

中国枣属植物亲缘关系的 SRAP 分析

李 莉, 彭建营, 白瑞霞

(河北农业大学园艺学院, 河北保定 071001)

摘要: 【目的】从分子水平研究中国枣属植物的系统发育, 探讨枣属属下种间及种下分类单元间的亲缘关系, 为自然的枣属植物分类系统的建立提供新的分子证据, 同时为中国枣种质资源的保护和利用提供科学依据。

【方法】利用 SRAP 标记方法对原产中国的枣属全部 14 个种、11 个枣品种和 1 个外类群的基因组 DNA 进行分析。

【结果】筛选出的 19 对 SRAP 引物组合对 26 份供试材料共扩增出 580 条 DNA 带, 其中 570 条为多态带(占 98.28%), 平均每个引物扩增多态性带 30 条。26 份材料间的遗传相似系数变化范围为 0.22~0.99。UPGMA 聚类表明, 26 份材料在相似系数 0.38 处被划分为 6 个类群。【结论】SRAP 标记技术能很好地用于枣属植物亲缘关系的研究, 枣和酸枣应该作为 1 个种处理, 可进一步分为 2 个亚种, 给予新学名为原亚种枣 *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *jujuba*; 亚种酸枣 *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *spinosa* (Bunge) J.Y. Peng, X.Y. Li et L. Li; 蜀枣、山枣和大果枣应该起源于一个较近的共同祖先, 蜀枣和山枣应该归并为 1 个种, 合并后以山枣学名为准; 原亚种枣下不宜设变种。

关键词: 枣属植物; 亲缘关系; SRAP; 聚类分析

Analysis on the Genetic Relationships of Chinese *Ziziphus* with SRAP Markers

LI Li, PENG Jian-ying, BAI Rui-xia

(College of Horticulture, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001, Hebei)

Abstract: 【Objective】 The phylogeny and genetic relationships of Chinese *Ziziphus*'s germplasm resources were studied at molecular levels for providing new molecular evidences of classification, protection and utilization of germplasm resources of *Ziziphus*. 【Method】 The sequence-related amplified polymorphism (SRAP) was assessed to analyze the genetic relationships among 14 species of *Ziziphus*, 11 cultivars of *Z. jujuba* Mill. and one outgroup. 【Result】 A total of 580 DNA bands were amplified by 19 selective primers, 570 of which (98.28%) were polymorphic. The average number of polymorphic DNA bands amplified by each primer was 30. The genetic similarities of 26 materials ranged at 0.22 to 0.99. UPGMA method cluster analysis showed that 26 materials were classified into six cluster groups with the genetic similarity of 0.38. 【Conclusion】 The results showed that SRAP technique is efficient in studying genetic relationships among *Ziziphus*. *Z. jujuba* Mill. and *Z. acidojujuba* C. Y. Cheng et M. J. Liu should be treated as a species, and further infraspecific classification of *Z. jujuba* Mill. should be classified into two subspecies. The scientific names of new taxa (Chinese jujube and wild jujube) were *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *jujuba* and *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *spinosa* (Bunge) J.Y. Peng, X.Y. Li et L.Li respectively. *Z. xiangchengensis* Y. L.Chen et P. K.Chou, *Z. montana* W.W. Smith and *Z. mairei* Dode may originate from same ancestry *Z. xiangchengensis* Y. L. Chen et P. K. Chou and *Z. montana* W.W. Smith should be treated as a species. The infraspecific taxon of *Z. jujuba* Mill. is not suitable to set up varieties.

Key words: *Ziziphus* Mill.; genetic relationships; SRAP; cluster analysis

0 引言

【研究意义】枣属 (*Ziziphus* Mill.) 是鼠李科

(Rhamnaceae) 50 多个属中最具经济价值的 1 个属。全球约有 170 种。中国是世界上枣属植物较丰富的国家, 有 18 种, 其中原产中国的有 14 种。自本属建立

收稿日期: 2008-07-30; 接受日期: 2008-09-28

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (30270927)、河北省自然科学基金项目 (C2004000363)

作者简介: 李 莉 (1982-), 女, 山东聊城人, 硕士, 研究方向为果树分子生物学。E-mail: lily-1543@tom.com。通信作者彭建营 (1965-), 男, 河北大城人, 教授, 博士, 研究方向为果树分子生物学、遗传育种和生物技术。Tel: 0312-7528315; E-mail: pjy@hebau.edu.cn

以后的近两个半世纪中, 各国学者虽然在资源调查和新种描述方面做了不少工作, 但由于缺乏对整属的综合性研究, 枣属的属下系统划分基本属空白。掌握和研究枣属植物属下各类群间及种间的亲缘关系, 为深入研究枣属属下的分类问题提供新的分子证据, 同时为中国枣种质资源的保护和利用提供科学依据, 具有重要意义。【前人研究进展】Liu 等^[1]于 1995 年根据枣属植物结果枝的脱落性、器官的被毛及地理分布等特征, 提出了枣属植物属以下的分类系统, 即首先依结果枝是否脱落及植体被毛与否等将枣属植物分为枣组和宿枝组。同时将后者据花序类型、子房和果实被毛情况及内果皮厚薄等划分为聚伞花序系和聚伞圆锥花序系; 彭建营等^[2]利用 RAPD 技术探讨中国枣的种下划分, 认为传统上根据枝、叶、果等的变异对枣变种的划分是不自然的, 宜并入其原变种, 枣的种下不宜设变种。李学营^[3]基于 rDNA 的 ITS 及 cpDNA 的 psbA-trnH 序列对中国枣属植物的系统发育进行研究, 探讨了枣属植物属下的亲缘关系。刘平等^[4]应用 RAPD 标记技术探讨枣与酸枣的分类学关系, 认为从

群体遗传学角度, 枣和酸枣宜作为 2 个独立的种。【本研究切入点】随着 SRAP 标记技术的发展, 该方法已被广泛用于遗传图谱的构建、基因定位克隆、遗传多样性分析、比较基因组学研究等方面^[5-16], 已成为植物遗传多样性和分类研究的有效手段。但有关 SRAP 技术在枣属植物亲缘关系及分类学的研究还未见报道。【拟解决的关键问题】本研究通过对原产中国的枣属植物全部 14 个种、11 个枣品种和 1 个外类群斯氏铜钱树进行 SRAP 分析, 以期从分子水平揭示属下各类群间及种间的亲缘关系, 为枣属植物的分类和发掘利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为原产中国的枣属 14 个种、1 个外类群斯氏铜钱树 (*Paliurus spina-christi* Mill.)、枣的 11 个品种, 详见表 1。同一物种采集 3~10 株, 供试材料的嫩叶或幼茎采集后, 用硅胶干燥法保存带回实验室, 同一物种不同单株的材料混合后用于基因组 DNA 提取。

表 1 供试材料一览表

Table 1 The list of materials used in the experiment

编号 No.	分类群 Taxa	来源 Sources
1	毛脉枣 <i>Z. pubinervis</i> Rehd.	广西靖西 Jingxi, Guangxi
2	滇枣 <i>Z. incurva</i> Roxb	广西靖西 Jingxi, Guangxi
3	毛果枣 <i>Z. attopensis</i> Pierre	云南勐仑 Menglun, Yunnan
4	毛叶枣 <i>Z. mauritiana</i> Lam.	云南景洪 Jinghong, Yunnan
5	大果枣 <i>Z. mairei</i> Dode	云南平远街 Pingyuanjie, Yunnan
6	蜀枣 <i>Z. xiangchengensis</i> Y. L.Chen et P. K.Chou	四川乡城 Xiangcheng, Sichuan
7	褐果枣 <i>Z. fungii</i> Merr.	广西百色 Baise, Guangxi
8	皱枣 <i>Z. rugosa</i> Lam.	云南勐仑 Menglun, Yunnan
9	小果枣 <i>Z. oenoptia</i> (L.) Mill.	广西靖西 Jingxi, Guangxi
10	山枣 <i>Z. montana</i> W.W.Smith	云南大具 Daju, Yunnan
11	球枣 <i>Z. laui</i> Merr.	海南三亚 Sanya, Hainan
12	无瓣枣 <i>Z. apelta</i> Hook.f.	云南西双版纳 Xishuangbanna, Yunnan
13	斯氏铜钱树 <i>P. spina-christi</i> Mill.	北京 Beijing
14	串杆枣 <i>Z. jujuba</i> Mill. cv. Chuangan	河北保定 Baoding, Hebei
15	酸枣 <i>Z. acidojujuba</i> C.Y.Cheng et M.J.Liu.	河北沧州 Cangzhou, Hebei
16	河北龙枣 <i>Z. jujuba</i> var. <i>tortuosa</i> cv. Hebeilongzao	河北沧州 Cangzhou, Hebei
17	大荔龙枣 <i>Z. jujuba</i> var. <i>tortuosa</i> cv. Dalilongzao	河北沧州 Cangzhou, Hebei
18	河南龙枣 <i>Z. jujuba</i> var. <i>tortuosa</i> cv. Henanlongzao	河北沧州 Cangzhou, Hebei
19	无核小枣 <i>Z. jujuba</i> var. <i>anucleatus</i> cv. Wuhexiaozao	河北沧州 Cangzhou, Hebei
20	大叶无核 <i>Z. jujuba</i> var. <i>anucleatus</i> cv. Dayewuhe	河北沧州 Cangzhou, Hebei
21	柿蒂枣 <i>Z. jujuba</i> var. <i>carinoscalles</i> cv. Shidizao	河北沧州 Cangzhou, Hebei
22	磨盘枣 <i>Z. jujuba</i> var. <i>lageniformis</i> cv. Mopanzao	河北沧州 Cangzhou, Hebei
23	葫芦长红 <i>Z. jujuba</i> var. <i>lageniformis</i> cv. Huluchanghong	河北沧州 Cangzhou, Hebei
24	茶壶枣 <i>Z. jujuba</i> cv. <i>heteroformis</i>	河北沧州 Cangzhou, Hebei
25	胎里红 <i>Z. jujuba</i> cv. Tailihong	河北沧州 Cangzhou, Hebei
26	三变色 <i>Z. jujuba</i> cv. Sanbianse	河北沧州 Cangzhou, Hebei

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 采用高盐沉淀法^[17]从硅胶干燥保存的嫩叶或茎中提取基因组总 DNA。

1.2.2 SRAP-PCR 体系及扩增程序 20 μ l 的 PCR 反应体系中, 含 1 \times buffer, dNTP 200 μ mol \cdot L⁻¹、引物各 30 ng、MgCl₂ 2.5 mmol \cdot L⁻¹、Taq 酶 1.0 U 和模板 DNA 20 ng。扩增条件为 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 33 $^{\circ}$ C 复性 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 5 个循环; 94 $^{\circ}$ C 变性 1 min, 53 $^{\circ}$ C 复性 1 min, 72 $^{\circ}$ C 延伸 1 min, 30 个循环; 最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 5 min。扩增产物采用聚丙烯酰胺凝胶电泳分离, 电泳后银染检测^[18]。

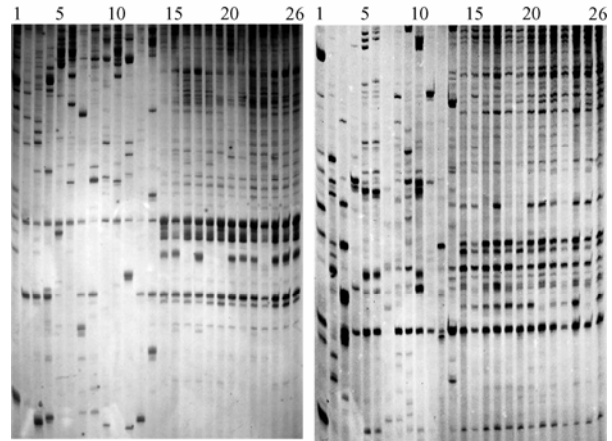
1.2.3 数据统计分析 以 2 次重复出现的 DNA 谱带作为统计对象, 有带记为“1”, 无带记为“0”, 得到原始 0, 1 矩阵图。在 NTSYS-pc 统计分析软件中计算材料间的 Dice 遗传相似系数, 按不加权成对算术平均法 (UPGMA) 建立系统聚类分支树状图。

2 结果与分析

2.1 DNA 扩增结果及多态性分析

利用筛选出的重现性好、多态性明显的 19 对引物对供试的 26 份材料基因组 DNA 进行 PCR 扩增。共扩增出 580 条清晰可用的条带, 其中多态性条带 570

条, 占总带数的 98.28%。平均每个引物组合产生 30.5 条带和 30 条多态性带 (表 2)。不同引物扩增的 DNA 片段大小为 50~1 000 bp。引物 M1E2 和 M2E1 的扩增结果见图 1。



泳道 1-26 编号同表 1 1-26. The same code as in Table 1

图 1 引物 M1E2 (左)、M2E1 (右) 扩增的枣属植物 SRAP 产物图谱

Fig. 1 SRAP pattern amplified by primer M1E2(left) and M2E1(right) in *Ziziphus*

表 2 19 对 SRAP 引物组合的扩增情况

Table 2 Amplification results of SRAP primers for 26 experimented materials

组合名称 Name of primer pair	扩增带数(多态带数) Total amplified bands (polymorphic bands)	多态带的百分率 Percentage of polymorphic bands (%)	组合名称 Name of primer pair	扩增带数(多态带数) Total amplified bands (polymorphic bands)	多态带的百分率 Percentage of polymorphic bands (%)
M1E2	53(51)	94.34	M4E3	25(25)	100.00
M1E3	41(41)	100.00	M4E5	49(48)	97.96
M1E4	32(32)	100.00	M5E3	25(25)	100.00
M1E7	32(31)	96.88	M5E7	19(19)	100.00
M1E8	14(13)	92.86	M6E4	27(27)	100.00
M2E1	50(50)	100.00	M6E5	57(57)	100.00
M2E9	16(16)	100.00	M6E6	11(9)	81.82
M3E3	38(38)	100.00	M7E2	16(13)	81.25
M3E7	25(25)	100.00	M7E7	13(13)	100.00
M3E8	37(37)	100.00	Total	580(570)	98.28

2.2 遗传相似性系数分析

26 份供试材料的遗传相似系数变化范围在 0.22~0.99, 平均值为 0.48。其中河南龙枣与河北龙枣, 河南龙枣与葫芦长红之间的遗传相似性系数最大, 均为 0.99; 毛叶枣分别与枣、酸枣、磨盘枣之间的相似性系数最小, 为 0.22。

在枣属 14 个种种间两两材料间, 遗传相似系数变

化范围为 0.22~0.86, 平均值为 0.36。相似系数最大者为枣和酸枣 (0.86), 最小者为毛叶枣分别与枣、酸枣 (0.22)。其中, 蜀枣与山枣的遗传相似系数为 0.85。在枣的种下变种两两材料间, 遗传相似系数变化范围为 0.86~0.99, 平均值为 0.90。相似系数最大者为河南龙枣与河北龙枣和葫芦长红 (0.99), 最小者为大荔龙枣与河南龙枣 (0.86)。

2.3 聚类分析

基于 SRAP 的扩增结果, 用 UPGMA 法进行聚类分析, 得到 26 份供试材料的亲缘关系树状图 (图 2)。从聚类图可以看出, 以 0.3 的遗传相似系数为阈值, 供试材料聚为 2 大类: 即毛果枣、无瓣枣、毛叶枣聚为第 1 类, 另外的枣属 11 个种、枣的变种和外类群斯氏铜钱树聚为第 2 类。

若以 0.38 的遗传相似系数为阈值, 所有供试材料被分为 6 个类群: 第 1 类只包括毛脉枣 1 个种, 属聚伞花序系; 第 2 类包括 5 个种和 11 个枣品种, 进一步

可分为 2 个亚类, 第 1 亚类包括滇枣、小果枣、球枣 3 个种, 均属聚伞花序系。第 2 亚类包括枣、酸枣 2 个种及枣的 11 个品种, 属于枣组; 第 3 类包括外类群斯氏铜钱树; 第 4 类包括 5 个种, 进一步分为 2 个亚类, 第 1 亚类包括大果枣、蜀枣、山枣 3 个种, 均属聚伞花序系。第 2 亚类包括褐果枣、皱枣 2 个种, 均属聚伞圆锥花序系; 第 5 类包括毛果枣、无瓣枣 2 个种, 均属聚伞圆锥花序系; 第 6 类只包括毛叶枣 1 个种, 属聚伞花序系。

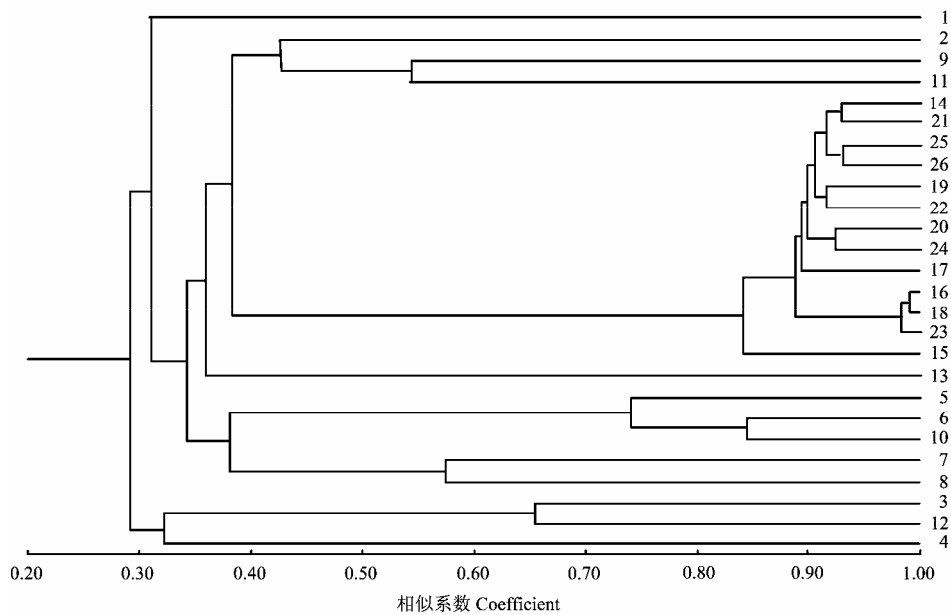


图 2 26 份供试材料基于 SRAP 遗传关系的聚类图 (样品编号同表 1)

Fig. 2 Dendrogram generated from SRAP markers for 26 accessions of *Ziziphus* (the same code number as in Table 1)

3 讨论

SRAP 标记是一种新的基于 PCR 的 DNA 分子标记技术, 其多态性和重现性都好。SRAP 标记已经在野牛草、西葫芦、甘蓝等的研究上得到成功应用^[5-9]。本研究在国内外首次采用 SRAP 标记对原产中国的枣属植物的亲缘关系进行分析, 结果也表明 SRAP 标记是一种经济、有效和可靠的分子标记技术。共选用 19 对引物组合扩增出 570 条多态性带, 多态性比率为 98.28%, 说明枣属植物存在丰富的多态性和遗传多样性。这与 Budak 等^[9]对野牛草的研究的多态性比率 (95%) 相近, 与 Feerriol 等^[6,8]对西葫芦和笋瓜研究的多态性比率 (72.7%) 稍有差异。这与不同种质资

源的种间遗传关系差异有关。

依据 SRAP 标记的分类与枣属植物的形态特征间具有一定的相关性, 以 0.38 的遗传相似系数为阈值, 所有供试材料被分为 6 个类群, 进一步可分为 9 个类群, 每个类群所含的种的形态学特征比较相似。但根据结果枝的脱落与否划分的枣组和宿枝组并没有完全分为两大类; 根据花序类型、子房和果实被毛情况以及内果皮厚薄等划分的聚伞花序系和聚伞圆锥花序系也没有完全分开, 这与枣属 RAPD 分析结果 (另文报道) 和李学营^[3]的研究结果一致。因此, 对枣属植物的属下分类系统的划分需进一步研究。

在枣属植物的种间分类中, 枣和酸枣的分类学地位是一个长期争议的问题, 曾存在 4 种观点^[19]: 枣和

酸枣为同 1 个种; 枣是酸枣的 1 个变种; 酸枣是枣的 1 个变种 (即枣为原变种, 酸枣为变种, 这是目前中国植物志的分类处理); 枣和酸枣是 2 个种。前人根据形态学特征、生物学特性、细胞学、同工酶学、花粉学、分子生物学、考古学、古文献等资料证明枣是由酸枣演化而来^[4,20-23], 同时也证明了枣和酸枣的亲缘关系很近。特别是在细胞学、同工酶学、花粉学、分子生物学研究中, 枣和酸枣的不同品种或类型从没有完全分开, 而是在划分的不同类群中, 同时含有枣和酸枣的个体。但以前的有关研究, 特别是关于细胞学、花粉学、同工酶学及分子生物学的研究, 由于选材大多只是枣和酸枣, 个别有毛叶枣, 使得种的分类地位的确定缺少内类群的参照比较, 所得结果存在局限性。本研究选用了原产中国的全部枣属植物 14 种和 1 个外类群种为试材, 进行了 SRAP 分析和其它分析 (RAPD、ITS, 另文报道), 根据 SRAP 数据计算的 Dice 相似系数表明, 枣和酸枣的遗传相似系数为 0.86, 而整个供试枣属植物种的平均相似系数为 0.36, 在种一级的水平上枣与酸枣的遗传变异是非常小的, 支持将枣和酸枣作为 1 个种处理, 这一观点也得到了 RAPD 数据和 ITS 数据的支持。鉴于枣和酸枣在果实大小、果核形状、干制后外果皮皱缩情况、生境分布和用途等方面存在着相关差异, 作者认为枣和酸枣宜作同 1 个种内两个亚种处理, 即原亚种枣、亚种酸枣。关于枣和酸枣的学名, 枣的学名是 1768 年由 Phillip Miller 根据采自奥地利的模式标本定名的, 为 *Ziziphus jujuba* Mill.。酸枣的学名是 1883 年由 Bunge 根据采自中国北部的模式标本定名的, 为 *Ziziphus vulgaris* Lam. var. *spinosa* Bunge。1909 年 Schneider 把酸枣归入 *Z. sativa* Gaertn.。1934 年胡先骕把酸枣归入 *Z. jujuba* Mill. 中, 酸枣学名为 *Z. jujuba* Mill. var. *spinosa* (Bunge) Hu ex H.F.Chow^[24]。1994 年刘孟军给予酸枣新的学名 *Z. acidojujuba* C.Y. Cheng et M.J.Liu^[19]。作者把枣和酸枣作同 1 个种内的两个亚种处理后, 给予新学名为原亚种枣 *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *jujuba*; 亚种酸枣 *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *spinosa* (Bunge) J.Y. Peng, X.Y.Li et L.Li。毛果枣和无瓣枣均采自云南, 均是腋生聚伞总状花序或顶生聚伞圆锥花序, 本文 SRAP 分析表明毛果枣与无瓣枣的亲缘关系很近。褐果枣和皱枣两者亲缘关系较近, 符合其形态学分类^[24]。大果枣、蜀枣和山枣三者的亲缘关系极为相近, 符合形态学分类^[24], 也与 RAPD 分析和李学营^[3]分类结果一致, 认为三者应该为起源于一个较近的共同祖先, 由生境 (分

布) 不同发生分化而分离开来。另外, 蜀枣与山枣的遗传相似系数为 0.85, 约等于枣与酸枣 (0.86)。在种一级的水平上其遗传变异很小, 认为蜀枣和山枣应该归并为 1 个种, 鉴于山枣种的确立是 1917 年, 早于蜀枣 1979 年, 合并后应以山枣的学名为准。

关于枣的种下划分, 一般分为 6 个变种: 枣 (原变种)、无刺枣、龙爪枣、葫芦枣、宿萼枣、无核枣。彭建营等^[2]研究认为各变种的起源为多元的, 变种内的遗传变异大于变种间的遗传变异, 枣变种的划分是不自然的, 宜并入其原变种, 枣种下不宜设变种, 可根据品种间遗传关系, 直接划分品种群。SRAP 分析中, 同为龙爪枣的变种, 陕西大荔龙枣与河北龙枣和河南龙枣的亲缘关系较远。无核小枣和大叶无核枣两者在形态特征方面有较大差异, SRAP 聚类也显示两者亲缘关系较远。同样, 同为葫芦枣的变种, 磨盘枣和葫芦枣红枣也没聚在一起。研究进一步支持将传统根据个别变异划分的枣变种归入原变种, 枣的种下不宜设变种。枣和酸枣归并为 1 个种后, 即原亚种枣下不宜设变种。

4 结论

本研究在国内外首次将 SRAP 分子标记运用到枣属植物亲缘关系的研究上。结果表明, SRAP 标记是一种经济、有效和可靠的分子标记技术。用筛选出的 19 对引物组合对原产中国的枣属全部 14 个种、11 个枣品种和 1 个外类群进行扩增, 共扩增出 570 条多态性带, 多态率为 98.28%, 能有效地揭示枣属植物种质间的遗传关系。在遗传相似系数 0.38 处将 26 份供试材料划分为 6 个类群。支持将枣和酸枣作为 1 个种处理, 进一步划分为 2 个亚种, 给予新学名为原亚种枣 *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *jujuba*; 亚种酸枣 *Ziziphus jujuba* Mill. subsp. *spinosa* (Bunge) J.Y. Peng, X.Y.Li et L.Li; 蜀枣、山枣和大果枣应该起源于一个较近的共同祖先, 蜀枣和山枣归并为 1 个种, 合并后以山枣学名为准; 原亚种枣下不宜设变种。

References

- [1] Liu M J, Cheng C Y. A taxonomy study on the genus *Ziziphus*. *Acta Horticulturae*, 1995, 390: 161-165.
- [2] 彭建营, 束怀瑞, 彭士琪. 用 RAPD 技术探讨中国枣的种下划分. *植物分类学报*, 2002, 40(1): 89-94.
- [3] Peng J Y, Shu H R, Peng S Q. To address the problem of infraspecific classification of *Ziziphus jujuba* Mill. using RAPD data. *Acta*

- Phytotaxonomica Sinica*, 2002, 40(1): 89-94. (in Chinese)
- [3] 李学营. 基于 rDNA 的 ITS 及 cpDNA 的 psbA-trnH 序列的中国枣属植物的系统发育[D]. 保定: 河北农业大学, 2005.
- Li X Y. Molecular phylogeny of *Ziziphus* in China based on ITS and psbA-trnH sequence data[D]. Baoding: *Agricultural University of Hebei*, 2005. (in Chinese)
- [4] 刘平, 彭建营, 彭士琪, 周俊义, 代丽. 应用 RAPD 标记探讨枣与酸枣的分类学关系. *林业科学*, 2005, 41(2): 182-185.
- Liu P, Peng J Y, Peng S Q, Zhou J Y, Dai L. Study on systematic relationships of *Ziziphus jujube* and *Ziziphus spinosa* using RAPD technique. *Scientia Silvae Sinicae*, 2005, 41(2): 182-185. (in Chinese)
- [5] 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*. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, 103: 455-461.
- [6] Ferriol M, Picó B, Nuez F. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 107: 271-282.
- [7] Li G, Gao M, Yang B, Quiros C F. Gene for gene alignment between the *Brassica* and *Arabidopsis* genomes by direct transcriptome mapping. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 107: 168-180.
- [8] Ferriol M, Picó B, Nuez F. Morphological and molecular diversity of a collection of *Cucurbita maxima* landraces. *Journal of American Society for Horticultural Science*, 2004, 129(1): 60-69.
- [9] Budak H, Shearman R C, Parmaksiz I, Gaussoin R E, Riordan T P, Dweikat I. Molecular characterization of buffalograss germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 108: 328-334.
- [10] 王建设, 姚建春, 刘玲, 王永健, 李唯. 利用中国香瓜与哈密瓜的 F2 群体构建 SRAP 连锁遗传图谱. *园艺学报*, 2007, 34(1): 135-140.
- Wang J S, Yao J C, Liu L, Wang Y J, Li W. Construction of a molecular genetic map for melon(*Cucumis melo* L.)based on SRAP. *Acta Horticulturae Sinica*, 2007, 34(1): 135-140. (in Chinese)
- [11] 李媛媛, 沈金雄, 王同华, 傅廷栋, 马朝芝. 利用 SRAP, SSR 和 AFLP 标记构建甘蓝型油菜遗传连锁图谱. *中国农业科学*, 2007, 40(6): 1118-1126.
- Li Y Y, Shen J X, Wang T H, Fu T D, Ma C Z. Construction of a linkage map using SRAP, SSR and AFLP markers in *Brassica napus* L. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(6): 1118-1126. (in Chinese)
- [12] 王刚, 潘俊松, 李效尊, 何欢乐, 吴爱忠, 蔡润. 黄瓜 SRAP 遗传连锁图的构建及侧枝基因定位. *中国科学 C 辑: 生命科学*, 2004, 34(6): 510-516.
- Wang G, Pan J S, Li X Z, He H L, Wu A Z, Cai R. Construction of a cucumber genetic linkage map with SRAP markers and location of the genes for lateral branch traits. *Science in China, Series C: Life Science*, 2004, 34(6): 510-516. (in Chinese)
- [13] 文雁成, 王汉中, 沈金雄, 刘贵华, 张书芬. 用 SRAP 标记分析中国甘蓝型油菜品种的遗传多样性和遗传基础. *中国农业科学*, 2006, 39(2): 246-256.
- Wen Y C, Wang H Z, Shen J X, Liu G H, Zhang S F. Analysis of genetic diversity and genetic basis of Chinese rapeseed cultivars (*Brassica napus* L.) by sequence-related amplified polymorphism markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 2006, 39(2): 246-256. (in Chinese)
- [14] 易杨杰, 张新全, 黄琳凯, 凌瑶, 马啸, 刘伟. 野生狗牙根种质遗传多样性的 SRAP 研究. *遗传*, 2008, 30(1): 94-100.
- Yi Y J, Zhang X Q, Huang L K, Ling Y, Ma X, Liu W. Genetic diversity of wild *Cynodon dactylon* germplasm detected by SRAP markers. *Hereditas* (Beijing), 2008, 30(1): 94-100. (in Chinese)
- [15] 李严, 张春庆. 西瓜杂交种遗传多态性的 SRAP 标记分析. *园艺学报*, 2005, 32(4): 643-647.
- Li Y, Zhang C Q. Studies on genetic diversity with a molecular marker SRAP of watermelon hybrids. *Acta Horticulturae Sinica*, 2005, 32(4): 643-647. (in Chinese)
- [16] 李莉, 彭建营, 白瑞霞, 韩斌. SRAP 与 TRAP 标记及其在园艺植物研究中的应用. *西北植物学报*, 2006, 26(8): 1749-1752.
- Li L, Peng J Y, Bai R X, Han B. SRAP and TRAP markers and their application to research about horticultural plants. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2006, 26(8): 1749-1752. (in Chinese)
- [17] 李莉, 彭建营, 白瑞霞. 不同方法对枣叶片总 DNA 提取效果的影响. *果树学报*, 2007, 24(3): 389-392.
- Li L, Peng J Y, Bai R X. Effect of different methods on Chinese jujube DNA extraction from leaves. *Journal of Fruit Science*, 2007, 24(3): 389-392. (in Chinese)
- [18] 李莉, 彭建营, 郑宝强. 枣 SRAP-PCR 体系的正交优化. *农业生物技术学报*, 2008, 16(2): 361-362.
- Li L, Peng J Y, Zheng B Q. Optimization of SRAP-PCR system with orthogonal design in *Ziziphus jujuba*. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2008, 16(2): 361-362. (in Chinese)
- [19] 刘孟军, 诚静容. 枣和酸枣的分类学研究. *河北农业大学学报*, 1994, 17(4): 1-9.
- Liu M J, Cheng J R. A taxonomic study on Chinese jujube and wild jujube. *Journal of Agricultural University of Hebei*, 1994, 17(4): 1-9. (in Chinese)
- [20] 曲泽洲, 王永蕙, 吕增仁, 阎桂军. 枣和酸枣染色体数目研究. *园*

- 艺学报, 1986, 13(4): 232-236.
- Qu Z Z, Wang Y H, Lv Z R, Yan G J. Studies on the chromosome number of Chinese jujube. *Acta Horticulturae Sinica*, 1986, 13(4): 232-236. (in Chinese)
- [21] 王秀伶, 邵建柱, 张学英, 彭士琪, 王永蕙. POD 同工酶在酸枣、枣分类中的应用. 武汉植物学研究, 1999, 17(4): 307-313.
- Wang X L, Shao J Z, Zhang X Y, Peng S Q, Wang Y H. A study on the classification of jujube and wild jujube by peroxidase isozyme. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 1999, 17(4): 307-313. (in Chinese)
- [22] 彭建营, 束怀瑞, 孙仲序, 彭士琪. 中国枣种质资源的 RAPD 分析. 园艺学报, 2000, 27(3): 171-176.
- Peng J Y, Shu H R, Sun Z X, Peng S Q. RAPD analysis of germplasm resources on Chinese date. *Acta Horticulturae Sinica*, 2000, 27(3): 171-176. (in Chinese)
- [23] 曲泽洲, 王永蕙. 中国果树志·枣卷. 北京: 中国农业出版社, 1993.
- Qu Z Z, Wang Y H. *Fruit Tree Records of China: Chinese Jujube Volume*. Beijing: China Agricultural Press, 1993. (in Chinese)
- [24] 陈艺林, 周邦楷. 中国植物志第 48 卷(第一分册). 北京: 科学出版社, 1982: 131-146.
- Chen Y L, Zhou B K. *Flora of China* Vol.48(1). Beijing: Science Press, 1982: 131-146. (in Chinese)

(责任编辑 曲来娥)