



# 贵州桃种质资源遗传多样性的 SCoT 分析

陈 红<sup>1,2</sup>,杨 鑫<sup>1,2</sup>,安华明<sup>1,2</sup>

(1 贵州省果树工程技术研究中心,贵阳 550025;2 贵州大学 农学院,贵阳 550025)

**摘要:**应用 SCoT 分子标记技术对 71 份贵州桃种质进行遗传多样性分析,以期从分子水平上揭示其遗传多样性及资源间的遗传关系,为科学保存与利用贵州桃种质资源提供依据。结果表明:(1)16 条引物共检测出 192 个位点,其中多态性位点数 156 个,多态性比例为 81.25%,平均每条引物扩增位点为 12 个;供试材料 Nei's 遗传多样性指数( $H$ )为  $0.265\ 0 \pm 0.186\ 1$ ,Shannon's 信息指数( $I$ )为  $0.400\ 3 \pm 0.254\ 3$ ,遗传相似系数变幅为  $0.400\ 0 \sim 0.852\ 5$ 。(2)UPGMA 聚类分析显示,在相似系数 0.65 处可将 71 份桃资源分成 6 类,其中 2 份白花桃资源、2 份血桃资源、2 份青桃资源分别为同名异物。研究认为贵州桃种质具有较丰富的遗传多样性,采用该分子标记技术区分了同名异物的桃资源。

**关键词:**桃;遗传多样性;亲缘关系;目标起始密码子多态性(SCoT)

中图分类号:Q346<sup>+</sup>.5;Q789 文献标志码:A

## Genetic Diversity of Peach Accessions in Guizhou Analysed by SCoT Markers

CHEN Hong<sup>1,2</sup>, YANG Xin<sup>1,2</sup>, AN Huaming<sup>1,2</sup>

(1 Guizhou Center for Fruit Engineering Technology, Guiyang 550025, China; 2 College of Agriculture, Guizhou University, Guiyang 550025, China)

**Abstract:** In order to reveal the genetic diversity and relationship and provide a scientific basis for the conservation and utilization of peach accessions in Guizhou, we evaluated the genetic diversity of 71 accessions by SCoT markers. The results showed that: (1) 16 SCoT primers generated 192 bands and 156 polymorphic markers. On average, the percentage of polymorphic bands was 81.25% and amplification site of each primer was 12. (2) The Nei's genetic diversity index ( $H$ ) was  $0.265\ 0 \pm 0.186\ 1$ , the Shannon index of diversity ( $I$ ) was  $0.400\ 3 \pm 0.254\ 3$ . The Jaccard genetic similarity coefficients among the accessions were between 0.400 0 and 0.852 5. (3) Cluster analysis with UPGMA method showed that 71 peach accessions in Guizhou could be grouped into six groups at Jaccard coefficient 0.65, and 2 varieties of Baihuatao, 2 varieties of Xuetao and 2 varieties of Qingtao were proved to be a homonym, respectively. The substantial genetic diversity was identified among the peach accessions in Guizhou, and the peach accessions of homonym could be differentiated by SCoT markers successfully.

**Key words:** peach; genetic diversity; genetic relationship; SCoT(start codon targeted polymorphism)

贵州位于中国西南地区云贵高原,立体气候复杂,孕育了许多重要的桃资源,这些桃资源在育种上很有利用价值<sup>[1-3]</sup>,但部分桃资源名称混乱、亲缘关系不清,给资源保存和利用带来诸多困难。目前对

于贵州桃资源的研究较少,杨鑫等<sup>[4]</sup>从形态学水平对贵州野生毛桃资源果核特征进行了遗传多样性分析,但所利用的资源材料少,取材范围有限,而且利用分子标记在分子水平上对贵州桃种质的遗传多样

收稿日期:2014-04-14;修改稿收到日期:2014-06-10

基金项目:贵州省工程技术研究中心专项[黔科合农 G 字(2009)4003]

作者简介:陈 红(1975—),男,博士,副教授,主要从事生物技术与果树遗传育种研究工作。E-mail:chenh96@aliyun.com

性及亲缘关系研究尚未见报道。

由 Collard 和 Mackill 开发的目标起始密码子多态性(start codon targeted polymorphism, SCoT)分子标记是一种目的基因分子标记方法<sup>[5-6]</sup>, 它结合了ISSR标记和RAPD标记的优点, 具有操作简单、重复性好、引物通用性强、成本低、多态性高等特点, 已成功应用于龙眼<sup>[7]</sup>、枇杷<sup>[8]</sup>、柑橘<sup>[9]</sup>、葡萄<sup>[10]</sup>、芒果<sup>[11-12]</sup>、菠萝<sup>[13]</sup>、柿<sup>[14]</sup>、番木瓜<sup>[15]</sup>以及草莓<sup>[16]</sup>等果树作物的鉴定分析。为此, 本研究应用SCoT分子

标记技术, 以71份贵州桃资源为试材, 从DNA水平检测不同桃资源的遗传多样性及资源间的遗传关系, 为贵州桃种质资源的科学保存与利用提供依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

试验材料为2011~2013年采自贵州不同地区的71份桃资源(表1), 取幼嫩叶片带回实验室, 经液氮处理后置于超低温冰箱保存备用。36条SCoT

表1 试验材料及来源

Table 1 Experimental material and source

编号 No.	名称 Name	采集地点 Origin	编号 No.	名称 Name	采集地点 Origin
1	安龙-1 Anlong No. 1	黔西南州安龙县 Anlong, Qianxinan	37	荔波-7 Libo No. 7	黔南州荔波县 Libo, Qiannan
2	安龙-2 Anlong No. 2	黔西南州安龙县 Anlong, Qianxinan	38	荔波-8 Libo No. 8	黔南州荔波县 Libo, Qiannan
3	安龙-3 Anlong No. 3	黔西南州安龙县 Anlong, Qianxinan	39	青桃-2 Qingtao No. 2	黔南州荔波县 Libo, Qiannan
4	毕节-1 Bijie No. 1	毕节市七星关区 Qixingguan, Bijie	40	龙里-1 Longli No. 1	黔南州龙里县 Longli, Qiannan
5	毕节-2 Bijie No. 2	毕节市七星关区 Qixingguan, Bijie	41	盘县-1 Panxian No. 1	六盘水市盘县 Panxian, Liupanshui
6	毕节-3 Bijie No. 3	毕节市七星关区 Qixingguan, Bijie	42	盘县-2 Panxian No. 2	六盘水市盘县 Panxian, Liupanshui
7	毕节-4 Bijie No. 4	毕节市七星关区 Qixingguan, Bijie	43	盘县-3 Panxian No. 3	六盘水市盘县 Panxian, Liupanshui
8	毕节-5 Bijie No. 5	毕节市七星关区 Qixingguan, Bijie	44	盘县-4 Panxian No. 4	六盘水市盘县 Panxian, Liupanshui
9	册亨-1 Ceheng No. 1	黔西南州册亨县 Ceheng, Qianxinan	45	普安-1 Pu'an No. 1	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
10	册亨-2 Ceheng No. 2	黔西南州册亨县 Ceheng, Qianxinan	46	普安-2 Pu'an No. 2	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
11	岑巩-1 Cengong No. 1	黔东南州岑巩县 Cengong, Qiandongnan	47	普安-3 Pu'an No. 3	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
12	德江-1 Dejiang No. 1	铜仁市德江县 Dejiang, Tongren	48	普安-4 Pu'an No. 4	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
13	德江-2 Dejiang No. 2	铜仁市德江县 Dejiang, Tongren	49	普安-5 Pu'an No. 5	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
14	关岭-1 Guanling No. 1	安顺市关岭县 Guanling, Anshun	50	普安-6 Pu'an No. 6	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
15	关岭-2 Guanling No. 2	安顺市关岭县 Guanling, Anshun	51	普安-7 Pu'an No. 7	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
16	白花桃-1 Baihuatao No. 1	安顺市关岭县 Guanling, Anshun	52	普安-8 Pu'an No. 8	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
17	关岭-4 Guanling No. 4	安顺市关岭县 Guanling, Anshun	53	黄蜡桃 Huanglatao	黔西南州普安县 Pu'an, Qianxinan
18	关岭-5 Guanling No. 5	安顺市关岭县 Guanling, Anshun	54	晴隆-1 Qinglong No. 1	黔西南州晴隆县 Qinglong, Qianxinan
19	白花桃-2 Baihuatao No. 2	安顺市关岭县 Guanling, Anshun	55	水城-1 Shuicheng No. 1	六盘水市水城县 Shuicheng, Liupanshui
20	青桃-1 Qingtao No. 1	贵阳市 Guiyang	56	天柱-1 Tianzhu NO. 1	黔东南州天柱县 Tianzhu, Qiandongnan
21	贵阳-2 Guiyang No. 2	贵阳市 Guiyang	57	威宁-1 Weining No. 1	毕节市威宁县 Weining, Bijie
22	赫章-1 Hezhang No. 1	毕节市赫章县 Hezhang, Bijie	58	威宁-2 Weining No. 2	毕节市威宁县 Weining, Bijie
23	赫章-2 Hezhang No. 2	毕节市赫章县 Hezhang, Bijie	59	乌当-1 Wudang No. 1	贵阳市乌当区 Wudang, Guiyang
24	赫章-3 Hezhang No. 3	毕节市赫章县 Hezhang, Bijie	60	息烽-1 Xifeng No. 1	贵阳市息烽县 Xifeng, Guiyang
25	赫章-4 Hezhang No. 4	毕节市赫章县 Hezhang, Bijie	61	息烽-2 Xifeng No. 2	贵阳市息烽县 Xifeng, Guiyang
26	花溪-1 Huaxi No. 1	贵阳市花溪区 Huaxi, Guiyang	62	息烽-3 Xifeng No. 3	贵阳市息烽县 Xifeng, Guiyang
27	花溪-2 Huaxi No. 2	贵阳市花溪区 Huaxi, Guiyang	63	兴仁-1 Xingren No. 1	黔西南州兴仁县 Xingren, Qianxinan
28	雷山-1 Leishan No. 1	黔东南州雷山县 Leishan, Qiandongnan	64	西桃-2 Xitao No. 2	铜仁市印江县 Yinjiang, Tongren
29	雷山-2 Leishan No. 2	黔东南州雷山县 Leishan, Qiandongnan	65	玉屏-1 Yuping No. 1	铜仁市玉屏县 Yuping, Tongren
30	雷山-3 Leishan No. 3	黔东南州雷山县 Leishan, Qiandongnan	66	镇宁-1 Zhenning No. 1	安顺市镇宁县 Zhenning, Anshun
31	血桃-1 Xuetao No. 1	黔南州荔波县 Libo, Qiannan	67	镇宁-2 Zhenning No. 2	安顺市镇宁县 Zhenning, Anshun
32	血桃-2 Xuetao No. 2	黔南州荔波县 Libo, Qiannan	68	镇宁-3 Zhenning No. 3	安顺市镇宁县 Zhenning, Anshun
33	荔波-3 Libo No. 3	黔南州荔波县 Libo, Qiannan	69	镇宁-4 Zhenning No. 4	安顺市镇宁县 Zhenning, Anshun
34	荔波-4 Libo No. 4	黔南州荔波县 Libo, Qiannan	70	镇宁-5 Zhenning No. 5	安顺市镇宁县 Zhenning, Anshun
35	荔波-5 Libo No. 5	黔南州荔波县 Libo, Qiannan	71	镇远-1 Zhenyuan No. 1	黔东南州镇远县 Zhenyuan, Qiandongnan
36	荔波-6 Libo No. 6	黔南州荔波县 Libo, Qiannan			

引物序列参照 Collard 等<sup>[5]</sup>,由上海捷瑞生物工程有限公司合成。DL2000 和  $2 \times Taq$  PCR Master-Mix[含  $0.1 \text{ U} \cdot \mu\text{L}^{-1}$   $Taq$  polymerase,  $500 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$  dNTP each,  $20 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$  Tris-HCl (pH 8.3),  $100 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$  KCl,  $3 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$   $MgCl_2$ , 以及其他稳定剂和增强剂]均购自天根生化科技(北京)有限公司。

## 1.2 方法

**1.2.1 DNA 提取与检测** 采用王富荣 CTAB 改良法<sup>[17]</sup>,提取桃嫩叶的基因组 DNA,利用 1% 琼脂糖凝胶电泳和 K5500 型超微量分光光度计分析仪进行 DNA 样品质量和浓度的检测。模板 DNA 工作浓度稀释至  $50 \text{ ng}/\mu\text{L}$ ,置于  $-20^\circ\text{C}$  保存备用。

**1.2.2 SCoT-PCR 扩增** PCR 扩增反应在 Applied Biosystems Veriti™ Thermal Cycler PCR 扩增仪上进行。 $20 \mu\text{L}$  反应体系包括模板 DNA  $25\sim40 \text{ ng}$ , 引物浓度  $0.60 \mu\text{mol/L}$ , Master Mix  $9.0 \mu\text{L}$ 。反应程序为  $94^\circ\text{C}$  预变性 4 min;  $94^\circ\text{C}$  变性 1 min,  $51^\circ\text{C}$  退火 1 min,  $72^\circ\text{C}$  延伸 2 min, 循环 36 次; 最后  $72^\circ\text{C}$  延伸 10 min, 扩增产物于  $4^\circ\text{C}$  下保存。用浓度为 2% 的琼脂糖凝胶对 PCR 产物电泳检测,并在紫外凝胶成像系统上拍照保存。

## 1.3 数据统计与分析

SCoT 产物按条带的有无分别赋值,在相同迁移位置有带的记为“1”,无带的记为“0”,建立 SCoT 标记的 0、1 矩阵。利用 NTSYSpc2.10e 软件计算遗传相似性系数,按 UPGMA 方法进行聚类分析,构建树状图,分析样品间亲缘关系。利用程序包 PHYLIP 进行 Bootstrap 分析(1 000 次重复,每次替换 35% 的分子标记数据)。应用 POPGENE32 软件进行遗传多样性参数分析,计算多态性引物的有效等位基因数( $N_e$ )、Nei's 基因多样性指数( $H$ )和 Shannon's 信息指数( $I$ )。

## 2 结果与分析

### 2.1 SCoT 扩增片段多态性分析

从 36 条引物中,筛选出多态性高、重复性好且条带清晰的 16 条 SCoT 引物,共扩增出 192 条带,其中多态性条带 156 条,多态性比例为 81.25%,说明供试材料遗传多样性比较丰富,其中代表性扩增图谱见图 1。每条引物可扩增出 9~15 条带,平均每条引物扩增出 12 条带,平均多态性条带为 9.75 条,扩增出的 DNA 带的大小在  $100\sim2\,400 \text{ bp}$  之间(表 2)。

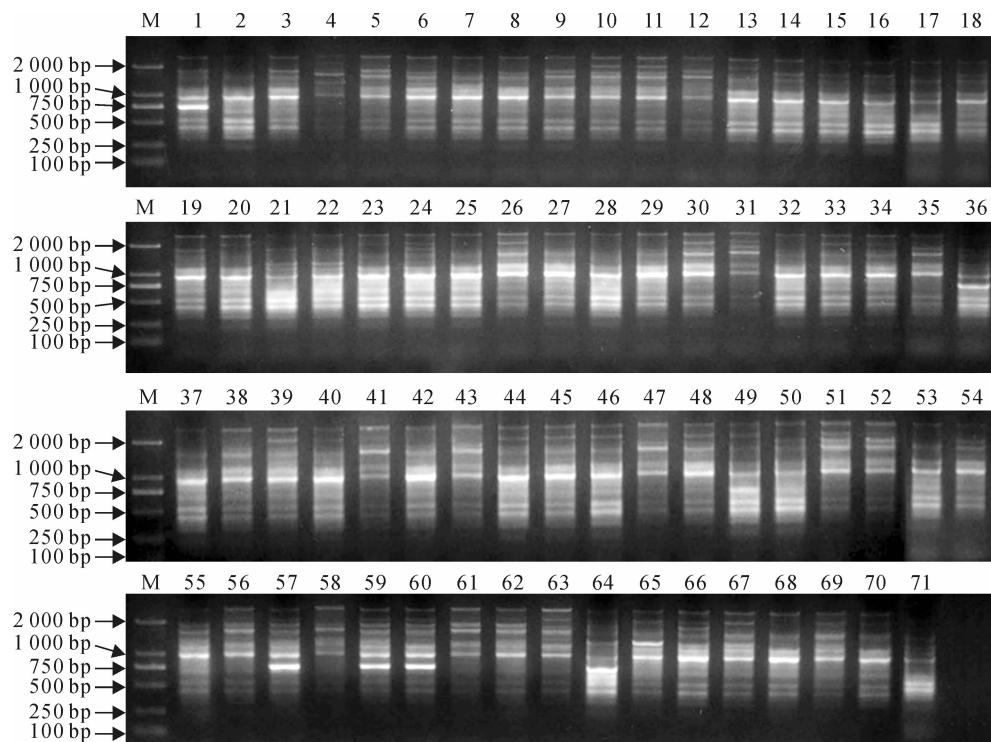


图 1 引物 S10 对 71 份桃种质的 SCoT-PCR 扩增

M, DL2000; 1~71. 材料编号同表 1

Fig. 1 SCoT-PCR amplification of 71 peach accessions by using primer S10  
M, DL2000; 1~71. The material codes were the same as Table 1

表2 SCoT扩增结果统计  
Table 2 The statistic of SCoT amplification result

引物 Primer	引物序列(5'→3') Primer sequence	扩增条带数 No. of amplified bands	多态性带数 Polymorphic bands	多态性比例 Polymorphism percentage/%
S3	CAACAATGGCTACCACCG	9	7	77.78
S6	CAACAATGGCTACCACGC	12	12	100.00
S7	CAACAATGGCTACCACGG	14	14	100.00
S10	CAACAATGGCTACCAGCC	15	12	80.00
S12	ACGACATGGCGACCAACG	14	11	78.57
S13	ACGACATGGCGACCATCG	13	13	100.00
S19	ACCATGGCTACCACCGC	14	10	71.43
S20	ACCATGGCTACCACCGCG	11	11	100.00
S23	CACCATGGCTACCACCGAG	13	11	84.62
S25	ACCATGGCTACCACCGGG	10	8	80.00
S27	ACCATGGCTACCACCGTG	13	10	76.92
S28	CCATGGCTACCACGCCA	9	5	55.56
S31	CCATGGCTACCACCGCCT	11	8	72.73
S32	CCATGGCTACCACCGCAC	14	11	78.57
S33	CCATGGCTACCACCGCAG	11	7	63.64
S35	CATGGCTACCACCGGCC	9	6	66.67
总计 Total		192	156	81.25
平均 Mean		12	9.75	81.25

## 2.2 遗传多样性分析

利用 POPGENE32 软件对 71 份桃材料扩增的 192 条 DNA 条带进行分析,供试样品的等位基因数( $N_a$ )为  $1.8125 \pm 0.3913$ ,有效等位基因数( $N_e$ )为  $1.4521 \pm 0.3690$ ,Nei's 遗传多样性指数( $H$ )为  $0.2650 \pm 0.1861$ ,Shannon's 信息指数( $I$ )为  $0.4003 \pm 0.2543$ 。表明 71 份桃资源间的遗传差异较大,存在较为广泛的遗传多样性。

## 2.3 聚类分析

根据遗传相似系数,采用 UPGMA 法进行聚类分析,构建 71 个桃资源遗传关系聚类图(图 2)。以遗传相似系数 0.65 为阈值时可将供试材料分为六类,第Ⅰ类包含 1 份资源,为毕节市的 57 号;第Ⅱ类包含 1 份资源,为毕节市的 8 号;第Ⅲ类包含 1 份资源,为黔南州的 40 号;第Ⅳ类包含 4 份资源,它们分别是毕节市的 5 号,黔南州的 37 号、38 号,铜仁市的 13 号;第Ⅴ类包含 1 份资源,为黔南州的 33 号;第Ⅵ类包含其余的 63 份资源。

以上结果表明,大部分资源聚在了第Ⅵ类,包含了 8 个地区的桃资源,其中不同果肉颜色的 53 号和 67 号桃资源聚在了一类,表明单从果肉颜色无法区分亲缘关系的远近。黔南州 10 份资源、毕节 11 份资源分别聚在不同的四类,而铜仁 4 份资源分属于

不同的二类,安顺 11 份资源、黔西南州 16 份资源、贵阳 8 份资源、黔东南州 6 份资源、六盘水 5 份资源分别聚在相同的一类,表明黔南州和毕节等地区的桃资源遗传多样性较高。

## 2.4 资源相似性分析

供试材料的遗传相似系数在  $0.4000 \sim 0.8525$  之间。其中毕节市威宁县的 57 号与黔西南州的 53 号、毕节市的 8 号、黔南州的 37 号的相似系数分别为  $0.4225$ 、 $0.4000$ 、 $0.4074$ ,表明 57 号与 53 号、8 号、37 号的亲缘关系较远。安顺市关岭县的 16 号与 19 号、黔南州荔波县的 36 号与毕节市赫章县的 23 号之间的相似系数分别为  $0.8525$ 、 $0.8397$ ,说明 16 号与 19 号、36 号与 23 号之间的亲缘关系较近。黔南州荔波县的 31 号与 32 号之间的相似系数为  $0.7953$ ,说明这 2 个样品为同名异物。黔南州荔波县的 39 号与贵阳市乌当区的 20 号等样品的相似系数为  $0.6953$ ,表明这两对样品也为同名异物。

## 3 讨论

贵州桃资源由于长期受到立体气候差异、实生繁殖和人工选择的影响,所取样品表观性状差异较大,呈现出丰富的多样性。71 份桃种质材料中,部分为优良地方品种,部分为野生毛桃资源,其中包括

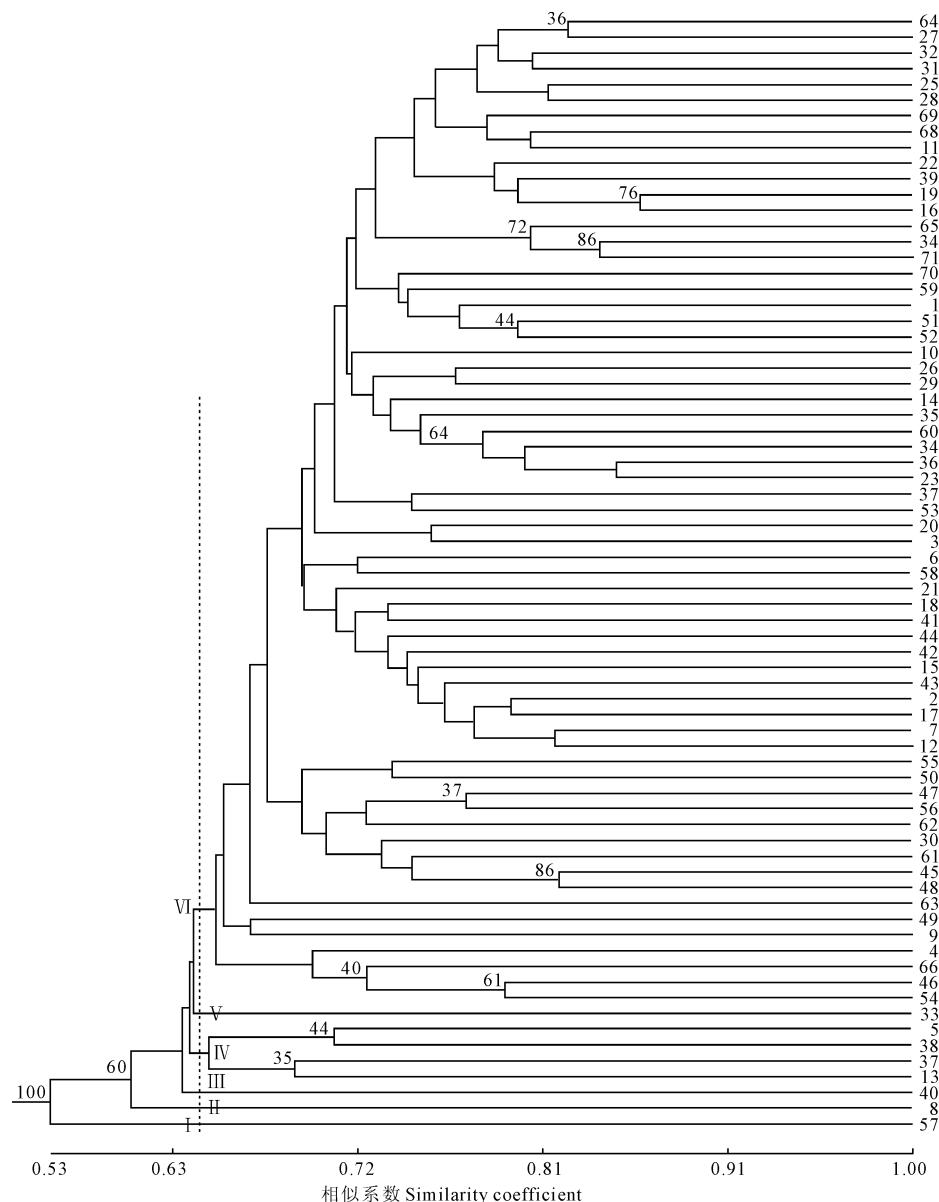


图 2 71 份桃资源 SCoT 标记聚类树状图  
材料代码同表 1; 节点处为 Bootstrap 值(仅标出大于 35% 的值)

Fig. 2 Dendrogram of 71 peach accessions generated by SCoT data using the UPGMA method

The material codes were the same as Table 1; Nei genetic distance with indication of  
Bootstrap values of 1000 datasets (only value above 35% listed)

白肉桃、黄肉桃、红肉桃等多个类别,SCoT 分子标记分析也表明贵州桃种质材料遗传多样性较为丰富。本研究发现具有不同性状的材料聚在亲缘关系很近的亚组中,如不同果形特征、果肉颜色的资源聚在了一起,说明仅从部分表观性状无法区分其亲缘关系的远近<sup>[18]</sup>;来自不同地区的样品互相交叉,这可能是贵州桃种质在相互引种过程中,发生了基因渗透<sup>[19]</sup>,这与贵州李资源研究结果类似<sup>[20]</sup>。同一类中同一地区的资源聚在一起,例如来自安顺地区关岭县的 6 份资源聚为一类,但来自毕节七星关区的

5 份资源聚为不同的 3 类,表明并不是来自同一地区的资源都聚为一类,说明桃资源亲缘关系的远近由基因型决定。

聚类结果表明大部分样品聚在亲缘关系相对较近的一类中,但也有个别资源材料聚为亲缘关系较远的其它类中,体现其独特性,如毕节市七星关区的 8 号,该资源为冬桃,反映其具有特异的遗传组成。此外,毕节市威宁县 57 号也单独聚为一类,这可能与毕节市威宁县高海拔地区的独特气候条件有关,在贵州李资源研究中也发现威宁县的资源特异性丰

富<sup>[20]</sup>,因此,需重视该地区特异资源的保存和利用。

尽管来自同一县份的血桃(31号和32号)和白花桃(16号和19号)聚在亲缘关系很近的亚组中,但它们也不完全是同一样品,这可能是繁殖过程中,部分单株发生了遗传变异,如32号单果重明显大于31号,因此,可加强这些资源优良单株的筛选。来

自贵阳和黔南州荔波县的两份青桃资源(20号和39号)亲缘关系较远,说明它们为同名异物。其它特异资源66号为油桃,33号果实成熟期较晚,53号为黄肉桃,对这些特异资源应进一步加强管理利用,以达到利用其遗传差异优势创造优良品种的目的。

## 参考文献:

- [1] YAO SH J(姚淑均), LI X L(李秀兰), YANG R(杨 莞), et al. The development and utilization of wild fruit tree germplasm resources in Guizhou Province[J]. *Seed(种子)*, 2005, 24(9): 48—51(in Chinese).
- [2] LUO F X(罗福贤), SUN X SH(孙旭绍). Investigatlon on germplasm resources of fruit in Qiannan mountainous area[J]. *Guizhou Agricultural Sciences(贵州农业科学)*, 1995, 23: 47—53(in Chinese).
- [3] FAN W G(樊卫国), ZHU W F(朱维藩), FAN E P(范恩普), et al. Germplasm resources of wild fruit tree in Guizhou Province[J]. *Journal of Guizhou University(Agricultural and Biological Science)(贵州大学学报·农业与生物科学版)*, 2002, 21(1): 32—38(in Chinese).
- [4] YANG X(杨 鑫), YANG J Q(杨家全), CHEN H(陈 红), et al. Genetic diversity analysis on the characteristics of fruit cores of wild peaches in Guizhou[J]. *Acta Bot. Boreal.-Occident. Sin. (西北植物学报)*, 2013, 33(11): 2 225—2 231(in Chinese).
- [5] COLLARD B C Y, MACKILL D J. Start codon targeted (SCoT) polymorphism:a simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants[J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 2009, 27(1): 86—93.
- [6] PETER P, ILDIKO V, MAARJA L, et al. Advances in plant gene-targeted and functional markers:a review[J]. *Plant Methods*, 2013, 9: 6. doi:10.1186/1746-4811-9-6
- [7] CHEN H(陈 虎), HE X H(何新华), LUO C(罗 聰), et al. Analysis on the genetic diversity of 24 Longan (*Dimocarpus longan*) accessions by SCoT markers[J]. *Acta Horticulturae Sinica(园艺学报)*, 2010, 37(10): 1 651—1 654(in Chinese).
- [8] HAN G H(韩国辉), WANG W X(汪卫星), XIANG S Q(向素琼), et al. Establishment and optimization of SCoT system in polyploidy loquats[J]. *Journal of Fruit Science(果树学报)*, 2011, 28(3): 433—437(in Chinese).
- [9] HAN G H(韩国辉), XIANG S Q(向素琼), WANG W X(汪卫星), et al. Establishment and application of SCoT molecular marker system for *Citrus*[J]. *Acta Horticulturae Sinica(园艺学报)*, 2011, 38(7): 1 243—1 250(in Chinese).
- [10] ZHANG J Y(张君玉), GUO D L(郭大龙), GONG Y(龚 莹), et al. Optimization of start codon targeted polymorphism PCR (SCoT-PCR) system in *Vitis vinifera*[J]. *Journal of Fruit Science(果树学报)*, 2011, 28(2): 209—214(in Chinese).
- [11] LUO C, HE X H, CHEN H, et al. Analysis of diversity and relationships among mango cultivars using start codon targeted (SCoT) markers[J]. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2012, 38(6): 1 176—1 184.
- [12] LUO C, HE X H, CHEN H, et al. Genetic diversity of mango cultivars estimated using SCoT and ISSR markers[J]. *Biochemical Systematics and Ecology*, 2011, 39(4—6): 676—684.
- [13] CHEN X L(陈香玲), SU W Q(苏伟强), LIU Y Q(刘业强), et al. Analysis on genetic diversity of 36 pineapple collections by SCoT markers[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences(西南农业学报)*, 2012, 25(2): 625—629(in Chinese).
- [14] DENG L B(邓立宝), HE X H(何新华), LI T W(李天文), et al. Investigation and analysis on the genetic diversity of persimmon germplasms in plateau of Northwest Guangxi[J]. *Acta Horticulturae Sinica(园艺学报)*, 2012, 39(2): 215—224(in Chinese).
- [15] YANG X Y(杨祥燕), CAI Y B(蔡元保), GUO L F(郭凌飞), et al. Establishment of SCoT amplification system and primer selection for *Carica papaya*[J]. *Journal of Tropical and Subtropical Botany(热带亚热带植物学报)*, 2012, 20(6): 578—584(in Chinese).
- [16] QIN G X(秦国新), HE Q(何 桥), LIANG G L(梁国鲁), et al. Establishment and optimization of SCoT-PCR system in *Fragaria*[J]. *Journal of Fruit Science(果树学报)*, 2012, 29(3): 393—397(in Chinese).
- [17] WANG F R(王富荣), TONG ZH G(佟兆国), ZHANG ZH(章 镇), et al. Study on improvement of DNA extraction method using tender leaves of wild peach[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences(江苏农业科学)*, 2006, (5): 66—69(in Chinese).
- [18] SHI H L(史红丽), HAN M Y(韩明玉), ZHAO C P(赵彩平). Genetic diversity analysis of *Prunus persica* using SRAP and SSR markers [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica(华北农学报)*, 2009, 24(6): 187—192(in Chinese).
- [19] 王富荣. 桃野生种质资源亲缘关系的 AFLP 分析[D]. 南京:南京农业大学,2006.
- [20] CHEN H(陈 红), YANG Y R(杨迤然). Genetic diversity and relationship of plum resources in Guizhou analysed by ISSR markers[J]. *Journal of Fruit Science(果树学报)*, 2014, 31(2): 175—180(in Chinese).