号	美味猕猴桃	河南西峡
6	实生 3 号	美味猕猴桃	河南西峡
7	陈阳	美味猕猴桃	河南西峡
8	秦香	美味猕猴桃	陕西西安
9	米良 1 号	美味猕猴桃	吉首大学
10	二郎坪栗坪 1 号	美味猕猴桃	河南西峡
11	通渠 1 号	美味猕猴桃	河南西峡
12	贵蜜	美味猕猴桃	贵州果树研究所
13	长安 1 号	美味猕猴桃	陕西周至
14	徐洲 75-2	美味猕猴桃	徐州
15	北京 215	美味猕猴桃	北京
16	金魁	美味猕猴桃	湖北
17	日本国立 10 号	美味猕猴桃	北京
18	艾博特	美味猕猴桃	新西兰
19	海沃德 2-3	美味猕猴桃	徐州果园
20	通山 5 号	中华猕猴桃	武汉植物园
21	华光 2 号	中华猕猴桃	河南西峡
22	华光 3 号	中华猕猴桃	河南西峡
23	华光 5 号	中华猕猴桃	河南西峡
24	双龙 1 号	中华猕猴桃	河南西峡
25	武宁魁	中华猕猴桃	江西武宁
26		大籽猕猴桃	河南栾川
27		软枣猕猴桃(雌)	河南栾川
28		软枣猕猴桃(雄)	河南栾川

1.2 基因组 DNA 提取

利用植物基因组 DNA 提取试剂盒,采用改良 CTAB 法提取猕猴桃基因组 DNA,并用 1.0% 的琼脂糖凝胶电泳检测。提取的样品基因组 DNA 用核酸微量测定仪稀释至一致浓度(50 ng/ μ L),于 -20 °C 下保存备用。

1.3 SCoT-PCR 反应体系建立

参考袁王俊等^[7]、和世玉等^[9]和杨珂等^[10]的 SCoT-PCR 方法并进行探索,建立猕猴桃 SCoT-PCR 反应体系与扩增程序。SCoT-PCR 的反应体系:总体积 20 μ L,其中 2 \times Taq Plus Master Mix 10.0 μ L、SCoT 引物 1.0 μ L、模板 DNA 1.0 μ L、ddH₂O

8.0 μ L。反应程序:94 $^{\circ}$ C 预变性 4 min;94 $^{\circ}$ C 变性 50 s,退火 50 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 60 s,共 35 个循环;72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。

1.4 引物筛选与 SCoT-PCR 扩增

供筛选所用的 55 条 SCoT 分子标记引物由武汉擎科生物技术有限公司合成。随机选取 5 个猕猴桃种质的模板 DNA,进行 SCoT-PCR 扩增。通过对 PCR 扩增产物进行凝胶电泳多态性指纹图谱检测,最终筛选出多态性高、重复性好、位点清晰的 8 条引物用于所有供试材料的遗传分析。筛选出的引物信息如表 2 所示。采用筛选出的 8 条 SCoT 标记引物对 28 份猕猴桃材料基于优化反应体系和扩增程序进行 PCR 扩增,利用 1.0%的琼脂糖凝胶进行电泳检测,在核酸凝胶成像系统下观察、拍照、保存。

表 2 筛选出的 8 条 SCoT 引物序列及其退火温度

Tab.2 The sequences of 8 screened SCoT primers and annealing temperatures

引物 Primer	引物序列(5'→3') Primer sequences(5'→3')	退火温度 T_M 值/ $^{\circ}$ C Annealing temperature
SCoT-13	ACGACATGGCGACCATCG	57.2
SCoT-14	ACGACATGGCGACCACGC	59.5
SCoT-15	ACGACATGGCGACCCGGA	59.5
SCoT-18	ACCATGGCTACCACCGCC	59.5
SCoT-21	ACGACATGGCGACCCACA	57.2
SCoT-22	AACCATGGCTACCACCAC	54.9
SCoT-29	CCATGGCTACCACCGGCC	61.7
SCoT-31	CCATGGCTACCACCGCCT	59.5

1.5 数据分析

根据核酸多态性扩增图谱,以“0/1”统计 SCoT 扩增带型,在相同迁移率位置上,有带记为“1”,无带记为“0”,建立引物扩增的“0/1”分子数据矩阵,并依据分析软件进行数据格式转换。采用 POPGEN 32 软件计算 SCoT 引物扩增的位点总数、多态性位点数、多态性位点百分率。利用 NTSYS 软件,计算猕猴桃种质间遗传相似系数,基于遗传相似系数进

行 UPGMA (Unweighted pair group method analysis) 聚类分析。

2 结果与分析

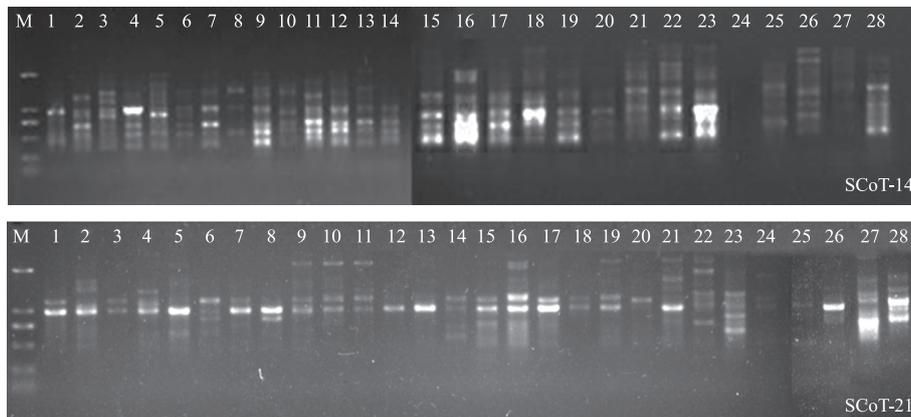
2.1 SCoT 扩增多态性分析结果

如表 3 所示,8 条 SCoT 引物对 28 份猕猴桃种质材料共扩增出 75 条带,平均每条引物扩增出 9.4 条。其中,位点多态性条带数为 73 条,平均每条引物扩增出 9.1 条多态性条带,位点多态性比率为 97.3%,多态性范围在 88.9%~100.0%,显示筛选的 8 条 SCoT 引物标记具有较高的多态性。图 1 为引物 SCoT-14、SCoT-21 和 SCoT-31 对 28 份猕猴桃材料的 SCoT 标记多态性扩增图谱。从扩增结果来看,SCoT 引物的扩增产物片段大小主要分布在 250~2 000 bp,不同引物在同一种质材料中产生的位点信息存在差异,相同引物在不同种质材料中的位点信息也存在差异,显示供试的猕猴桃种质材料在基因组 DNA 水平上具有明显的差异。

表 3 SCoT 引物的扩增多态性信息

Tab.3 Amplification polymorphic information of SCoT primers

引物 Primer	条带数 No. of band	多态性条带数 No. of polymorphic band	多态性比率/% Polymorphic rate
SCoT-13	10	10	100.0
SCoT-14	11	11	100.0
SCoT-15	9	9	100.0
SCoT-18	9	8	88.9
SCoT-21	10	10	100.0
SCoT-22	10	9	90.0
SCoT-29	9	9	100.0
SCoT-31	7	7	100.0
总数 Total bands	75	73	-
平均值 Average	9.4	9.1	97.3



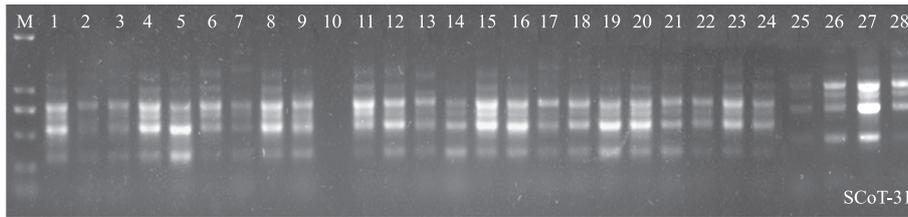


图 1 引物 SCoT-14、SCoT-21 和 SCoT-31 对 28 份猕猴桃种质的 PCR 扩增图谱

Fig. 1 PCR amplification fingerprint of 28 *Actinidia* germplasms with primer SCoT-14, SCoT-21, SCoT-31

2.2 猕猴桃种质遗传多样性分析结果

28 份猕猴桃种质资源的遗传相似系数在 0.47~0.86, 平均值为 0.59, 变幅为 0.39, 显示供试的 28 份猕猴桃样本遗传多样性较为丰富(表 4)。其中, 美味猕猴桃实生 2 号与实生 3 号、中华猕猴桃华光 2 号与美味猕猴桃实生 2 号的遗传相似系数均为 0.47, 显示它们之间的亲缘关系较远。而美味猕猴桃陈阳与日本国立 10 号的遗传相似系数为 0.86, 表明它们之间的亲缘关系较近。

2.3 猕猴桃种质聚类分析结果

如图 2 所示, 在遗传相似系数 0.64 处可将 28 份猕猴桃样本划分为 3 个明显的聚类分支。聚类群 I 包含 18 个美味猕猴桃品种、4 个中华猕猴桃品种以及 2 个软枣猕猴桃[软枣猕猴桃(雌)和软枣猕猴桃(雄)]。聚类群 II 包含 2 个中华猕猴桃品种华

光 2 号和华光 3 号, 以及 1 个大籽猕猴桃, 显示这 2 个中华猕猴桃品种的遗传变异较明显。聚类群 III 包含 1 个美味猕猴桃品种实生 2 号, 显示该株系在进化上较为独立。在遗传相似系数 0.70 处, 聚类群 I 可分为 Ia、Ib、Ic、Id、Ie 5 个亚分支。其中, Ia 分支包含 2 个美味猕猴桃; Ib 分支包含米坪行上 2 号和二郎坪栗坪 1 号 2 个美味猕猴桃, 以及双龙 1 号和武宁魁 2 个中华猕猴桃; Ic 分支包含 13 个美味猕猴桃, 如实生 3 号、陈阳、秦香、米良 1 号、通渠 1 号、贵蜜、长安 1 号、徐洲 75-2、北京 215、金魁、日本国立 10 号、艾博特、海沃德 2-3, 以及 1 个中华猕猴桃通山 5 号; 在 Id 分支, 美味猕猴桃寨根 3 号与软枣猕猴桃(雌)和软枣猕猴桃(雄)聚类。聚类群 I 的聚类关系表明, 美味猕猴桃与中华猕猴桃以及软枣猕猴桃具有较近的亲缘关系。

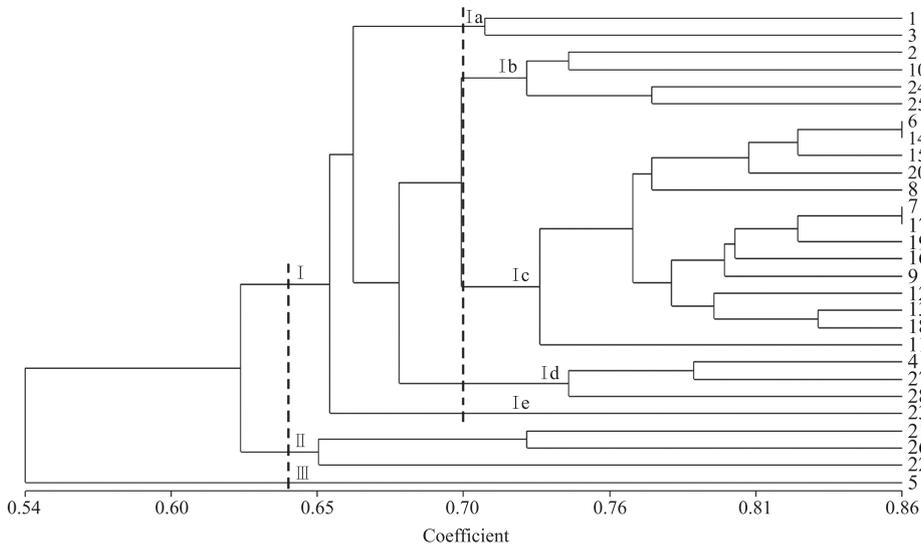


图 2 基于 SCoT 标记的 28 份猕猴桃种质 UPGMA 系统聚类结果

Fig. 2 UPGMA dendrogram of 28 *Actinidia* germplasms based on SCoT markers

3 结论与讨论

与其他分子标记相比, SCoT 标记为研究者提供了一种能够有效跟踪性状并获得与性状相关目的基因的新型分子标记^[15]。本研究对 SCoT-PCR 反应体系和扩增程序进行优化, 并从 55 条 SCoT 引物中

最终筛选出 8 条用于猕猴桃种质资源鉴定和遗传多样性分析。结果发现, 平均每条 SCoT 引物扩增出 9.4 个位点, 位点多态性比率达 97.3%, 显示了较好的扩增效果。28 份猕猴桃材料的遗传相似系数在 0.47~0.86, 平均值为 0.59, 变幅为 0.39, 表明供试的猕猴桃种质间遗传差异较大, 存在较丰富的遗传

表 4 基于 SCoT 标记的 28 份猕猴桃种质资源的遗传相似系数
Tab. 4 Genetic similarity coefficient of 28 *Actinidia* germplasm resources based on SCoT markers

编号 No.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	
1	1.00																												
2	0.65	1.00																											
3	0.71	0.70	1.00																										
4	0.73	0.62	0.65	1.00																									
5	0.61	0.53	0.59	0.48	1.00																								
6	0.68	0.61	0.64	0.80	0.47	1.00																							
7	0.70	0.68	0.62	0.73	0.58	0.80	1.00																						
8	0.73	0.62	0.68	0.73	0.58	0.80	0.82	1.00																					
9	0.62	0.64	0.64	0.74	0.53	0.79	0.80	0.74	1.00																				
10	0.61	0.74	0.62	0.61	0.52	0.74	0.76	0.70	0.74	1.00																			
11	0.73	0.65	0.65	0.70	0.61	0.74	0.76	0.73	0.77	0.67	1.00																		
12	0.71	0.61	0.67	0.74	0.59	0.79	0.74	0.74	0.76	0.68	0.68	1.00																	
13	0.67	0.62	0.65	0.76	0.58	0.83	0.82	0.79	0.80	0.73	0.70	0.83	1.00																
14	0.67	0.62	0.62	0.79	0.48	0.86	0.82	0.76	0.77	0.76	0.73	0.80	0.79	1.00															
15	0.64	0.59	0.65	0.73	0.61	0.83	0.79	0.76	0.80	0.67	0.76	0.80	0.76	0.82	1.00														
16	0.65	0.76	0.70	0.65	0.53	0.70	0.77	0.71	0.79	0.74	0.77	0.73	0.74	0.71	0.77	1.00													
17	0.68	0.76	0.70	0.68	0.62	0.73	0.86	0.77	0.82	0.74	0.74	0.82	0.77	0.74	0.80	0.82	1.00												
18	0.68	0.70	0.73	0.68	0.65	0.73	0.80	0.80	0.76	0.74	0.68	0.76	0.83	0.77	0.74	0.76	0.82	1.00											
19	0.62	0.73	0.70	0.68	0.50	0.76	0.80	0.71	0.79	0.77	0.74	0.79	0.77	0.80	0.77	0.82	0.85	0.82	1.00										
20	0.65	0.61	0.70	0.71	0.50	0.79	0.77	0.77	0.73	0.68	0.71	0.76	0.71	0.83	0.80	0.70	0.76	0.76	0.79	1.00									
21	0.53	0.58	0.60	0.65	0.47	0.64	0.68	0.65	0.70	0.60	0.68	0.76	0.68	0.68	0.71	0.73	0.70	0.64	0.73	0.67	1.00								
22	0.52	0.59	0.65	0.52	0.52	0.56	0.60	0.55	0.59	0.58	0.55	0.62	0.58	0.58	0.64	0.65	0.62	0.56	0.65	0.59	0.71	1.00							
23	0.59	0.64	0.67	0.59	0.50	0.67	0.62	0.71	0.67	0.56	0.65	0.67	0.74	0.65	0.68	0.73	0.67	0.73	0.64	0.64	0.64	0.62	1.00						
24	0.60	0.71	0.71	0.64	0.55	0.77	0.73	0.70	0.71	0.73	0.70	0.71	0.76	0.76	0.73	0.71	0.74	0.74	0.77	0.80	0.59	0.61	0.68	1.00					
25	0.59	0.73	0.58	0.56	0.50	0.70	0.68	0.62	0.73	0.74	0.68	0.70	0.71	0.74	0.65	0.70	0.73	0.70	0.76	0.67	0.64	0.56	0.61	0.77	1.00				
26	0.59	0.55	0.61	0.59	0.62	0.60	0.68	0.62	0.67	0.53	0.68	0.64	0.65	0.59	0.65	0.61	0.70	0.67	0.64	0.64	0.73	0.59	0.58	0.56	0.61	1.00			
27	0.73	0.65	0.71	0.79	0.52	0.74	0.64	0.70	0.68	0.58	0.70	0.71	0.67	0.73	0.76	0.71	0.68	0.65	0.68	0.71	0.65	0.64	0.65	0.67	0.62	0.59	1.00		
28	0.65	0.58	0.61	0.74	0.50	0.73	0.68	0.74	0.67	0.53	0.62	0.70	0.68	0.71	0.71	0.64	0.67	0.70	0.64	0.70	0.56	0.64	0.64	0.62	0.64	0.67	0.74	1.00	

多样性,猕猴桃种内遗传相似性较高,种间遗传相似性较低。

本研究猕猴桃种质聚类关系分析显示,28 份猕猴桃种质资源在遗传相似系数为 0.64 水平处被划分为 3 个明显的聚类群,在聚类群 I 中,中华猕猴桃与美味猕猴桃种质聚类,表明中华猕猴桃与美味猕猴桃具有较高的遗传相似性,种质亲缘关系较近,遗传关系复杂,推测中华猕猴桃与美味猕猴桃在种群进化中发生了基因渐渗或杂交,该结论与传统形态分类学和分子标记技术研究结论一致,进一步论证了美味猕猴桃可能作为中华猕猴桃的硬毛品种^[2,16-18]。此外,2 个软枣猕猴桃与美味猕猴桃和中华猕猴桃聚类在类群 I 中,显示三者的遗传关系复杂,可能有共同的父系祖先,与基于叶绿体 cpDNA 的系统发育分析结论基本一致^[19]。在聚类群 II 中,2 个中华猕猴桃品种华光 2 号和华光 3 号与 1 个大籽猕猴桃聚类,显示部分中华猕猴桃遗传变异水平较高,种质进化较为明显,中华猕猴桃与大籽猕猴桃有较近的遗传关系。

本研究基于 SCoT 分子标记的猕猴桃种质资源多样性分析表明,猕猴桃种质资源间具有丰富的遗传多样性,美味猕猴桃和中华猕猴桃具有相对较近的亲缘关系,种质群体间可能发生了基因渐渗和杂交,种间存在较近的亲本起源和进化。SCoT 分子标记可有效用于猕猴桃种质资源的鉴定和遗传多样性研究,为猕猴桃品种改良和新品种选育提供理论支持,为伏牛山野生猕猴桃种质资源保护和利用提供参考。

参考文献:

- [1] 黄宏文,龚俊杰,王圣梅,等. 猕猴桃属植物的遗传多样性[J]. 生物多样性,2000,8(1):1-12.
HUANG H W, GONG J J, WANG S M, et al. Genetic diversity in the genus *Actinidia* [J]. Chinese Biodiversity, 2000, 8(1): 1-12.
- [2] 黄宏文. 猕猴桃驯化改良百年启示及天然居群遗传渐渗的基因发掘[J]. 植物学报,2009,44(2):127-142.
HUANG H W. History of 100 years of domestication and improvement of kiwifruit and gene discovery from genetic introgressed populations in the wild[J]. Chinese Bulletin of Botany, 2009, 44(2): 127-142.
- [3] 黄宏文. 猕猴桃属分类、资源、驯化、栽培[M]. 北京: 科学出版社,2013.
HUANG H W. Classification, resources, domestication and cultivation of kiwifruit[M]. Beijing: Science Press, 2013.
- [4] 崔致学. 中国猕猴桃[M]. 济南: 山东科学技术出版社,1993:1-3.
CUI Z X. *Actinidia* in China[M]. Ji'nan: Shandong Science and Technology Press, 1993: 1-3.
- [5] 曾华,李大卫,黄宏文. 中华猕猴桃和美味猕猴桃的倍性变异及地理分布研究[J]. 武汉植物学研究,2009,27(3):312-317.
ZENG H, LI D W, HUANG H W. Distribution pattern of ploidy variation of *Actinidia chinensis* and *A. deliciosa*[J]. Journal of Wuhan Botanical Research, 2009, 27(3): 312-317.
- [6] COLLARD B C Y, MACKILL D J. Marker-assisted selection: An approach for precision plant breeding in the twenty-first century[J]. Philosophical Transactions of The Royal Society Biological Sciences, 2007, 363(1491): 79-88.
- [7] 袁王俊,马寅峰,董美芳,等. 桂花 SCoT 标记体系的建立及其在遗传多样性分析中的应用[J]. 园艺学报,2015,34(3):569-575.
YUAN W J, MA Y F, DONG M F, et al. Establishment and genetic diversity analysis of SCoT molecular marker system for *Osmanthus fragrans* [J]. Acta Horticulturae Sinica, 2015, 34(3): 569-575.
- [8] FENG S G, HE R F, JIANG M Y, et al. Genetic diversity and relationships of medicinal *Chrysanthemum morifolium* revealed by start codon targeted (SCoT) markers[J]. Scientia Horticulturae, 2016, 201: 118-123.
- [9] 和世玉,牛建新,马建江. 梨 SCoT-PCR 反应体系的优化及‘库尔勒香梨’营养系变异鉴定[J]. 果树学报,2016,33(11):1337-1346.
HE S Y, NIU J X, MA J J. Optimization of start codon targeted polymorphism PCR system and identification of bud mutant in ‘Kuerle Xiang li’ [J]. Journal of Fruit Science, 2016, 33(11): 1337-1346.
- [10] 杨珂,周延清,段红英,等. 地黄 SCoT 分子标记体系的建立和指纹图谱的构建[J]. 广西植物,2019,39(5):608-614.
YANG K, ZHOU Y Q, DUAN H Y, et al. SCoT molecular marker system and fingerprint in *Rehmannia glutinosa* [J]. Guihaia, 2019, 39(5): 608-614.
- [11] 魏艳霞,王飞,吕俊辉,等. 秦岭山区野生猕猴桃资源遗传多样性分析[J]. 西北农林科技大学学报,2009,37(7):129-134.
WEI Y X, WANG F, LÜ J H, et al. Genetic diversity analysis of wild kiwifruit from Qinling Mountain [J]. Journal of Northwest A&F University, 2009, 37(7): 129-134.
- [12] 张安世,韩臣鹏,齐秀娟,等. 基于 ISSR 标记的猕猴桃品种遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 植物资源与环境学报,2017,26(3):19-26.

- ZHANG A S, HAN C P, QI X J, *et al.* Genetic diversity analysis and fingerprinting construction of cultivars of *Actinidia* spp. based on ISSR marker [J]. *Journal of Plant Resources and Environment*, 2017, 26(3): 19-26.
- [13] 张慧, 张世鑫, 吴绍华, 等. 猕猴桃属 33 份种质资源的 AFLP 遗传多样性分析 [J]. *生物学杂志*, 2018, 35(2): 29-33.
- ZHANG H, ZHANG S X, WU S H, *et al.* Genetic diversity of 33 kiwifruit germplasms based on AFLP markers [J]. *Journal of Biology*, 2018, 35(2): 29-33.
- [14] 陈伯伦, 张晋, 黄继魁, 等. SCoT 分子标记在猕猴桃遗传多样性分析与变异鉴定上的应用 [J]. *农业生物技术学报*, 2018, 26(1): 77-86.
- CHEN B L, ZHANG J, HUANG J K, *et al.* Application of SCoT markers on genetic diversity analysis and variation identification of *Actinidia* [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2018, 26(1): 77-86.
- [15] 龙治坚, 范理璋, 徐刚, 等. SCoT 分子标记在植物研究中的应用进展 [J]. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(2): 336-343.
- LONG Z J, FAN L Z, XU G, *et al.* Application advance of SCoT molecular markers in plants [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, 16(2): 336-343.
- [16] 谢鸣, 蒋桂华, 柳国华, 等. 中华猕猴桃与美味猕猴桃生物学特性及生产性能比较 [J]. *果树科学*, 1995, 12(3): 161-164.
- XIE M, JIANG G H, LIU G H, *et al.* Comparison of the biological features and productivities of *A. chinensis* and *A. deliciosa* [J]. *Journal of Fruits Science*, 1995, 12(3): 161-164.
- [17] 刘亚令, 李作洲, 姜正旺, 等. 中华猕猴桃和美味猕猴桃自然居群遗传结构及其种间杂交渐渗 [J]. *植物生态学报*, 2008, 32(3): 704-718.
- LIU Y L, LI Z Z, JIANG Z W, *et al.* Genetic structure and hybridization introgression in natural population of two closely related *Actinidia* species, *A. chinensis* and *A. deliciosa* [J]. *Journal of Plant Ecology*, 2008, 32(3): 704-718.
- [18] 张安世, 张中海, 齐秀娟, 等. 猕猴桃 SC-SSR 遗传多样性分析及指纹图谱构建 [J]. *分子植物育种*, 2017, 15(11): 4706-4714.
- ZHANG A S, ZHANG Z H, QI X J, *et al.* Genetic diversity analysis and fingerprints construction of SC-SSR markers in kiwifruit (*Actinidia* Lindl.) [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2017, 15(11): 4706-4714.
- [19] 高丽杨, 夏惠, 谢玥, 等. 基于 cpDNA 序列的猕猴桃种质资源多态性分析 [J]. *分子植物育种*, 2017, 15(9): 3751-3758.
- GAO L Y, XIA H, XIE Y, *et al.* Molecular polymorphic analyses for the germplasms of *Actinidia* based on cpDNA [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2017, 15(9): 3751-3758.