

# 杨梅优选单株‘苏杨2号’的生物学特性 及其 ISSR 鉴定

戴 斌<sup>1</sup>, 徐春明<sup>2</sup>, 王利芬<sup>1</sup>, 张海如<sup>3</sup>, 叶利发<sup>4</sup>, 陆小平<sup>1\*</sup>

(1. 苏州大学 园艺系 江苏 苏州 215123; 2. 江苏省苏州市林业站 江苏 苏州 215128; 3. 江苏省苏州市吴中区金庭镇农林服务中心 江苏 苏州 215111; 4. 江苏省苏州市吴中区东山镇农林服务站 江苏 苏州 215107)

**摘要:** 从苏州洞庭山的杨梅(*Myrica rubra* Sieb. et Zucc.) 种质资源中筛选到一个优良单株—‘苏杨2号’(SY-2), 并对该单株的生物学特性、果实品质及亲缘关系进行分析。运用 ISSR-PCR 分析方法对 10 个主栽品种和优选单株‘苏杨2号’进行分析, 12 个引物, 共扩增出 90 个 DNA 片段, 其中多态性片段 70 个, 占总扩增片段的 77.8%; 并运用 NTSYS-pc 2.10e 软件, 采用 UPGMA 法构建了遗传分子系统树。‘苏杨2号’树势强健, 树形高大, 果实圆球形, 果实成熟时紫红色, 平均单果重 12.63 g, 可溶性固形物 11.46%, 可溶性总糖含量为 9.62%, 花色苷含量为 203.85 nmol/g, 6 月上中旬成熟, 较‘小叶细蒂’早熟 5~7 d。ISSR 分析表明, 在遗传相似系数 0.74 结合线处, 供试杨梅品种可以分为 5 组, 其中‘苏杨2号’与细蒂品种划分在同一组, 且‘苏杨2号’与‘小叶细蒂’品种的相似系数最高, 为 0.777 8。‘苏杨2号’为一早熟、优质的杨梅单株, 是一个不同于其它杨梅品种的新品种。

**关键词:** 杨梅; 新品种; ISSR; 亲缘关系; 品种鉴定

中图分类号: S667.6 文献标志码: A 文章编号: 1000-2286(2012)04-0676-06

## Biological Characteristics and ISSR Identification of ‘SY-2’ Waxberry

DAI Bin<sup>1</sup>, XU Chun-ming<sup>2</sup>, WANG Li-fen<sup>1</sup>,  
ZHANG Hai-ru<sup>3</sup>, YE Li-fa<sup>4</sup>, LU Xiao-ping<sup>1\*</sup>

(1. Horticulture Department of Soochow University, Suzhou 215123, China; 2. Suzhou Forestry Station, Suzhou 215128, China; 3. Agriculture and Forestry Service of Jintong Town, Suzhou 215111, China; 4. Agriculture and Forestry Service of Dongshan Town, Suzhou 215107, China)

**Abstract:** To describe the biological characteristics and fruit quality of the excellent individual ‘SY-2’ waxberry (*Myrica rubra* Sieb. et Zucc.) which was screened from Dongting Mountain in Suzhou, and to determine the genetic relationship with other cultivars. 10 cultivars and 1 selected waxberry plant were used in inter-simple sequence repeat (ISSR), total 90 DNA bands were amplified by 12 primers, 70 of which were polymorphic (77.8%). A dendrogram was constructed by using UPGMA method, according to ISSR result, by NTSYS-pc 2.10e. ‘SY-2’ is of strong growth and tall shape, the fruit is round in shape with purple color, and the mass is 12.63 g on average, containing total soluble solids of 11.46%, SSC of 9.62%, anthocyanin of 203.85 nmol/g, the fruit ripens in early-mid June, 5 to 7 d earlier than ‘Xiaoyexidi’. ISSR analysis showed that all cultivars tested could be classified into 5 groups at 0.74, ‘SY-2’ and ‘Xidi’ are in the same

收稿日期: 2012-03-22 修回日期: 2012-06-10

基金项目: 国家公益行业(农业)科研专项(201203089)和苏州市应用基础研究计划(SYN201012)

作者简介: 戴斌(1989—)男, 硕士生, 主要从事园林植物栽培与生理研究, E-mail: ahdaibin@yahoo.com.cn; \* 通讯作者: 陆小平, 教授, E-mail: szlxp@yahoo.com.cn。

group, and has a close relationship with ‘Xiaoyexidi’, and the similarity coefficient is 0.777 8. ‘SY-2’ is a new local variety which is different from other cultivars, the fruit ripens earlier and is of fine quality.

**Key words:** waxberry; new cultivar; ISSR; genetic relationship; cultivar identification

杨梅原产于中国,主要分布在长江流域以南、海南以北的山地,其中以江浙地区的杨梅品种最为丰富<sup>[1]</sup>。在江苏苏州市的东山和西山有着大面积的种植,并培育出了本土特有的品种,如‘大叶细蒂’、‘小叶细蒂’等。

苏州虽有着丰富的杨梅种质资源,但在资源分类、地方品种有效保护方面尚存在着亟待解决的问题,如如何构建核心种质等。随着20世纪90年代DNA分子标记技术的出现,在植物种质资源鉴定及分类、分子育种和遗传图谱构建中发挥了巨大的优势。相比形态学标记和生化标记,DNA分子标记具有标记数量大、多态性高、可靠性好等优点,无组织、器官、发育时期的特异性<sup>[2]</sup>。ISSR分子标记技术在果树遗传分类和种质亲缘关系鉴定上已有较多报道<sup>[3-6]</sup>。目前,应用于杨梅分类及鉴定的分子标记有RAPD<sup>[7-9]</sup>和ISSR标记技术<sup>[10-11]</sup>。谢小波等<sup>[12-13]</sup>应用RAPD和ISSR两种标记技术同时对杨梅品种遗传差异进行分析,比较得出这两种分子标记在杨梅中的扩增条带数和多态性条带数均没有达到显著差异,并进一步证明了分子标记技术能够较真实反映不同杨梅品种的遗传关系以及它们的地理分布。ISSR引物的长度一般为15~24 bp,反应的退火温度在52~55℃,比RAPD的退火温度36~40℃高,因此对于PCR反应的敏感度低于RAPD技术,其稳定性也较RAPD分析技术更高,而且ISSR-PCR有一套通用引物,其实验操作简单、快捷,在品种资源研究中有较大的应用潜力<sup>[10,14]</sup>。本文运用ISSR分子标记技术,从100个引物中筛选出12个条带丰富、多态性高的引物,对10个杨梅主栽品种和优选单株进行了分析,并对优选单株进行了亲缘关系分析。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材 料

本试验材料中的11个杨梅品种均采自苏州洞庭山。其中‘绿荫头’(LYT),‘白杨梅’(BYM),‘浪荡子-硬’(LDZ-1),‘浪荡子-软’(LDZ-2),‘紫条’(ZT),‘东魁’(DK),‘小黑头’(XHT)采自苏州市西山镇,‘大叶细蒂’(DYXD),‘小叶细蒂’(XYXD),‘中叶细蒂’(ZYXD),优选单株‘苏杨2号’(SY-2)采自苏州市东山镇。

### 1.2 方 法

1.2.1 生物学特性观察及果实品质分析 ‘苏杨2号’的生物学特性观察包括叶、花、梢、果的物候期及生长发育特性;可溶性固形物含量测定按照GB/T12295,采用折射仪测定法;可滴定酸含量测定参照GB/T12293,采用氢氧化钠滴定法测定;可溶性总糖含量测定参照GB/T 5009.7—2003,采用蒽酮比色法;花色苷的测定参照崔艳涛等<sup>[15]</sup>的方法,重复3次。

1.2.2 基因组DNA的提取 鉴于杨梅叶片中含有较高的酚类物质,本文采用CTAB法进行DNA提取<sup>[16]</sup>。取约1g幼嫩的杨梅叶片经液氮磨成粉末,添加1mL 65℃预热的2×CTAB,置65℃水浴30min;取出冷却,离心,分别用等体积酚/氯仿、氯仿离心提取2次;转移上清液至离心管中,并加入1倍体积预冷的异丙醇,轻轻混匀后放入-20℃静置1h;离心弃上清液,并以体积分数70%乙醇清洗沉淀2次,置超净工作台上待完全挥发后加入50μL TE溶液溶解,-20℃下放置备用。用10g/L琼脂糖电泳检测提取DNA的质量。

1.2.3 ISSR反应体系 25μL反应体系中,10×PCR Buffer(+KCl-MgCl<sub>2</sub>) 2.5μL, MgCl<sub>2</sub>(25mmol/L) 2.0μL, dNTPs(2.5mmol/L) 2.0μL,引物(2.0μmol/L) 5.0μL, Taq酶(5U/μL) 0.3μL, DNA模板 2.0μL, ddH<sub>2</sub>O 11.2μL。PCR在ABI 9700 PCR仪上进行,反应程序为:94℃预变性5min,94℃ 40s, T℃(退火温度随不同引物的T<sub>m</sub>值而变化) 45s, 72℃ 90s, 38个循环后于72℃延伸8min。取PCR产物10μL加入6×溴酚蓝上样缓冲液2μL,用10g/L琼脂糖电泳(后EB染色),凝胶成像仪Tanon-2500中成像观测。

1.2.4 引物筛选 本试验所用的ISSR引物是根据British Columbia大学公布的序列设计,由上海生工

生物工程技术服务有限公司合成,从 UBC 801-900,共 100 个引物,并从中筛选出 12 个条带清晰,无背景干扰,多态性高的引物进行 ISSR-PCR 分析,重复 2 次。

1.2.5 扩增产物和条带的分析方法 根据电泳条带在凝胶上的迁移率不同进行赋值,在同一位置上出现条带的赋予值 1,没有条带的赋予值 0,从而建立 1 0 矩阵,然后应用 NTSYS-pc 2.10e 软件,采用 UPGMA 法进行聚类分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 生物学特性

2009—2011 年的观察表明,‘苏杨 2 号’花芽在 2 月中下旬开始萌动,叶芽在 3 月中下旬萌发,3 月下旬至 4 月上旬展叶,3 月下旬至 4 月中旬抽生春梢,6—7 月抽生夏梢,8 月抽生秋梢。雌花 3 月上旬至 4 月初开放,盛花为 3 月中旬,花期长约 20 d,4 月中旬和 5 月上旬为落果高峰期。果实 6 月上中旬成熟,较小叶细蒂早熟 5~7 d。

‘苏杨 2 号’树势强健,树形高大,树冠为不整齐圆头形或半圆形,叶长×叶宽为 10.0 cm×2.3 cm,披针形且狭长,叶尖锐尖,叶缘全缘。以春梢为主要结果母枝、中短果枝结果为主。果实圆球形,果实成熟时紫红色,果实缝合线浅,肉柱先端圆钝,核小,肉质柔软,果汁多,酸甜可口,香气浓。

‘苏杨 2 号’生长的环境条件为年平均温度在 15~21℃,最低温度不低于-9℃;年降雨量在 1 000 mm 以上,耐阴,光照不能太强,坡向以阴坡为好。土壤疏松,排水良好,以山黄土或砂砾壤土为宜,pH 4.5~6.5。

### 2.2 果实主要品质

‘苏杨 2 号’平均单果质量 12.63 g,略大于‘大叶细蒂’和‘小叶细蒂’;可溶性固形物 11.46%,极显著高于‘大叶细蒂’和‘小叶细蒂’;可溶性总糖含量为 9.62%,略高于大叶细蒂和小叶细蒂,差异不显著;果实内花色苷含量为 203.85 nmol/g,显著高于‘小叶细蒂’果实内花青苷含量;固酸比最高,极显著高于‘小叶细蒂’,与‘大叶细蒂’的固酸比差异不显著(表 1)。

表 1 苏杨 2 号与大叶细蒂和小叶细蒂的果实品质比较  
Tab. 1 Fruit quality of SY-2, Dayexidi and Xiaoyexidi

品种 Varieties	平均单果质量 Average weight of fruit	可溶性固形物/% Soluble solids content	可溶性总糖/% Total soluble sugar	可滴定酸/% Titrable acid	花色苷/ (nmol·g <sup>-1</sup> ) Anthocyanins	固酸比 Ratio of soluble solids and TA
苏杨 2 号	12.63 ± 1.65Aa	11.46 ± 0.30Aa	9.62 ± 1.42Aa	2.04 ± 0.02Aa	203.85 ± 1.80Aa	5.62 ± 0.01Aa
大叶细蒂	12.02 ± 1.05Aa	8.60 ± 0.81Bb	8.66 ± 1.17Aa	1.57 ± 0.04Bb	200.79 ± 0.38Aab	5.44 ± 0.64ABa
小叶细蒂	12.46 ± 1.94Aa	6.82 ± 0.56Cc	7.96 ± 1.62Aa	1.85 ± 0.06Bb	199.37 ± 2.66Ab	4.26 ± 0.32Bb

表中数字后大写和小写字母不同分别表示 LSR 测定达 1% 和 5% 的显著水平。

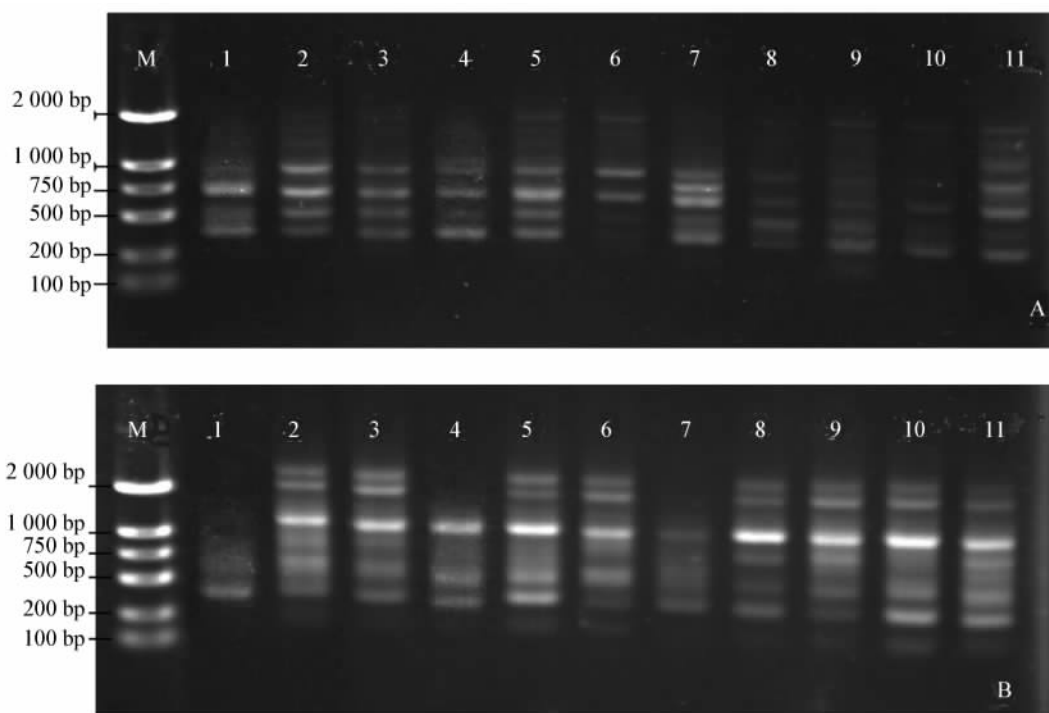
The capital and small letter indicate difference in 1% and 5% of LSR test, respectively.

### 2.3 引物筛选及杨梅品种基因组多样性分析

通过对 100 条 ISSR 引物筛选分析,选择了其中 12 条扩增条带明亮、具有特异性条带的引物来对 11 份杨梅品种进行鉴定分析。由表 2 可知,12 条引物共计扩增出 90 条 DNA 条带,其中多态性 DNA 条带 70 条,占总带数的 77.8%,每个引物扩增的 DNA 条带数目在 4~10 条,平均 7.5 条,扩增出的 DNA 条带的大小在 200~2 000 bp。图 1 为引物 UBC 825 和 UBC 864 的扩增图谱。

### 2.4 杨梅品种间的遗传相似性与聚类分析

利用 Ntedit 编辑计算 12 条 ISSR 引物扩增结果在品种之间的遗传相似系数,如表 3 所示,在 11 个杨梅品种中,两两间遗传相似系数为 0.500 0~0.855 6。其中‘浪荡子-硬’和‘浪荡子-软’亲缘关系最近,相似系数为 0.855 6;优选单株‘苏杨 2 号’与‘小叶细蒂’的亲缘关系最近,相似系数为 0.777 8,与‘绿荫头’的亲缘关系最远,相似系数为 0.500 0。利用 UPGMA 方法构建的亲缘关系树状图(图 2)。可见,以遗传相似系数 0.74 为结合线,11 个杨梅品种可划分为 5 组。其中第 1 组包括‘绿荫头’和‘东



A: UBC 825; B: UBC 864; M: Marker DL 2000。

1 ‘绿荫头’; 2 ‘白杨梅’; 3 ‘浪荡子 - 硬’; 4 ‘东魁’; 5 ‘紫条’; 6 ‘浪荡子 - 软’; 7 ‘小黑头’; 8 ‘大叶细蒂’; 9 ‘小叶细蒂’; 10 ‘中叶细蒂’; 11 ‘苏杨 2 号’。

1: Lvyingtou; 2: Baiyangmei; 3: Langdangzi - 1; 4: Dongkui; 5: Zitiao; 6: Langdangzi; 7: Xiaoheitou; 8: Dayexidi; 9: Xi-aoyexidi; 10: Zhongyexidi; 11: SY - 2.

图 1 部分杨梅品种的 ISSR 分子标记图谱

Fig. 1 Band patterns of ISSR molecular markers of cultivars in *Myrica*

表 2 ISSR 引物序列及多态性分析

Tab. 2 Sequences of ISSR primer and their diversity analysis in *Myrica*

引物 Primer	序列(5'-3') Sequence	扩增条带数 Total number of amplified band	多态性条带数 Number of polymorphic band	多态性条带率/% Percentage of polymorphic band
UBC 807	(AG) <sub>8</sub> T	6	6	100.0
UBC 808	(AG) <sub>8</sub> C	8	6	75.0
UBC 809	(AG) <sub>8</sub> G	10	7	70.0
UBC 811	(GA) <sub>8</sub> C	7	5	71.4
UBC 816	(CA) <sub>8</sub> T	6	5	83.3
UBC 817	(CA) <sub>8</sub> A	6	3	50.0
UBC 818	(CA) <sub>8</sub> G	5	4	80.0
UBC 825	(AC) <sub>8</sub> T	10	6	60.0
UBC 857	(AC) <sub>8</sub> YG	10	10	100.0
UBC 124	(AGC) <sub>6</sub>	10	9	90.0
UBC 864	(ATG) <sub>6</sub>	8	6	75.0
UBC 868	(GAA) <sub>6</sub>	4	3	75.0
总数 Total		90	70	
平均 Mean		7.5	5.8	77.8

Y = A or T or G or C.

魁’2 个品种;第 2 组为‘白杨梅’和‘紫条’2 个品种;第 3 组包括‘浪荡子-硬’和‘浪荡子-软’2 个品种;第 4 组为‘小黑头’;第五组包括‘大叶细蒂’、‘小叶细蒂’、‘苏杨 2 号’和‘中叶细蒂’等 4 个品种。

表 3 以 90 条 ISSR 带为基础的两个杨梅材料间的相似系数

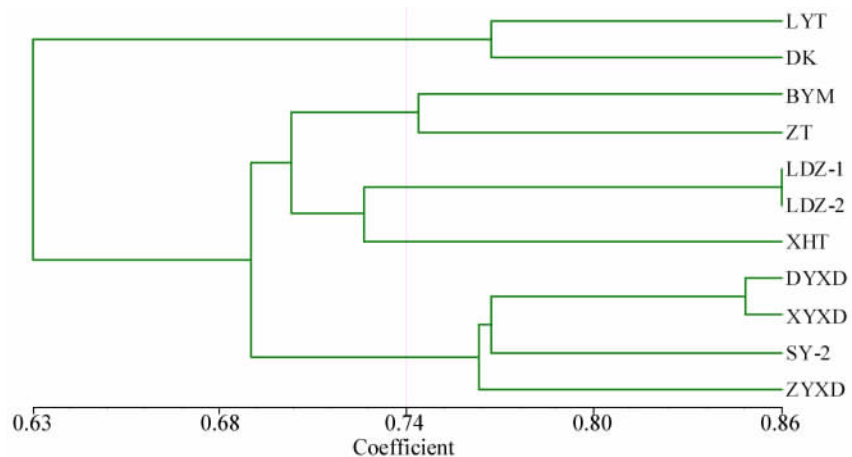
Tab.3 The similarity coefficient between two *Myrica* materials based on 90 ISSR bands

	LYT	BYM	LDZ-1	DK	ZT	LDZ-2	XHT	DYXD	XYXD	ZYXD	SY-2
LYT	1.000 0										
BYM	0.633 3	1.000 0									
LDZ-1	0.522 2	0.688 9	1.000 0								
DK	0.766 7	0.688 9	0.644 4	1.000 0							
ZT	0.577 8	0.744 4	0.722 2	0.655 6	1.000 0						
LDZ-2	0.577 8	0.722 2	0.855 6	0.677 8	0.755 6	1.000 0					
XHT	0.600 0	0.633 3	0.722 2	0.700 0	0.711 1	0.733 3	1.000 0				
DYXD	0.677 8	0.711 1	0.733 3	0.733 3	0.655 6	0.766 7	0.655 6	1.000 0			
XYXD	0.588 9	0.777 8	0.711 1	0.666 7	0.700 0	0.722 2	0.700 0	0.844 4	1.000 0		
ZYXD	0.633 3	0.644 4	0.622 2	0.600 0	0.588 9	0.722 2	0.633 3	0.777 8	0.755 6	1.000 0	
SY-2	0.500 0	0.711 1	0.733 3	0.600 0	0.677 8	0.744 4	0.655 6	0.755 6	0.777 8	0.755 6	1.000 0

LYT ‘绿荫头’ Lvyintou; BYM ‘白杨梅’ Baiyangmei; LDZ-1 ‘浪荡子-硬’ Langdangzi-1; LDZ-2 ‘浪荡子-软’ Langdangzi; ZT ‘紫条’ Zitiao; DK ‘东魁’ Dongkui; XHT ‘小黑头’ Xiaoheitou; DYXD ‘大叶细蒂’ Dayexidi; XYXD ‘小叶细蒂’ Xiaoyexidi; ZYXD ‘中叶细蒂’ Zhongyexidi; SY-2 ‘苏杨 2 号’。

### 3 讨 论

苏州东山镇和西山镇杨梅栽培历史悠久,资源丰富。本试验优选单株‘苏杨 2 号’的选育是始于 1997 年,在对苏州洞庭山的杨梅资料的调查过程中,发现了该实生单株,并进行连续多年的观察;2000 年高接,从 2009—2011 年对该高接单株进行了详细的生物学特性观测和果实品质测定,确定为早熟优质杨梅的单株,并定名为‘苏杨 2 号’。‘苏杨 2 号’,果实 6 月上中旬成熟,较苏州当地主栽品种‘小叶细蒂’早熟 5~7 d,其果实可溶性固形物含量显著高于‘小叶细蒂’,果形也较大,抗性强,较丰产;但该品种高接后进入结果期所需时间较长,一般需 6~8 年。从本研究结果来看,‘苏杨 2 号’是一个品质优异的单株,且可提前杨梅上市时间,具有很好的推广发展潜力。



LYT ‘绿荫头’ Lvyintou; BYM ‘白杨梅’ Baiyangmei; LDZ-1 ‘浪荡子-硬’ Langdangzi-1; LDZ-2 ‘浪荡子-软’ Langdangzi; ZT ‘紫条’ Zitiao; DK ‘东魁’ Dongkui; XHT ‘小黑头’ Xiaoheitou; DYXD ‘大叶细蒂’ Dayexidi; XYXD ‘小叶细蒂’ Xiaoyexidi; ZYXD ‘中叶细蒂’ Zhongyexidi; SY-2 ‘苏杨 2 号’。

图 2 杨梅品种的 ISSR 聚类分析树状图

Fig. 2 Tree diagram for *Myrica* cultivars based on ISSR markers

根据遗传相似系数可以得到,优选单株‘苏杨 2 号’与‘小叶细蒂’的相似系数最高,亲缘关系较近,后者可能为其亲本之一。由亲缘关系树状图可以看出,ISSR 标记可以将来自东山选育出的杨梅品种与

西山的品种明显的区分开来; 还可以将‘苏杨2号’与‘东魁’、‘细蒂’等苏州地区主栽品种区分开来, 表明在DNA水平上优选单株‘苏杨2号’与苏州当地栽培品种存在着一定的差异, 证明‘苏杨2号’是不同于其他品种的新品种。

#### 参考文献:

- [1] 缪松林, 王定祥. 杨梅[M]. 杭州: 浙江科学技术出版社, 1987: 1-40.
- [2] 贾继增. 分子标记种质资源鉴定和分子标记育种[J]. 中国农业科学, 1996, 29(4): 1-10.
- [3] 郭丽英, 黄桂香, 何新华, 等. 扁柑种质资源亲缘关系的ISSR分析[J]. 热带作物学报, 2011, 32(3): 443-446.
- [4] 侯思宇, 孙朝霞, 申洁, 等. 30个枣树种质资源遗传多样性的ISSR分析[J]. 植物生理学报, 2011, 47(3): 275-280.
- [5] 孙淑霞, 李靖, 陈栋, 等. ISSR分子标记技术在核桃品种鉴定中的应用[J]. 中国农学通报, 2011, 27(4): 173-177.
- [6] 钟凤林, 施维属, 潘东明. 福建柚类种质资源的ISSR分析[J]. 热带作物学报, 2010, 31(11): 1964-1968.
- [7] 林伯年, 徐林娟, 贾春蕾. RAPD技术在杨梅属植物分类研究中的应用[J]. 园艺学报, 1999, 26(4): 221-226.
- [8] 钱皆兵, 陈子敏, 陈俊伟, 等. 优质大果杨梅新品系乌紫杨梅的生物学特性及RAPD鉴定[J]. 果树学报, 2007, 24(1): 64-67.
- [9] Williams J G K, Kubelik A R, Livak K J, et al. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers[J]. Nucleic Acids Research, 1990, 18(22): 6531-6535.
- [10] 钱剑林, 俞文生, 王化坤, 等. 江浙地区杨梅主要品种的ISSR分析[J]. 植物资源与环境学报, 2006, 15(3): 17-20.
- [11] 邱英雄, 傅承新, 孔航辉. 杨梅不同品种的ISSR分析[J]. 农业生物技术学报, 2002, 10(4): 343-346.
- [12] 谢小波, 求盈盈, 戚行江, 等. 杨梅雌、雄种质遗传关系的RAPD和ISSR分析[J]. 果树学报, 2008, 25(2): 198-202.
- [13] 谢小波, 求盈盈, 戚行江, 等. 浙江杨梅品种遗传差异的RAPD和ISSR分析[J]. 浙江农业学报, 2008, 20(1): 1-5.
- [14] Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification[J]. Genomics, 1994, 20: 176-183.
- [15] 崔艳涛, 孟庆瑞, 王文凤, 等. 安哥诺李果皮花青苷与内源激素、酶活性变化规律及其相关性[J]. 果树学报, 2006, 23(5): 699-702.
- [16] 张志栋, 柴春燕, 袁妮娜, 等. 杨梅基因组DNA提取方法筛选和优化研究[J]. 生物技术通报, 2007(6): 105-107.

---

#### (上接第675页)

- [14] Aroca R, Ferrante A, Vernieri P, et al. Drought, abscisic acid and transpiration rate effects on the regulation of PIP aquaporin gene expression and abundance in Phaseolus vulgaris plants[J]. Ann Bot, 2006, 98(6): 1301-1310.
- [15] Secchi F, MacIver B, Zeidel M L, et al. Functional analysis of putative genes encoding the PIP2 water channel subfamily in Populus trichocarpa[J]. Tree Physiol, 2009, 29(11): 1467-1477.
- [16] Forrest K L, Bhave M. The PIP and TIP aquaporins in wheat form a large and diverse family with unique gene structures and functionally important features[J]. Funct Integr Genomics, 2008, 8(2): 115-133.
- [17] Yim Y S, Moak P, Sanchez-Villeda H, et al. A BAC pooling strategy combined with PCR-based screenings in a large, highly repetitive genome enables integration of the maize genetic and physical maps[J]. BMC Genomics, 2007, 8: 47.
- [18] Martinez-Ballesta M C, Diaz R, Martinez V, et al. Different blocking effects of HgCl<sub>2</sub> and NaCl on aquaporins of pepper plants[J]. J Plant Physiol, 2003, 160(12): 1487-1492.
- [19] Cabanero F J, Martinez-Ballesta M C, Teruel J A, et al. New evidence about the relationship between water channel activity and calcium in salinity-stressed pepper plants[J]. Plant Cell Physiol, 2006, 47(2): 224-233.
- [20] Markus F, Daood H G, Kapitany J, et al. Change in the carotenoid and antioxidant content of spice red pepper (paprika) as a function of ripening and some technological factors[J]. J Agric Food Chem, 1999, 47(1): 100-107.
- [21] 陈儒钢, 朱文超, 巩振辉, 等. 辣椒水通道蛋白基因CaAQP的克隆与序列分析[J]. 中国农业科学, 2010, 43(20): 4323-4329.