

- [8] Yeh F C, Yang R C, Boyle T B J, et al. *POPGENE Version 1.31, the User-friendly Shareware for Population Genetic Analysis* [M]. Edmonton: Molecular Biology and Biotechnology Center, University of Alberta, 1997.
- [9] Miller M P. *A Program for the Preparation of AMOVA Input Files from Dominant-marker Raw Data* [M]. Flagstaff: Northern Arizona University, 1998.
- [10] Excoffier L. *Analysis of Molecular variance (AMOVA)* [M]. Geneva: University of Geneva, 1993.
- [11] Miller M P. *Tools for Population Genetics Analysis (TFPGA)* [M]. Flagstaff: Northern Arizona University, 1997.
- [12] 张颖娟, 杨 持. 中国特有种四合木种群遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. 生态学报, 2002, 22(11): 1917-1922.
- [13] 刘登义, 储 玲, 杨月红, 等. 珍稀濒危植物天目木兰 (*Magnolia amoena*) 遗传多样性的 RAPD 分析 [J]. 应用生态学报, 2004, 15(7): 1139-1142.
- [14] 苏何玲, 唐绍清. 濒危植物资源冷杉遗传多样性研究 [J]. 广西植物, 2004, 24(5): 414-417.
- [15] 张志勇, 李德珠. 极度濒危植物五针白皮松的保护遗传学研究 [J]. 云南植物研究, 2003, 25(5): 544-550.
- [16] 马逾英, 熊 英, 贾敏如, 等. 川白芷种质的 RAPD 遗传标记研究 [J]. 世界科学技术-中医药现代化, 2004, 6(2): 76-79.

采用 ISSR 分子标记进行草珊瑚 8 个种源的遗传多样性分析

倪开诚¹, 闵 芳¹, 郭卫东^{1*}, 斯金平², 张真真¹, 李欢津^{1*}

(1. 浙江师范大学化学与生命科学学院, 浙江 金华 321004; 2. 浙江林学院, 浙江 临安 311300)

摘要:目的 研究草珊瑚的遗传多样性及不同种源之间的遗传关系, 为保护种质资源奠定基础。方法 采用 ISSR 分子标记对 8 个种源共 51 个草珊瑚样品进行了 DNA 分子水平的分析评价, 用 Popgen32 软件计算遗传多样性和遗传距离, 通过 UPCMA 法进行聚类分析。结果 筛选出 10 条多态性 ISSR 引物用于草珊瑚不同样品的 ISSR-PCR, 检测得到 111 个位点, 其中 106 个为多态性位点, 约占 95.50%。草珊瑚不同种源间遗传距离在 0.034 7~0.185 0。8 个种源总遗传多样性主要来自种源内遗传变异, 种源间分化指数 $G_{st}=0.340\ 3$ 。结论 8 个草珊瑚种源大体可以分成 2 大类群。且根据遗传距离与产地海拔高度的关系, 可以将其划分为较高海拔类群 (800~900 m)、较低海拔类群 (250~300 m)、中等海拔类群 (600 m)。

关键词:草珊瑚; ISSR; 遗传多样性; 聚类分析

中图分类号:R282.7

文献标识码:A

文章编号:0253-2670(2008)09-1392-05

Analysis on genetic diversity of *Sarcandra glabra* collected from eight provenance based on ISSR markers

NI Kai-cheng¹, MIN Fang¹, GUO Wei-dong¹, SI Jin-ping², ZHANG Zhen-zhen¹, LI Huan-jin¹

(1. College of Chemistry and Life Science, Zhejiang Normal University, Jinhua 321004, China;

2. Zhejiang Forestry University, Lin'an, 311300, China)

Abstract: Objective *Sarcandra glabra* is a widely-used Chinese medicinal herb, but the wild germplasm resources were decreasing. In order to protect the germplasm resources, the genetic diversity and genetic relationship among the various provenances should be analyzed. **Methods** ISSR Molecular markers were used to analyze the genetic diversity of *S. glabra* collected from eight provenances. The genetic diversity, genetic distance, and cluster analysis were performed by Popgen32 software and UPCMA method. **Results** Ten screened polymorphic primers were used in ISSR-PCR and 111 bands were amplified, among them including 106 polymorphic bands that were about 95.50%. Genetic distance of eight different provenances were ranged from 0.034 7—0.185 0. The genetic diversity of *S. glabra* mainly came from the interior variation of every provenance, for $G_{st}=0.340\ 3$. **Conclusion** Provenances of *S. glabra* can be divided into two groups and based on the relationship of genetic distance and altitude, the provenances can be divided as follows: correspondingly higher altitude group (800—900 m); correspondingly lower altitude group (250—300 m); middling altitude group (600 m).

Key words: *Sarcandra glabra* (Thunb.) Nakai; ISSR; genetic diversity; cluster analysis

收稿日期: 2007-12-11

基金项目: 浙江省科技计划项目 (2006C23008)

作者简介: 倪开诚 (1982—), 男, 浙江永康, 现为浙江师范大学生化学院植物生物技术方向在读研究生。E-mail: nkc1982@163.com

* 通讯作者: 郭卫东 E-mail: gwd@zjnu.cn

草珊瑚 *Sarcandra glabra* (Thunb.) Nakai 别名接骨金粟兰、肿节风、九节风、九节茶等^[1], 属金粟兰科 (Chloranthaceae) 草珊瑚属 (*Sarcandra* Gardn.) 常绿半灌木, 在我国主要分布于长江以南如华东、华南及西南各省区^[2,3]。草珊瑚是一种广谱中药材, 全株可入药, 药性温, 味苦、辛, 具有清热解毒、祛风通络、活血散结、抗菌消炎之功能, 常用于治疗由细菌感染引起的炎症、高热及预防手术感染等, 具有很高的药用价值。《中国药典》2005年版列为法定药材使用。近几年来, 草珊瑚野生资源急剧减少, 药材质量参差不齐, 通过人工栽培提高草珊瑚药材来源的稳定性是保障草珊瑚资源可持续利用, 以及相关制药业可持续发展的必然要求。为了有效地进行草珊瑚栽培, 开展资源评价研究是非常必要的。目前, 草珊瑚相关研究主要在生物活性成分分析方面, 对草珊瑚资源进行DNA分子水平评价的研究尚未见报道, 而DNA分子水平评价可以从遗传背景出发

判断种质材料之间的差异, 为种质资源的评价提供更加稳定、可靠的参考依据。

ISSR (intel-simple sequence repeat) 即简单序列重复区间扩增多态性分子标记^[4], 是近年来发展起来的十分有效的分子标记技术, 具有稳定、多态性高, 简便及易操作等优点。目前已在多种动植物的亲缘关系、种质鉴定、遗传作图、基因定位、遗传多样性等研究方面得到应用^[4~9]。本实验应用ISSR标记对不同种源的草珊瑚进行DNA分子水平的分析评价, 以了解不同种源草珊瑚的遗传多样性, 为进一步开展草珊瑚优良品种筛选和栽培利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料: 分别采集8个种源共51个样品, 除江西新干和江西遂川为栽培种源外其余都为野生种源, 均经斯金平教授鉴定。见表1。每个样品分别提取DNA, 用于ISSR分析。

1.2 方法

表1 草珊瑚不同种源的概况及样品编号

Table 1 General situation of various provenances and sample codes of *S. glabra*

序号	种源地	样品数量	样品编号	海拔/m	经度	纬度
1	浙江缙云(野生)	5	JY-1~JY-5	600	120.6°	28.67°
2	江西新干(栽培)	8	XG-1~XG-8	200	115.4°	27.77°
3	江西遂川(栽培)	8	SC-1~SC-8	500	114.5°	26.33°
4	江西信丰(野生)	7	XF-1~XF-7	300	114.95°	25.4°
5	福建长汀(野生)	5	CD-1~CD-5	250	116.37°	25.85°
6	福建南平(野生)	6	NP-1~NP-6	600	118.17°	26.65°
7	浙江泰顺(野生)	5	TS-1~TS-5	800	119.7°	27.57°
8	广西东兰(野生)	7	DL-1~DL-7	900	107.37°	24.53°

1.2.1 DNA的提取: DNA的提取方法为改良CTAB大量提取法, 参考王关林等^[10]方法并略加修改。用紫外分光光度计测定总DNA在230、260、280 nm的吸光度(A), 通过 A_{260}/A_{230} 及 A_{260}/A_{280} 比值和1%琼脂糖凝胶电泳检测提取DNA的浓度和质量, 并稀释至50 ng/ μ L备用。

1.2.2 ISSR引物合成: 根据加拿大British Columbia大学公布的ISSR引物序列设计^[5], 由上海生工生物技术公司合成。

1.2.3 PCR扩增条件及程序: 采用25 μ L反应体系进行PCR扩增, 其中含50 ng/ μ L模板DNA 1.0 μ L、10 μ mol/L随机引物 1.0 μ L、10 $\times$ Buffer 2.5 μ L、2.5 mmol/L dNTPs 2.0 μ L、1 U Taq DNA聚合酶, 加无菌超纯水使总体积达到25 μ L。反应程序为94 $^{\circ}$ C预变性5 min, 然后进行94 $^{\circ}$ C变性30 s、不同退火温度下退火40 s、72 $^{\circ}$ C延伸50 s的循环反应, 共40个循环, 最后于72 $^{\circ}$ C下延伸5 min, 4 $^{\circ}$ C保存。采用的

PCR仪为Bio-Rad Thermal My Cycler。

1.2.4 PCR产物的电泳检测: 扩增产物采用2%琼脂糖凝胶电泳, 溴化乙锭染色, 电泳缓冲液为1 $\times$ TAE, 采用Bio-Rad Universal hold I凝胶成像分析仪进行图像处理。

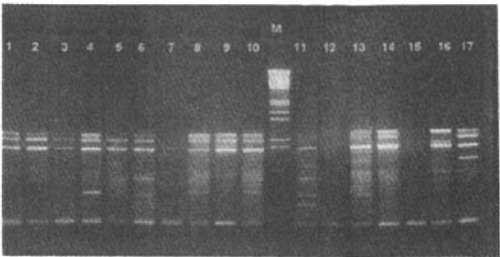
1.2.5 数据分析: 将电泳条带按有无分别赋值为“1”和“0”, 模糊不清的条带不计, 统计后转换为数值矩阵。利用Popgen 32软件进行遗传多样性分析, 计算种源间的Nei's遗传相似系数和遗传距离, 并根据Nei's遗传距离利用UPGMA法(非加权配对算术平均法)对群体进行聚类分析, 构建亲缘关系图。利用Past软件按照Ward's相似性系数对所有个体进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 草珊瑚ISSR扩增产物多态性: 以浙江缙云草珊瑚DNA为模板, 对合成的ISSR引物进行筛选。以扩增条带清晰、重复性好、可获得4个以上扩增片段

的引物作为候选引物。本研究选用其中扩增效果较好的 UBC836、UBC835、UBC846、UBC856、UBC807、UBC808、UBC809、UBC811、UBC840 和 UBC842 共 10 条引物用于草珊瑚 ISSR-PCR 扩增。对 8 个种源地共 51 个草珊瑚样品进行 ISSR 扩增,获得了清晰的扩增条带,而且多态性丰富(图 1)。10 条引物共检测得到了 111 个位点,其中 106 个为多态性位点,约占 95.50%,扩增产物条带大小主要集中于 200~2 000 bp。其中,以引物 UBC856 扩增出条带最多,共检测到 19 个位点,多态性比率 100%,另外 UBC835、UBC809、UBC811 和 UBC840 多态性比率均高达 100%,其他不同引物的扩增结果多态性位点比例也在 90% 以上,多态性较高(表 2)。

2.2 草珊瑚 8 个种源的遗传多样性:根据 Popgen 32 软件计算,草珊瑚 8 个种源总的遗传多样性(H_t)



M-DNA 标记(ADNA/Hind ■ +EcoRI) 泳道 1~17-样品编号 SY-1~SC-4 顺序见表 1
M-Lambda DNA×EcoRI+Hind ■ Marker
lane 1—17-JY-1—SC-4 in order shown as in Table 1

图 1 ISSR 引物 UBC836 对部分草珊瑚样品的扩增结果
Fig. 1 PCR Results of some samples of *S. glabra* using ISSR primer UBC836

表 2 10 种不同的 ISSR 引物及扩增结果

Table 2 Amplification results of ten different ISSR primers on <i>S. glabra</i>					
引物	引物序列(5'-3')	退火温度/℃	扩增总带数	多态性带数	多态性位点百分率/%
UBC835	(AG) ₈ YC	50	8	8	100
UBC836	(AG) ₈ YA	50	10	9	90
UBC846	(CA) ₈ RT	50	12	11	91.67
UBC856	(CA) ₈ Yg	50	19	19	100
UBC807	(AG) ₈ T	50	11	10	90.91
UBC808	(AG) ₈ C	52	10	9	90
UBC809	(AG) ₈ G	54	6	6	100
UBC811	(GA) ₈ C	52	15	15	100
UBC840	(GA) ₈ YC	55	10	10	100
UBC842	(GA) ₈ YG	52	10	9	90

0.234 4 大于各种源内遗传多样性(H_s)0.154 6。种源间分化指数 G_{st} =0.340 3,表明 8 个种源总遗传多样性主要来自种源内的遗传变异,占 65.97%;而种源间的遗传变异只占 34.03%。居群每代迁移数(N_m)是测量基因流的一种方法,据 $N_m=0.5(1-G_{st})/G_{st}$ 计算出 $N_m=0.969 1$,说明种源间存在一定的基因交流。

应用 Nei's 基因多样化指数(H)、Shannon' 信息指数(I)、多态性条带百分率(PPB)、观测等位基因数(N_o)、有效等位基因数(N_e)对草珊瑚各个种源

进行了遗传多样性分析(表 3)。结果表明,各种源 I 在 0.168 8~0.315 3,江西新干最高为 0.315 3,最低的为福建长汀 0.168 8。江西省作为草珊瑚的主产地之一,其种源的各项多样性指数都明显高于其他种源。 H 和 I 的估测结果基本一致,只是 H 值偏低一些。

2.3 草珊瑚 8 个种源的遗传距离分析:通过 Nei (1978)计算各种源间遗传距离和遗传相似性(表 4)。各种源间遗传相似性在 0.831 1~0.965 6,遗传距离在 0.034 7~0.185 0,说明不同种源的草珊瑚之间虽

表 3 各种源地遗传多样性分析

Table 4 Analysis on genetic diversity of every provenance							
种源	居群代号	采样数	N_o	N_e	H	I	PPB/%
浙江缙云	Pop1	5	1.468 5	1.261 8	0.157 7	0.239 6	46.85
江西新干	Pop2	8	1.639 6	1.354 0	0.208 1	0.315 3	63.96
江西遂川	Pop3	8	1.612 6	1.350 8	0.203 9	0.307 1	61.26
江西信丰	Pop4	7	1.468 5	1.268 6	0.155 4	0.234 0	46.85
福建长汀	Pop5	5	1.306 3	1.201 7	0.114 2	0.168 8	30.63
福建南平	Pop6	6	1.387 4	1.234 7	0.134 1	0.200 6	38.74
浙江泰顺	Pop7	5	1.324 3	1.209 6	0.119 3	0.176 9	32.43
广西东兰	Pop8	7	1.414 4	1.245 5	0.144 2	0.216 4	41.44

表 4 草珊瑚 8 个种源遗传距离(左下)与遗传相似性分析(右上)

Table 4 Genetic distance (below diagonal) and similarity (above diagonal) of eight provenances

序号	1	2	3	4	5	6	7	8
1		0.931 2	0.942 2	0.909 3	0.879 8	0.931 6	0.842 4	0.842 8
2	0.071 3		0.965 9	0.905 2	0.881 1	0.947 1	0.897 0	0.886 9
3	0.059 5	0.034 7		0.946 4	0.921 2	0.948 3	0.898 3	0.875 3
4	0.095 1	0.099 6	0.055 0		0.939 8	0.946 8	0.892 0	0.866 8
5	0.128 1	0.126 6	0.082 0	0.062 1		0.916 7	0.887 9	0.831 1
6	0.070 8	0.054 4	0.053 1	0.054 7	0.087 0		0.917 7	0.895 8
7	0.171 5	0.108 7	0.107 2	0.114 3	0.118 8	0.085 9		0.953 3
8	0.171 1	0.120 0	0.133 2	0.142 9	0.185 0	0.110 0	0.047 3	

然存在不同程度的遗传差异,但总体上种源间亲缘关系较近。其中江西新干与江西遂川之间遗传距离最小($D=0.034\ 7$),福建长汀与广西东兰之间的遗传距离最大($D=0.185\ 0$)。

2.4 草珊瑚 8 个种源的聚类分析:根据 Nei's 遗传距离利用 UPGMA 法进行聚类分析,构建种源的遗传距离聚类图(图 2)。结果表明,8 个草珊瑚种源大体可以分成 2 大类群,浙江缙云、江西新干、江西遂

川、福建南平、江西信丰和福建长汀构成第 1 大类群,浙江泰顺和广西东兰划为第 2 大类群。第 1 大类群又明显地可以划分成两个小类群,江西信丰和福建长汀聚在一起构成一个小类群,浙江缙云、江西新干、江西遂川、福建南平则构成另外一个小类群。

类群的划分与行政区划和种源之间的地理距离关系不大。例如同属浙江省的缙云与泰顺其草珊瑚种源的遗传距离很远,而浙江的泰顺与广西的东兰地理位置很远,但其草珊瑚种源的遗传距离却很近。考察不同产地的海拔高度不难发现,草珊瑚野生种源的遗传距离与其产地的海拔高度有着密切的关系。第 2 大类群(浙江泰顺与广西东兰)分布在较高海拔(800 和 900 m);第 1 大类群的第 1 小类群(江西信丰和福建长汀)分布在较低海拔(250 和 300 m);第 1 大类群的第 2 小类群(浙江缙云、福建南平)分布在中等海拔(600 m)。江西新干和江西遂川为栽培种源由于存在人为的基因交流,与海拔高度关系相对较小。

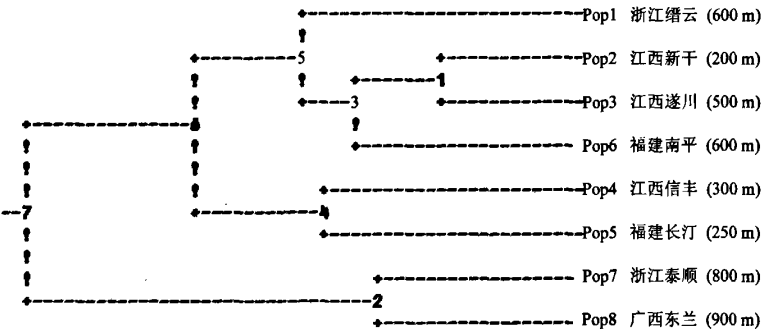


图 2 8 个草珊瑚种源聚类图(种源地后数字为海拔高度)

Fig. 2 Dendrogram based on eight provenances of *S. glabra* (number behind is altitude of provenance)

2.5 草珊瑚不同种源 51 个样品的聚类分析:运用 Past 软件按照 Ward's method,对所有 51 个样品进行聚类分析(图 3)。从整体上看,所得到的全部样品的遗传关系聚类图与不同种源的 UPGMA 聚类图,在遗传结构与遗传关系上相吻合,有比较好的一致性。

从 51 个样品的聚类图可以看出,浙江泰顺、广西东兰、福建南平 3 个产地的草珊瑚种源区域性特点显著,同一产地不同样品间遗传距离近。浙江缙云的 5 个样品在聚类图中的分布分散而且跨度大,表明该产地种源的变异比其他产地大,无明显种源区域性特点。其他 4 个产地的种源区域性特点介于上述两种类型之间。江西新干和江西遂川主要为栽培种源,在人为栽培条件下草珊瑚主要是通过分株和

扦插进行繁殖和栽培,品种来源具有多样性,且两地种源之间可能存在人为基因交流,所以江西新干和江西遂川的样品聚类结果中出现遗传关系交叉现象。

3 讨论

本研究通过 ISSR 分子标记方法和聚类分析对 8 个种源地草珊瑚的遗传多样性进行了探讨。研究结果表明,草珊瑚不同种源之间的遗传距离与行政区划和地理距离无相关性。这可能由于种源间存在的地理隔离和不同生境条件所决定,虽然在行政区划上同属一个省份或地理距离较近,但这不代表他们所处的生境条件一样,相反有些不同来源且地理距离较远的种源,其遗传距离却很近,如浙江泰顺和广

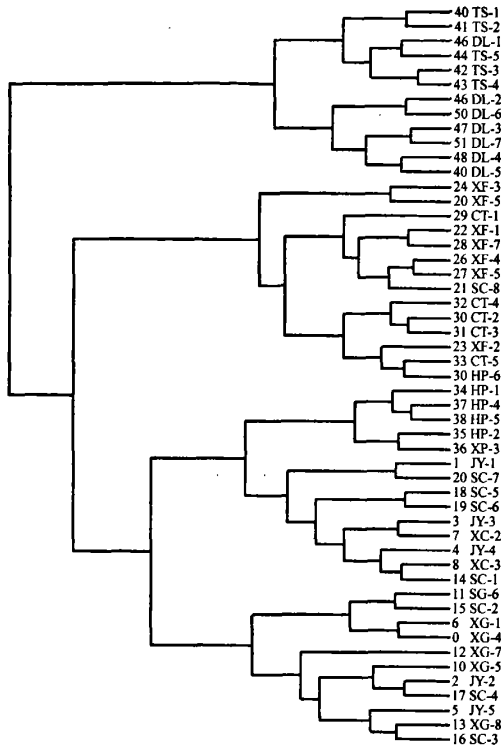


图3 草珊瑚个体水平的聚类结果

Fig. 3 Dendrogram of all individual samples of *S. glabra*

西东兰、江西信丰和福建长汀,这可能是由于种源地间所处相似的小生境所决定的。根据聚类结果,结合在调查采样时记录的各产地海拔高度,发现草珊瑚种源的遗传距离与其产地的海拔高度有着密切的关系。除江西新干(海拔200 m)和江西遂川(海拔500 m)海拔高度相差大,而遗传距离较近外,7个种源可以根据遗传距离和产地海拔高度划分为:较高海拔类群(浙江泰顺与广西东兰),海拔高度800~900 m;较低海拔类群(江西信丰和福建长汀),海拔高度250~300 m;中等海拔类群(浙江缙云、江西遂川、

福建南平),海拔高度500~600 m。

在采集样品时发现许多传统产区已经无药可采,许多药效品质好的优良种质如不及时收集和保存,有可能会永久消失,而且不同产地的野生药材有效成分存在显著差异,严重影响中成药的质量。有些种源草珊瑚表现出比较明显的种源区域性特点,如浙江泰顺、广西东兰、福建南平,同一产地不同样品间遗传距离近;也有些种源地不存在种源区域性特点,如浙江缙云,同一产地不同样品间遗传距离较远。所以,为了保障草珊瑚资源的可持续性利用,必须加大草珊瑚种质资源收集保存的力度,而且在收集不同产地的草珊瑚种质资源时,应尽可能广泛地收集,不仅要在每个种源中取足够多的个体,而且要在尽可能多的居群中取样,最大限度地收集草珊瑚的遗传多样性,并建立规模化、标准化的种质资源圃,进行保护性栽培,为优良品种筛选、种质创新和栽培利用奠定基础。

参考文献:

- [1] 程用谦,陈德昭,吴国芳. 中国植物志(第二十卷) [M]. 北京:科学出版社,1982.
- [2] 周浙昆. 金粟兰科的起源、演化及其分布 [J]. 云南植物研究,1993,15(4): 321-331.
- [3] 徐璐珊,徐国钧. 中国药材学 [M]. 北京:中国医药科技出版社,1996.
- [4] 王家保,王令霞,杜中军,等. 部分芒果品种亲缘关系的ISSR分析 [J]. 园艺学报,2007,34(1): 87-92.
- [5] 徐莉,赵桂仿. 微卫星DNA标记技术及其在遗传多样性研究中的应用 [J]. 西北植物学报,2002,22(3): 714-722.
- [6] 张青林,罗正荣. ISSR及其在果树上的应用 [J]. 果树学报,2004,21(1): 54-58.
- [7] 潘敏慧,冯振月,田志强,等. 家蚕胚胎细胞系的DNA指纹图谱分析 [J]. 分子细胞生物学报,2006,39(6): 537-543.
- [8] 郑芳,吕秀玲,孙红英,等. ISSR标记在河蟹种质检测中的应用 [J]. 中国水产科学,2007,14(1): 46-51.
- [9] Escandón A S, Zelener N, de la Torre M P, et al. Molecular identification of new varieties of *Nierembergia linariaefolia* (Graham), a native Argentinean ornamental plant [J]. J Appl Genet, 2007, 48(2): 115-123.
- [10] 王关林,方宏筠. 植物基因工程原理与技术 [M]. 北京:科学出版社,1998.

敬告读者

《中草药》杂志编辑部尚存部分过刊合订本,包括:1974-1975年、1976年、1979年、1985-1994年(80元/年),1995-1997年(110元/年),1998年(120元/年),1999年(135元/年),2000年(180元/年),2001-2003年(200元/年),2004年(220元/年),2005年(260元/年),2006年(280元/年),2007年(280元/年)。1996年增刊(50元),1997年增刊(45元),1998年增刊(55元),1999年增刊(70元),2000年增刊(70元),2001年增刊(70元),2002年增刊(65元),2003年增刊(65元),2004年增刊(65元),2005年增刊(65元),2006年增刊(65元),2007年增刊(65元)。欢迎订购。订购者请直接与《中草药》杂志编辑部联系。

电话:(022) 27474913 23006821

传真:(022) 23006821

E-mail: zcyzjb@sina.com

采用ISSR分子标记进行草珊瑚8个种源的遗传多样性分析

作者：[倪开诚](#), [闵芳](#), [郭卫东](#), [斯金平](#), [张真真](#), [李欢津](#), [NI Kai-cheng](#), [MIN Fang](#), [GUO Wei-dong](#), [SI Jin-ping](#), [ZHANG Zhen-zhen](#), [LI Huan-jin](#)

作者单位：[倪开诚, 闵芳, 郭卫东, 张真真, 李欢津, NI Kai-cheng, MIN Fang, GUO Wei-dong, ZHANG Zhen-zhen, LI Huan-jin](#) (浙江师范大学化学与生命科学学院, 浙江, 金华, 321004), [斯金平, SI Jin-ping](#) (浙江林学院, 浙江, 临安, 311300)

刊名：[中草药](#) **ISTIC** **PKU**

英文刊名：[CHINESE TRADITIONAL AND HERBAL DRUGS](#)

年, 卷(期): 2008, 39 (9)

被引用次数: 7次

参考文献(10条)

- 程用谦;陈德昭;吴国芳 [中国植物志](#) 1982
- 周浙昆 [金粟兰科的起源、演化及其分布](#) [期刊论文]-[云南植物研究](#) 1993 (04)
- 徐珞珊;徐国钧 [中国药材学](#) 1996
- 王家保;王令霞;杜中军 [部分丰亡果品种亲缘关系的ISSR分析](#) [期刊论文]-[园艺学报](#) 2007 (01)
- 徐莉;赵桂仿 [微卫星DNA标记技术及其在遗传多样性研究中的应用](#) [期刊论文]-[西北植物学报](#) 2002 (03)
- 张青林;罗正荣 [ISSR及其在果树上的应用](#) [期刊论文]-[果树学报](#) 2004 (01)
- 潘敏慧;冯振月;田志强 [家蚕胚胎细胞系的DNA指纹图谱分析](#) [期刊论文]-[分子细胞生物学报](#) 2006 (06)
- 郑芳;吕秀玲;孙红英 [ISSR标记在河蟹种质检测中的应用](#) [期刊论文]-[中国水产科学](#) 2007 (01)
- Escand(o)n A S;Zelener N;de la Torte M P [Molecular identification of new varieties of Nierembergia linariaefolia \(Graham\), a native Argentinean ornamental plant](#) [外文期刊] 2007 (02)
- 王关林;方宏筠 [植物基因工程原理与技术](#) 1998

本文读者也读过(10条)

- [张波](#), [孟学平](#), [陈建安](#), [ZHANG Bo](#), [MENG Xueping](#), [CHEN Jianan](#) [西施舌ISSR-PCR扩增条件优化](#) [期刊论文]-[海洋湖沼通报](#)2008 (1)
- [夏德安](#), [魏志刚](#), [杨传平](#), [刘关君](#), [Xia Dean](#), [Wei Zhigang](#), [Yang Chuanping](#), [Liu Guanjun](#) [白桦长纤维性状ISSR和SCAR标记的分析](#) [期刊论文]-[东北林业大学学报](#)2008, 36 (9)
- [赵杨](#), [王秀荣](#), [何可权](#), [唐荣华](#) [贵州石笔木DNA提取与ISSR-PCR反应体系的建立](#) [期刊论文]-[安徽农业科学](#) 2008, 36 (29)
- [孙始威](#), [孙振兴](#), [陈燕妮](#), [吴克](#), [SUN Shi-wei](#), [SUN Zhen-xing](#), [CHEN Yan-ni](#), [WU Ke](#) [扁玉螺ISSR-PCR反应体系的建立及其优化](#) [期刊论文]-[湖北农业科学](#)2008, 47 (5)
- [顾婧婧](#), [金则新](#), [李钧敏](#), [李建辉](#), [毕泉鑫](#), [GU Jing-jing](#), [JIN Ze-xin](#), [LI Jun-min](#), [LI Jian-hui](#), [BI Quan-xin](#) [乌药ISSR扩增条件的优化](#) [期刊论文]-[西北林学院学报](#)2008, 23 (6)
- [孟芳](#), [袁庆华](#), [苏德荣](#), [高建明](#), [Meng Fang](#), [Yuan Qinghua](#), [Su Derong](#), [Gao Jianming](#) [苜蓿抗褐斑病基因ISSR标记的筛选及验证](#) [期刊论文]-[植物保护](#)2008, 34 (4)
- [卢萍](#), [陈曦](#), [赵萌莉](#), [LU Ping](#), [CHEN Xi](#), [ZHAO Meng-li](#) [砂珍珠豆ISSR-PCR反应条件优化研究](#) [期刊论文]-[华北农学报](#)2008, 23 (5)
- [罗群](#), [马丹炜](#), [王跃华](#), [LUO Qun](#), [MA Dan-wei](#), [WANG Yue-hua](#) [川乌遗传多样性的ISSR鉴定](#) [期刊论文]-[中草药](#) 2006, 37 (10)
- [杨太有](#), [关建义](#), [陈宏喜](#), [汪亚平](#), [YANG Tai-You](#), [GUAN Jian-Yi](#), [CHEN Hong-Xi](#), [WANG Ya-Ping](#) [丹江口水库赤眼鳟\(Squaliobarbus curriculus\)遗传多样性的RAPD和ISSR分析](#) [期刊论文]-[海洋与湖沼](#)2008, 39 (2)
- [袁庆华](#), [张君艳](#), [YUAN Qing-hua](#), [ZHANG Jun-yan](#) [苜蓿假盘菌ISSR反应体系优化及指纹图谱构建](#) [期刊论文]-[草](#)

引证文献(7条)

1. [方磊](#), [罗光明](#), [蔡财军](#), [熊诗华](#), [张剑](#), [王蒙](#) 草珊瑚种子遗传多样性的酯酶同工酶研究[期刊论文]-[江西中医学院学报](#) 2011(3)
2. [郭丁丁](#), [马逾英](#), [唐琳](#), [陈要臻](#), [吕强](#) 白芷种质资源遗传多样性的ISSR研究[期刊论文]-[中草药](#) 2009(10)
3. [张春平](#), [何平](#), [胡世俊](#), [王瑞波](#), [张益锋](#), [刘长坤](#), [高姗](#) 黄连遗传多样性的ISSR分析[期刊论文]-[中草药](#) 2009(10)
4. [陈大霞](#), [李隆云](#), [吴叶宽](#), [张雪](#), [蔡应繁](#) 灰毡毛忍冬自然群体遗传多样性的SRAP研究[期刊论文]-[中草药](#) 2011(1)
5. [药用菊花种质资源遗传多样性的ISSR分析](#)[期刊论文]-[中草药](#) 2009(12)
6. [张春平](#), [何平](#), [何俊星](#), [类淑桐](#), [胡世俊](#) ISSR分子标记对金荞麦8个野生居群的遗传多样性分析[期刊论文]-[中草药](#) 2010(9)
7. [徐艳琴](#), [刘小丽](#), [黄小方](#), [葛菲](#) 草珊瑚的研究现状与展望[期刊论文]-[中草药](#) 2011(12)

本文链接: http://d.wanfangdata.com.cn/Periodical_zcy200809037.aspx