

## 基于 SRAP 分子标记的马铃薯品种遗传多样性分析

姚华开, 罗英舰, 郑元利, 黎礼谦\* (遵义市农业科学研究院, 贵州遵义 563000)

**摘要** [目的]研究 10 个马铃薯品种之间的遗传差异性,了解其亲缘关系。[方法]利用 SRAP 分子标记技术,共计 56 对引物组合,对 10 份马铃薯的 DNA 进行遗传多样性分析,共筛选出 10 对背景干净、条带清晰、扩增条带丰富、重复性好的 SRAP 引物组合进行 PCR 扩增。[结果]扩增出的 96 条条带中多态性条带有 36 条,占比为 37.50%。以阈值 0.758 作为标准,可将马铃薯分为四大类:地泰高原红土豆、云南乌洋芋、威芋 3 号、云斯特和转心乌;威芋 7 号和黔芋 7 号;云南七彩土豆;黑金刚和黑美人。[结论]选用 SRAP 分子标记技术能较好地地区分供试品种之间的亲缘关系,且品种之间的遗传差异性较大,SRAP 分子标记技术有助于马铃薯遗传资源的进一步挖掘和利用,对下一步马铃薯改良杂交材料的组配利用和新品种选育具有指导意义。

**关键词** 马铃薯;SRAP;遗传多样性

中图分类号 S532 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2021)15-0104-04

doi:10.3969/j.issn.0517-6611.2021.15.026



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

**Genetic Diversity Analysis of Potato Varieties Based on SRAP Molecular Markers**

YAO Hua-kai, LUO Ying-jian, ZHENG Yuan-li et al (Zunyi Academy of Agricultural Sciences, Zunyi, Guizhou 563000)

**Abstract** [Objective] In order to study the genetic differences among 10 potato varieties and understand their genetic relationship. [Method] Using SRAP molecular marker technology, a total of 56 primer combinations were used to analyze the genetic diversity of 10 potato DNA samples. Ten pairs of SRAP primer combinations with clean background, clear bands, rich amplification bands and good repeatability were selected for PCR amplification. [Result] Among the 96 bands amplified, 36 were polymorphic, accounting for 37.50%. According to the threshold value of 0.758, potatoes can be divided into four categories: Ditai potato, Yunnan black potato, Weiyu No. 3, Yunsite and Zhuangxinwu; Weiyu No. 7 and Qianyu No. 7; Yunnan colorful potato; Heijingang and Heimeiren. [Conclusion] In this study, SRAP molecular marker technology can better distinguish the genetic relationship between the tested varieties, and the genetic differences between varieties are large. SRAP molecular marker technology is helpful to further mining and utilization of potato genetic resources, and it is helpful for the combination and utilization of potato improved hybrid materials and new variety breeding in the next step.

**Key words** Potato;SRAP;Genetic diversity

马铃薯,又称洋芋、土豆,为一年生具块茎的粮、菜、饲兼用作物<sup>[1-2]</sup>,具有环境适应能力强、单产高、种植成本较低、易种植、耐贮藏等特点,素有“地下苹果”“世界十大营养食品之一”“能源植物”等多项美称<sup>[3-4]</sup>。贵州省在明末清初就开始种植马铃薯,历史较为悠久,尤其是近几年种植面积的不断扩大,目前已位列全国三甲<sup>[5-7]</sup>。马铃薯产业作为贵州省重要的农业产业,在脱贫攻坚和乡村振兴中发挥着举足轻重的作用,近几年随着马铃薯品种更新换代的速度日益加快,对优质、高效、高产马铃薯新品种也提出了更高要求。优良品种的选择是当下马铃薯产业发展面临的一个关键性问题,快速、准确地选择品种是今后推广优质马铃薯品种的主要途径<sup>[8]</sup>。传统育种过程中对马铃薯品种的鉴别主要采用农艺性状调查和生物形态学统计分析法,但是由于传统方法所需周期较长,且鉴别结果易受人为因素的干扰,导致误差较大。为进一步探索不同马铃薯品种之间的遗传差异性,规范马铃薯管理规程和标准,须对马铃薯品种开展分子标记研究工作,这对今后马铃薯亲本鉴定、品种选育、品种推广都有重要的指导意义<sup>[9]</sup>。近年来,分子标记技术被广泛用于马铃薯遗传多样性鉴定和育种中,邱宏等<sup>[10]</sup>和李风云等<sup>[11]</sup>采用 AFLP 和 RAPD 两种分子标记方法对国内部分马铃薯进行了分子

标记和遗传多样性分析;艾星梅等<sup>[12]</sup>选用 12 对引物对马铃薯品种“剑川红”开展了自交和杂交群体遗传多样性分析的鉴定;SRAP 分子标记技术具有操作简单、效率高、可批量显示标记物、易分离等优点,因此在植物、动物、微生物遗传多样性分析<sup>[13]</sup>、遗传图谱构建<sup>[14]</sup>和基因定位<sup>[15]</sup>等方面都有广泛的应用。笔者利用 SRAP 分子标记技术对引进国内育成的马铃薯品种及贵州省本地的 10 个马铃薯品种进行分析,明确贵州本地马铃薯品种与国内外引进的马铃薯品种之间的遗传多样性,为进一步丰富贵州马铃薯种质资源,同时为挖掘、开发和利用马铃薯优质种质资源,加速育种进程提供科技支撑和理论基础。

**1 材料与方法****1.1 供试材料** 试验材料为块茎马铃薯,供试品种见表 1。

表 1 供试品种名称及来源

Table 1 Names and sources of materials

序号 No.	马铃薯样品编号 Potato sample number	品种名称 Variety name	来源地 Origin place
1	PV-2020-0401	威芋 7 号	贵州威宁
2	PV-2020-0402	地泰高原红土豆	山东聊城
3	PV-2020-0403	云南乌洋芋	云南丽江
4	PV-2020-0404	云南七彩土豆	云南丽江
5	PV-2020-0405	黑金刚	山东枣庄
6	PV-2020-0406	黑美人	甘肃古浪
7	PV-2020-0407	威芋 3 号	贵州威宁
8	PV-2020-0408	云斯特	贵州威宁
9	PV-2020-0409	转心乌	贵州威宁
10	PV-2020-0410	黔芋 7 号	贵州威宁

**基金项目** 贵州省科技计划项目“根类紫色蔬菜种质资源收集、筛选及应用”(黔科技合支撑[2018]2332)。**作者简介** 姚华开(1993—),男,贵州石阡人,农艺师,硕士,从事蔬菜栽培与育种研究。\*通信作者,农艺师,硕士,从事蔬菜栽培与育种研究。**收稿日期** 2021-01-05;修回日期 2021-01-26

**1.2 主要试剂及仪器** TaqDNA 聚合酶, 10×PCR Buffer 缓冲液(含  $Mg^{2+}$ ), 10 mmol/L dNTPs 均由 Thermo 公司生产提供; SARP 引物参考相关学者<sup>[16-19]</sup> 已有文献报道, 进一步优化开发, 上游引物长度为 17 个碱基, 下游引物为 18 个碱基, 上游引物和下游引物通过正交组合成 56 对引物。引物具体序列见表 2。

表 2 SARP 引物序列及名称  
Table 2 The SARP primer sequence

引物 Primer		碱基序列(5'—3') Base sequence(5'-3')
正向 Direct	Me1	TGAGTCCAAACCGGATA
	Me2	TGAGTCCAAACCGGAGC
	Me3	TGAGTCCAAACCGGAAT
	Me4	TTCAGGGTGGCCGGACC
	Me5	TTCAGGGTGGCCGGAAAG
	Me6	TGAGTCCAAACCGGTAA
	Me7	TTCAGGGTGGCCGGTCC
反向 Reverse	Em1	GACTGGGTACGAATTAAT
	Em2	GACTGGGTACGAATTTGC
	Em3	GACTGGGTACGAATTGAC
	Em4	GACTGGGTACGAATTTGA
	Em5	GACTGGGTACGAATTAAC
	Em6	GACTGGGTACGAATTGCA
	Em8	GACTGGGTACGAATTCTG
	Em9	GACTGGGTACGAATTCGA

### 1.3 试验方法

**1.3.1 DNA 提取及检测。** 每个品种取 50~80 mg 块茎加适量液氮研磨成粉末, 使用试剂盒提取 DNA, 试剂盒由天根(北京)有限责任公司提供。各取 5  $\mu$ L DNA 溶液用 1.0% 琼脂糖凝胶进行纯度检测, 将符合要求的 DNA 样品稀释至 50 ng/ $\mu$ L, 并置于 -80  $^{\circ}$ C 超低温冰箱中保存备用。

**1.3.2 SRAP-PCR 反应体系及扩增程序。** SRAP-PCR 参考王颖等<sup>[20]</sup> 的方法, 并对扩增体系进行优化。PCR 扩增程序: 预变性, 94  $^{\circ}$ C, 1 min, 前 5 个循环; 退火, 35  $^{\circ}$ C, 1 min, 中 35 个循环; 延伸, 72  $^{\circ}$ C, 1 min, 变性, 94  $^{\circ}$ C, 1 min, 退火, 50  $^{\circ}$ C, 1 min, 后 1 个循; 再延伸, 72  $^{\circ}$ C, 5 min。PCR 扩增反应体系: 上下游引物, 各 1.2  $\mu$ L 5 U/ $\mu$ L TaqDNA 聚合酶, 0.15  $\mu$ L 10×PCR Buffer ( $mg^{2+}$ ), 2.75  $\mu$ L dNTPs, 2.0  $\mu$ L DNA 模板, 2.0  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O, 10.7  $\mu$ L。

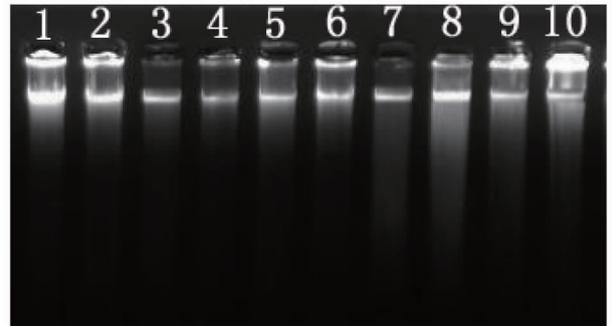
**1.3.3 电泳检测预试验。** 选用 1.8% 琼脂糖凝胶扩增产物在 110 V/mA 电压下进行电泳分离, 电泳后用 Tanon 1600 对凝胶进行拍照, 正式试验: 扩增产物用 10% 非变性聚丙烯酰胺凝胶板上分离, 所有胶板存档。

**1.3.4 数据统计和分析方法。** 从电泳图上挑选出具有差异性的多态性条带, 相同位置上, 有条带显示的标记为数字 1, 无条带显示的标记为数字 0, 在此基础上组成 0 和 1 的原始矩阵, 并选用 NTSYS-pc 2.1e 软件进行聚类分析生成树状聚类图。

## 2 结果与分析

### 2.1 马铃薯品种基因组 DNA 的质量检测

对表 1 中的 10 个样品进行电泳检测。配制 1% 琼脂糖胶, 取 DNA 原液 5  $\mu$ L, 110 V 电泳 25 min, 电泳检测 DNA 完整性。从图 1 可以看出, 10 个马铃薯品种的 DNA 电泳条带明晰、亮度好、均匀, 表明所提取的 DNA 质量可以满足 SRAP 分子标记试验的要求, 可用于进行 PCR 扩增。



注: 1~10 为 10 个品种马铃薯

Note: 1-10 are 10 potato varieties

图 1 马铃薯品种基因组 DNA 质量电泳检测结果

Fig. 1 Results of DNA quality electrophoresis of potato varieties

**2.2 SRAP 引物筛选及扩增** 每个品种各取 1  $\mu$ L DNA 样品作为混合 DNA, 利用表 2 中正交组合成的 56 对引物进行初步筛选, 得出如图 2 所示的结果, 初步筛选出 10 对引物组合。在初筛的基础上, 筛选出条带清晰、亮度高、背景干净、条带丰富的 10 对 SRAP 引物组合, 并用筛选出来的 10 对 SRAP 引物组合对 10 个马铃薯品种进行多态性检测(表 3), 选取的 10 对 SRAP 引物组合共扩增出 96 个位点条带, 其中 me6/em2、me7/em2 和 me3/em5 的条带数最多, 均为 12 条; 条带最少的引物组合为 me3/em3, 仅有 7 条; 平均每对引物扩增出的条带数为 9.6 个。10 对引物组合共扩增出亮度高、清晰度好、重复性好的多态性条带 36 个, 其中多态性条带最多的是 me1/em8 和 me5/em5, 为 5 条, 最少的是 me6/em2, 仅为 2 条, 平均为 3.6 条, 多态性占比为 37.50%(图 2、表 3)。

表 3 10 对 SRAP 引物幅筛扩增结果

Table 3 Amplification results of 10 SRAP primers

引物组合 Primer combination	条带总数 Total number of strips (N1)	多态性条带数 Number of polymorphic bands (Np1)	多态性条带比例 Percentage of polymorphic bands//%
me1/em5	8	4	50.00
me1/em8	9	5	55.56
me2/em3	9	3	33.33
me3/em3	7	4	57.14
me6/em2	12	2	16.67
me6/em5	8	3	37.50
me6/em1	10	3	30.00
me7/em2	12	3	25.00
me5/em5	9	5	55.56
me3/em5	12	4	33.33
总计 Total	96	36	37.50
平均 Average	9.6	3.6	37.50

**2.3 聚类分析** 利用 NTSYS-pc2.1 数据分析软件计算得到 10 份供试马铃薯品种两两之间的遗传相似系数(Geneticsim-

ilarity, GS) 在 0.740~0.990, 平均值为 0.865。基于遗传相似系数用类平均法(UPGMA)对选取的马铃薯品种进行聚类分析, 结果表明(图 3), 当阈值为 0.74 时, 10 份供试材料可分为两大类: 第一大类 7 个品种, 分别为 0402、0403、0407、0408、0409、0410、0401; 其中在阈值为 0.77 时, 又可以进一步分为 3 个亚类, 第一亚类为 0402, 第二亚类为 0403、0407、0408、0409, 第三亚类为 0401、0410; 其中第三亚类的 0401 和 0410 的相似系数最高, 达 0.990, 2 个马铃薯品种均来自贵州威

宁, 在外观(薯形、薯皮、芽眼、颜色)极为相似, 表明这 2 个马铃薯品种在亲缘关系上较为接近, 遗传差异性较小, 第一亚类和第二亚类的 0402、0403、0407、0408、0409 间亲缘关系比较远。第二大类 3 个品种为 0404、0405、0406; 在阈值为 0.758 时, 可分为 2 个亚类, 0404 独自成一个亚类, 0405、0406 为第二亚类, 其中 0405 与 0406 之间的相似性系数为 0.950, 黑金刚与黑美人在外观与表现上也较为相似, 亲缘关系较为接近, 二者与第一亚类的 0404 品种间亲缘关系较远。

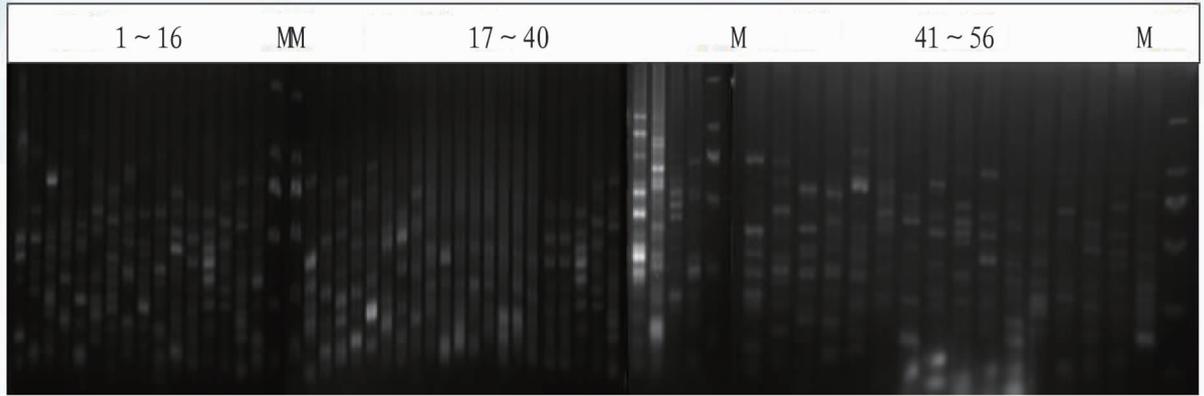


图 2 56 对引物组合初筛结果

Fig. 2 Preliminary screening results of 56 primer combinations

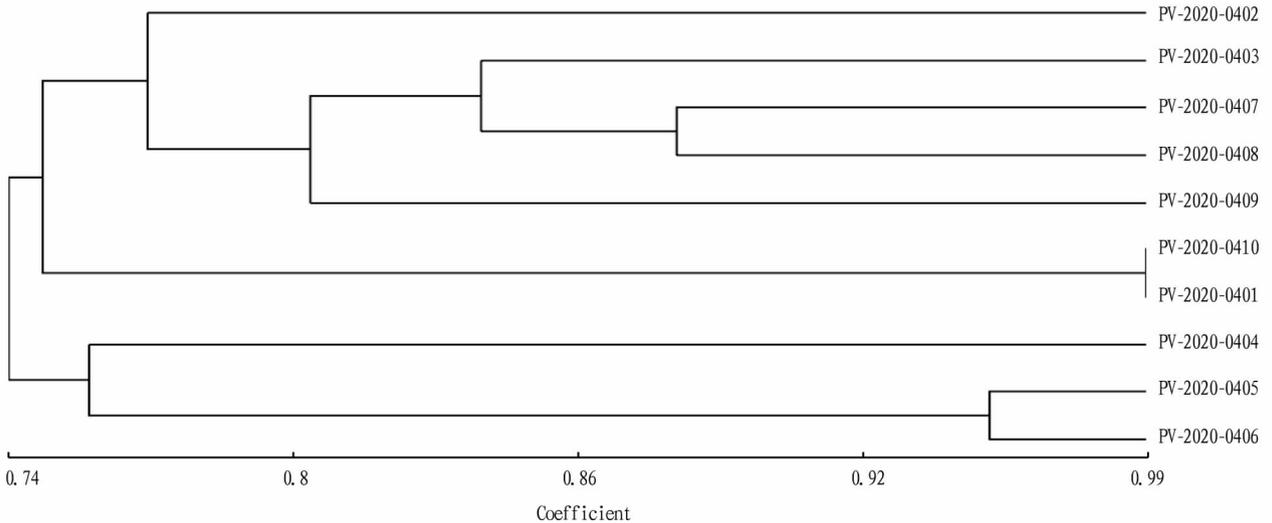


图 3 10 个马铃薯品种聚类结果

Fig. 3 Clustering results of 10 potato varieties

### 3 结论与讨论

SRAP 分子标记技术具有操作简单、效率高、可批量显示标记物、易分离等优点, 在植物、动物、微生物遗传多样性分析、遗传图谱构建、QTL 定位和基因定位克隆等方面都有广泛的应用, 如甜瓜<sup>[21]</sup>、冰草<sup>[22]</sup>、国兰<sup>[23]</sup>、蓝莓<sup>[24]</sup>、小麦<sup>[25]</sup>等。

通过聚类分析结果可以较为直观、简洁、清晰地反映出不同马铃薯品种之间亲缘关系的遗传距离, 在亲本鉴定、品种选育、品种推广方面都有重要的指导意义, 可缩短进程<sup>[26]</sup>。遗传多样性是研究植物种质资源的重要工作内容之一, 全面地掌握现有种质资源的遗传多样性, 可以减少育种

工作中亲本选配的盲目性, 从而提高育种效率<sup>[18]</sup>。遗传多样性研究最可靠的是基因水平研究, 而进行基因测序是最直接、最具说服力的方法, 但是对于一个物种或一个种属中每个样品都进行基因组测序的可行性较低。

近年来, RAPD<sup>[27]</sup>、AFLP<sup>[28]</sup>、SSR<sup>[29]</sup>、SRAP<sup>[30]</sup> 等各类分子标记已经在马铃薯种质资源遗传多样性分析中得到了广泛应用。该研究通过选用 SRAP 分子标记技术对 10 个不同马铃薯品种进行遗传多样性分析, 利用筛选出来的 10 对 SRAP 引物组合对 10 个马铃薯品种进行多态性检测, 共扩增出 96 个条带, 所选取的 10 对扩增引物平均每对引物扩增出的条带数为 9.6 个。10 对扩增引物共扩增出 36 条多态性条

带,平均每对 3.6 条,多态性占比为 37.50%。以阈值 0.758 为基准,10 个马铃薯供试样品可以分为四大类:①0402、0403、0407、0408 和 0409;②0401 和 0410;③0404;④0405 和 0406。国内外对马铃薯 SRAP 分子标记都有相关的研究报告,李丽等<sup>[31]</sup>对 11 份贵州马铃薯栽培品种遗传多样性进行 SRAP 分析,多态性引物比达 24%,可将 11 份品种分为两大类群,聚类分析表明,参试马铃薯品种间的遗传多样性相对丰富,遗传差异较大;程永芳等<sup>[17]</sup>对宁夏地区 54 份马铃薯种质资源遗传多样性分析及杂交子代 SRAP 鉴定,初步判定所有杂种 F1 均为真实的杂交种,为马铃薯亲本的筛选及杂交子代早期鉴定提供理论数据和技术参考;甘晓燕等<sup>[32]</sup>利用 SRAP 分子标记技术对 47 份马铃薯种质材料进行遗传多样性分析,能够较为全面地描述宁夏地区主要马铃薯品种遗传相似性,SRAP 标记更适用于遗传关系较近材料的遗传多样性分析;何凤发等<sup>[33]</sup>利用 SRAP 分子标记研究了 44 份马铃薯种质资源的遗传多样性、亲缘关系和遗传基础,结果表明,表型性状与 SRAP 标记聚类结果的关联度在块茎品质性状上最大,并系统评价了马铃薯表现型;赵光磊等<sup>[34]</sup>对黑龙江省主栽 34 份马铃薯品种遗传多样性进行 SRAP 分析,多态性比率为 49.4%,供试材料可分为 3 大类 7 亚类,结果表明黑龙江省主栽马铃薯品种的遗传相似性较高,遗传多样性程度较低;王颖等<sup>[20]</sup>运用 SRAP 技术分析 10 个马铃薯新品系的遗传差异,得到多态性位点条带 165 个,多态性位点百分率占 79.33%,材料间遗传差异相对较大,能准确地将 10 份马铃薯材料分为 4 类。

综合分析,该研究的结果与国内外相关学者的研究报告结果一致,采用 SRAP 分子标记技术能较为准确地地区分 10 个供试马铃薯品种的亲缘关系和遗传差异性,同时辅助采用农艺性状调查和生物形态学统计分析法全面地分析马铃薯品种的遗传多样性和利用好杂交优势,有助于进一步挖掘和利用马铃薯优质的遗传资源,加速育种进程,这对下一步马铃薯改良杂交材料的组配利用和新品种选育有着指导意义。

## 参考文献

- [1] 屈冬玉,谢开云,金黎平,等. 中国马铃薯产业发展与粮食安全[J]. 中国农业科学,2005,38(2):358-362.
- [2] 于卓,陈龙,鞠天华,等. 马铃薯 H-027 与陇薯 6 号和陇薯 7 号杂种无性株系的细胞学分析[J]. 种子,2015,34(3):23-26.
- [3] FAO( Food and Agricultural Organization). AOSAT, Statistical Databases, United Nations[R]. Rome, 2014.
- [4] 刘俊霞,贾金荣. 中国马铃薯国际贸易趋势分析[J]. 西北农林科技大学学报(社会科学版),2012,12(4):57-62.
- [5] 韦云刚. 浅谈对贵州省马铃薯种植机械的现状与思考[J]. 贵州农机化,2018(3):59-61.
- [6] 杜莹莹,严奇岩. 清至民国时期贵州马铃薯的种植与影响[J]. 怀化学

- 院学报,2018,37(12):1-5.
- [7] 李飞,徐建飞,罗小波,等. 马铃薯新品种(系)引种试验初报[J]. 贵州农业科学,2019,47(11):27-30.
- [8] 李恩宏,贾长城,杨丽娜,等. 贵州马铃薯引进品种 SSR 分子标记及遗传多样性分析[J]. 种子,2017,36(7):25-29.
- [9] 王鹏,李芳弟,郭天顺,等. SSR 标记马铃薯育成品种的遗传多样性分析[J]. 中国马铃薯,2019,33(5):257-266.
- [10] 邸宏,陈伊里,金黎平. RAPD 和 AFLP 标记分析中国马铃薯主要品种的遗传多样性[J]. 作物学报,2006,32(6):899-904.
- [11] 李凤云,盛万民,刘昭军,等. 马铃薯品种遗传多样性的 RAPD 和 AFLP 标记分析[J]. 中国马铃薯,2007,21(5):266-271.
- [12] 艾星梅,郭华春. 马铃薯实生群体遗传多样性的 SSR 分析[J]. 西北植物学报,2013,33(8):1558-1564.
- [13] 李明芳,卢诚,刘兴地,等. 小桐子 25 个无性系遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 中国农学通报,2014,30(1):26-31.
- [14] 尤春源,聂新辉,张胜,等. 新疆彩色棉 23 个品种指纹图谱的构建及遗传多样性分析[C]//《棉花学报》编辑部. 中国棉花学会 2014 年年会论文集汇编. 安阳:中国棉花杂志社,2014:1.
- [15] 柳李旺,龚义勤,黄浩,等. 新型分子标记——SRAP 与 TRAP 及其应用[J]. 遗传,2004,26(5):777-781.
- [16] 张旭. 基于表型性状及 SRAP 标记的马铃薯遗传多样性评价[D]. 太谷:山西农业大学,2019.
- [17] 程永芳,张明慧,巩福,等. 马铃薯种质资源遗传多样性分析及杂交子代 SRAP 鉴定[J]. 分子植物育种,2015,13(8):1757-1765.
- [18] 张明飞,于卓,于肖夏,等. 四倍体马铃薯 SRAP 分子遗传连锁图谱的构建[J]. 草业学报,2019,28(8):190-199.
- [19] 施文娟,黄团,刘子瑜,等. SRAP 分子标记对 10 个马铃薯品种种薯的亲缘关系分析[J]. 贵州农业科学,2011,39(6):7-9,12.
- [20] 王颖,于卓,于肖夏,等. 10 个马铃薯新品系遗传差异的 SRAP 分析[J]. 种子,2019,38(11):16-19,28.
- [21] 高宁宁,常高正,康利允,等. 基于 SRAP 标记的甜瓜耐盐种质资源遗传多样性分析[J]. 西北植物学报,2019,39(1):68-75.
- [22] 杨东升,于卓,于肖夏,等. 四倍体杂交冰草 SRAP 和 SSR 分子标记遗传连锁图谱构建[J]. 麦类作物学报,2018,38(8):941-948.
- [23] 唐源江,曹雯静,吴坤林. 基于 SRAP 标记的国兰种质资源遗传多样性分析及分子身份证构建[J]. 中国农业科学,2015,48(9):1795-1806.
- [24] 张鲁杰,郭照东,房文秀,等. 蓝莓品种的 SRAP 遗传多样性分析及品种鉴别[J]. 分子植物育种,2015,13(12):2794-2802.
- [25] 郭利建,王竹林,汪世娟,等. 基于 SRAP 和 SSR 标记的小麦粒长和千粒质量 QTL 定位及效应分析[J]. 西北农业学报,2017,26(8):1165-1172.
- [26] 张鹤山,陈志宏,田宏,等. 49 份白三叶种质资源遗传多样性的 SSR 分析[J]. 种子,2019,38(11):1-6.
- [27] 杨先泉,张佳,刘坚,等. 应用 RAPD 分析四川马铃薯地方品种与部分栽培品种间遗传关系[J]. 中国农学通报,2010,26(22):40-44.
- [28] 李芳弟,王舰,王芳,等. 马铃薯种质遗传多样性分析的 AFLP 反应体系优化与引物筛选[J]. 分子植物育种,2010,8(1):179-185.
- [29] 黄先群,冉江,黄团,等. 马铃薯引进品种及变异材料的 SSR 遗传多样性分析[J]. 西南农业学报,2014,27(4):1399-1403.
- [30] 吕志华,郭华春. RSAP、SSR 和 SRAP 分析马铃薯遗传多样性的应用比较[J]. 基因组学与应用生物学,2018,37(6):2544-2550.
- [31] 李丽,黄先群,雷尊国,等. 贵州马铃薯栽培品种遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 贵州农业科学,2012,40(9):1-3.
- [32] 甘晓燕,程永芳,巩福,等. SRAP 和 SSR 标记对马铃薯遗传多样性的差异分析[J]. 中国农学通报,2015,31(30):225-230.
- [33] 何凤发,杨志平,张正圣,等. 马铃薯表型性状与 SRAP 标记的相关分析[J]. 南方农业,2013,7(S1):46-50,58.
- [34] 赵光磊,张雅奎,吴凌娟,等. 黑龙江省主栽马铃薯品种遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 西北农业学报,2015,24(2):66-72.