

SRAP 和 SCAR 分子标记应用于中药材研究进展

曹亮¹, 魏宝阳², 李顺祥^{1,3}

1. 湖南中医药大学药学院中药现代化重点实验室, 长沙 410208
2. 湖南农业大学生物科学技术学院, 长沙 410128
3. 湖南省中医药研究院中药研究所, 长沙 410013

摘要 分子标记技术是基于生物体基因组的遗传分析方法, 在动植物的品种鉴定、亲缘关系分析、遗传多样性分析、遗传图谱构建和分子辅助育种等研究中有着广泛的应用。其中相关序列扩增的态性 (Sequence-Related Amplified Polymorphism, SRAP) 是开发较晚、应用较广的分子标记技术, 以其简单、高效、重复性良好的优点, 在药用植物的遗传学研究中表现出很大的优势。利用分子标记技术构建药材系统发生树, 明晰遗传背景和药材品质的关系, 辅助中药材品种选育, 研究药材道地性成因是近几年的研究热点。本文介绍了 SRAP 和序列特征性扩增区域 (Sequence Characterized Amplified Regions, SCAR) 的技术基础, 并总结了 SRAP 常用引物, 比较分析了一些中药材的优化反应体系; 综述 SRAP 在中药材的遗传多样性研究、道地性分析、遗传图谱构建等方面的应用情况; SCAR 技术的应用特点和在中药材鉴定中的作用; 阐述二者结合在中药材研究中的现状及其应用前景。

关键词 相关序列扩增的态性; 序列特征性扩增区域; 中药材; 道地性; 遗传多样性

中图分类号 R282

文献标识码 A

文章编号 1000-7857(2010)12-0104-06

Molecular Markers Technologies SRAP and SCAR Used in Research of Chinese Herbal Medicines

CAO Liang¹, WEI Baoyang², LI Shunxiang^{1,3}

1. Key Laboratory of Modernization of Chinese Medicine, School of Pharmacy, Hunan University of Chinese Medicine, Changsha 410208, China
2. School of Bioscience and Technology, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China
3. Institute of Chinese Materia Medica, Hunan Academy of Chinese Medicine, Changsha 410013, China

Abstract Molecular marker technology is a genetic analysis method based on organism genome, and is widely used in identification, genetic variability analysis, genetic diversity and population structure research, and genetic Linkage Group (LG) and marker-assisted selection. SRAP is a newly developed and widely used molecular marker technology, with a great potential in studies of genetic resources of medicinal plants due to its simplicity, numerous makers, and high reproducibility. Recently, it is popular to use the molecular marker technology to construct Dendrograms, clarify the relationship between germplasm and herb quality, assist the selection of herb and analyze the herb's quality. In this paper, the principle and protocol of SRAP and SCAR are discussed; some optimized SRAP reaction systems are compared with a summative list of common primes of SRAP; the applications of SRAP in germplasm genetic diversity analysis, genuineness analysis, genetic map construction are reviewed. In addition, the applications of SCAR and its role in the identification of Chinese herbal medicines are also discussed. The current status and prospect of applying the combination of SRAP and SCAR in the study of herbal medicines are commented.

Keywords SRAP; SCAR; Chinese herbal medicine; genuineness; genetic diversity

收稿日期: 2010-04-02

基金项目: “十一五”国家科技支撑计划项目 (2006BAI09B02); 国家自然科学基金项目 (30973877); 湖南省科学技术厅科技计划项目 (2008SK3087)

作者简介: 曹亮, 硕士研究生, 研究方向为天然药物资源、分子生药学, 电子信箱: caoliang520945@126.com; 李顺祥 (通信作者, 中国科协所属全国学会个人会员登记号: S300000383M), 研究员, 研究方向为中药化学与资源, 电子信箱: lishunxg@yahoo.com.cn



0 引言

随着分子生物学技术的快速发展,DNA 分子标记技术作为现代分子生物学研究的重要手段,被广泛应用于植物的遗传图谱构建、品种选育、植物鉴定、亲缘关系分析、遗传差异和多样性分析中。在药用植物中也掀起了分子标记手段研究药用植物资源的热潮。

目前应用于中药材的分子标记技术主要有随机扩增多态性(Random Amplified Polymorphic DNA,RAPD)、扩增片段长度多态性 (Amplified Fragment Length Polymorphism,AFLP)、简单重复序列(Simple Sequence Repeat,SSR)、简单重复间序列(Inter-Simple Sequence Repeat,ISSR)、单核苷酸多态性(Single Nucleotide Polymorphisms,SNP)等,其中前 4 种应用最广泛。RAPD 技术由 Williams 等^[1]最先应用,利用一系列碱基顺序随机排列的寡聚核苷酸单链(10 个碱基)为引物,对所研究植物基因组 DNA 进行聚合酶链式反应(Polymerase Chain Reaction,PCR)扩增,其操作简单,技术成熟,但多态性一般,实验重复性较差,不稳定。AFLP 标记技术由 Vos 等^[2]建立,通过内切酶酶切基因组 DNA 产生酶切片段,并连接接头,利用接头的序列设计引物进行 PCR 扩增而产生多态性,其多态性最丰富,重复性好,但操作较繁琐,试剂盒费用较贵。SSR 标记由 Moore 等^[3]创立,是利用简单重复序列又叫微卫星(microsatellite)两端的保守单拷贝序列设计一对特异引物进行扩增的技术,该技术稳定性好,但在 SSR 标记设计引物之前必须知道重复序列两端的特定序列,引物设计较繁琐,使其应用受到限制^[3]。ISSR 标记是由 Zietkiewicz 等^[4]提出的一种标记技术,采用 17~22 个碱基的重复锚定引物,即在 SSR 序列的 3' 端或 5' 端加上 2~4 个随机核苷酸,扩增重复序列之间的片段,无须知道任何靶序列信息,简便快速,不足之处在于 PCR 扩增时最适反应条件需要一定时间的摸索。通过分子标记研究药用植物资源的遗传特性特别是物种多样性,对于资源的保护和开发利用具有实际的指导意义。目前,这几种标记技术已被广泛应用于品种鉴定、多样性分析、指纹图谱的构建等研究中。

相关序列扩增多态性(Sequence-Related Amplified Polymorphism,SRAP)技术是一种新发明的分子标记方法,具有产率中等、重复性好、操作简单等优点,在中药材的多样性分析、指纹图谱构建及道地性药材(具有中国特色的、对特定产区的名优正品药材的特称)的研究中有着较广泛的应用。其中对于道地药材分子标记研究是一个新兴的内容。由于道地药材产于一定的地理族群,且都有较悠久的历史,在进化过程中,基因组水平上与其他种群有一定的差异,这使得应用分子标记技术从 DNA 水平上研究药材道地性成为可能。黄璐琦等^[5]从生物学角度认为道地药材是药材原植物的基因型及其所处的环境,即“表型=基因型+环境饰变”作用的结果,并探讨了以丹参(*Salvia miltiorrhiza* Bge)作为道地性药材研究模式植物的可行性。本文综述了 SRAP 标记方法和序列特征性扩增区域 (Sequence Characterized Amplified Regions,

SCAR) 技术及两者相结合在中药材研究当中的已有应用基础,并阐述了两者的应用前景。

1 SRAP 和 SCAR 标记的相关技术基础

1.1 SRAP 标记的原理

相关序列扩增多态性又叫基于序列扩增多态性 (Sequence Based Amplified Polymorphism,SBAP)。SRAP 是由 Li 等^[6]于 2001 年开发的 DNA 分子标记技术,具有简便、稳定、中等产率等特点。SRAP 利用独特的引物设计,对开放读码框(ORFs)进行选择性的扩增。正向引物长 17bp,包含一段 14 碱基的核心序列(core sequence);5' 端前 10 个碱基为“填充”序列(filler sequence),与 RAPD 引物类似,无特异序列,紧接着为 CCGG 序列(外显子一般富含 GC 序列),随后为 3' 端的 3 个选择性碱基;对外显子进行选择性的扩增。反向引物长 18bp,包括与正向引物相似的 11 个碱基的填充序列和一个 AATT 序列(富含 AT 的序列通常见于启动子和内含子区域),随后为 3' 端的 3 个选择性碱基;对内含子区域、启动子区域进行选择性的扩增。因个体不同,其内含子、启动子与间隔长度变异而产生多态性。常用的 SRAP 引物见表 1。

表 1 用于 SRAP 分析的部分引物
Table 1 Some primers used for SRAP analysis

正向引物		反向引物	
编号	序列	编号	序列
Me1	TGAGTCCAAACCGGATA	Em1	GACTGCGTACGAATTAAT
Me2	TGAGTCCAAACCGGAGC	Em2	GACTGCGTACGAATTTGC
Me3	TGAGTCCAAACCGGAAT	Em3	GACTGCGTACGAATTGAC
Me4	TGAGTCCAAACCGGACC	Em4	GACTGCGTACGAATTTGA
Me5	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em5	GACTGCGTACGAATTAAC
Me6	TGAGTCCAAACCGGACA	Em6	GACTGCGTACGAATTGCA
Me7	TGAGTCCAAACCGGACG	Em7	GACTGCGTACGAATTCAA
Me8	TGAGTCCAAACCGGACT	Em8	GACTGCGTACGAATTCAC
Me9	TGAGTCCAAACCGGAGG	Em9	GACTGCGTACGAATTCAG
Me10	TGAGTCCAAACCGGAAA	Em10	GACTGCGTACGAATTCAT
Me11	TGAGTCCAAACCGGAAC	Em11	GACTGCGTACGAATTCTA
Me12	TGAGTCCAAACCGGAGA	Em12	GACTGCGTACGAATTCTC
Me13	TGAGTCCAAACCGGAAG	Em13	GACTGCGTACGAATTCTG
Me14	TGAGTCCAAACCGGTAA	Em14	GACTGCGTACGAATTCCT
Me15	TGAGTCCAAACCGGTCC	Em15	GACTGCGTACGAATTGAT
Me16	TGAGTCCAAACCGGTGC	Em16	GACTGCGTACGAATTGTC

1.2 SRAP 一般反应体系和 PCR 反应程序

SRAP 反应模板多数是基因组 DNA,也可以是 cDNA。其中 25μL 的 SRAP 反应体系组成:10×PCR buffer (含 20mmol·L⁻¹·Mg²⁺)2.5μL,dNTP (10mmol·L⁻¹)0.5μL,DNA 模板 (50ng·μL⁻¹)1.0μL,Em 正向引物 (10μmol·L⁻¹)1.5μL,Me 反向引物 (10μmol·L⁻¹)1.5μL,Taq DNA Polymerase (2.5U·μL⁻¹)0.5μL,Sterile deionized water 17.5μL。

反应程序:94℃ 3min;94℃ 30s,35℃ 1min,72℃ 1min,5

性分析。

2.2 SRAP 应用于道地性中药材成因的初探

系统聚类分析往往能将中药材的各产区遗传特性上的差异清楚地表示出来,这一特性是中药材道地性分子标记分析的前提。应用 RAPD 技术分析中药材如国产姜黄^[23]、当归^[24]、丹参^[16]、广藿香^[25]、麦冬^[26]、吴茱萸^[27]等道地性的研究报道,运用 AFLP 方法来研究栀子^[28]等道地性的报道。这些研究都从各产地药材的遗传背景差异出发,结合成分或传统经验来考察道地性成因。

钱丹等^[29]通过 SRAP 分子标记技术对来源于 12 个产地的内蒙古黄芪的样品进行了 SRAP 多态性研究,结果显示 12 份材料可以分为山西和甘肃两大类,内蒙古各居群属于过渡类型。这一结果很好地反映了内蒙古黄芪的用药历史:唐代以前以西北地区主产,特别是甘肃产者为道地;宋代以后则以山西产者为良;至清代除山西产之外,又加内蒙古黄芪为道地药材。通过黄芪甲苷等成分含量分析表明,分子标记研究结果是对本草考证和现代化学成分研究的很好佐证,说明内蒙古黄芪传统的道地药材和真正的优质药材是一致的。可见 SRAP 技术对于道地性遗传背景研究有良好的应用价值,为道地药材的佐证以及成因分析提供了一定的参考。

2.3 SRAP 在构建中药材遗传图谱及辅助育种中的应用

野生中药材资源逐渐匮乏,珍惜资源濒危,影响到中药材的可持续发展,因此大宗贵重药材的人工栽培显得非常重要,而优良药材品种的选育是人工栽培中一项不可忽视的内容。以分子标记技术辅助育种是现代育种研究的重要途径,在中药材的育种研究中也势必成为重头戏。

SRAP 因其多态性条带产率中等、稳定的优点,与其他分子标记如 SSR、ISSR、AFLP 等一样被应用于植物遗传图谱的构建、性状基因研究及品种的辅助选育,在黄瓜^[30]、油菜^[31-32]、茄子^[33]等农作物的研究中都有应用。利用 SRAP 技术对于中药的遗传连锁图谱构建和育种研究尚在起步阶段,但国内已有相关报道,特别是对于名优中药材等的研究,一直走在前沿。Xue 等^[34]利用 SRAP 和 RAPD 技术研究了 90 个样品的铁皮石斛和重唇石斛杂交 F1 代群体连锁图谱,共有 98 个 SRAP 标记和 209 个 RAPD 标记用来构建连锁图谱,铁皮石斛连锁图共有 11 个较大的连锁群、3 个二联体,包括 62 个 SRAP 和 RAPD 标记,总图距为 629.4cM,平均图距为 11.2cM。重唇石斛连锁图共有 11 个主要和 4 个次要连锁群,共包括 112 个 SRAP 和 RAPD 标记,总图距为 1304.6cM,平均图距为 11.6cM。图谱覆盖了铁皮石斛 82.7%的基因组,覆盖了重唇石斛 92.7%的基因组。为石斛园艺、药物性状基因的构图和分子辅助育种奠定了良好的基础。

3 SCAR 技术的应用

3.1 应用于中药材鉴定的 SCAR 标记开发

SCAR 分析技术从 RAPD、AFLP、SRAP 等分子标记技术衍生而来,对植物的种间和种内水平都有良好的鉴定效果。

它基于植物基因组的多态性序列,通过设计一对寡聚核苷酸引物,对植物基因组进行扩增,具有良好的重复性和稳定性。药材鉴定和道地药材鉴别以及中药药材性状研究中具有较大潜力。

W·Y·Ha 等^[35-36]开发了鉴别人参和西洋参的 420bp 长的 SCAR 标记,两者的差异在于人参有一个 25bp 的插入序列,同时开发了人参和其他参杂品的 SCAR 特异标记,应用于人参的鉴定。Choi 等^[37]通过 AFLP 分析开发的 SCAR 标记技术首次获得了一个清晰的竹节参 AFLP 特异性标记 JG14,可将竹节参与人参、西洋参和三七区分开来,为竹节参的快速鉴定提出了新的方法。Dnyaneshwar 等^[38]应用源于 RAPD 技术的 SCAR 标记鉴定叶下珠属的余甘子。Lu 等^[39]应用 SCAR 鉴定夹竹桃科罗布麻属的罗布麻 *Apocynum venetum* Linn (红麻) 和白麻 (中花罗布麻) *poacynum pictum* (schrenk) Baill,发现有一对引物能扩增红罗布麻产生一条清新的条带,而在白麻中不出现,从而建立了一个快速区分这两种植物的 SCAR 分子标记。Sze 等^[40]以 RAPD 分子标记产生的特征带为基础,开发了两个长度分别为 700、650bp 的可应用于枸杞子鉴定的 SCAR 标记。

3.2 SRAP 与 SCAR 的结合应用

由于 SRAP 可以使用与 RAPD 相似的琼脂糖凝胶进行电泳,并用 EB 染色,多态性条带回收较 AFLP 等方便,同时条带一般是 ORF 区片段,较 RAPD 和 SSR 等更能与性状功能基因连锁,从而有利于 SCAR 标记的开发。如 Zhang 等^[30]利用 SRAP 技术研究黄瓜果实的表皮瘤的单显性基因 Tu/tu,开发了基于 SRAP 的 3 个该基因的 SCAR 标记,其中 2 个标记可用于黄瓜的辅助育种。Rahman 等^[32]开发与油菜的种皮颜色基因 (*Br1/br1*) 高度相关的 SRAP 分子标记,且通过一个 12bp 的序列缺失使一个 SCAR 标记与 *Br1* 基因紧密联系,在辅助育种中表现出较大的潜力。Mutlu 等^[33]发现一个共显性和一个显性 SRAP 标记与茄子镰刀菌枯萎病抗性基因紧密连锁,并将其转化为 SCAR 标记,在分子辅助育种中可用于茄子抗性基因型的鉴别。

对于中药材基于 SRAP 技术的 SCAR 标记也有报道,许美燕等^[41]用 SRAP 对 48 个 DNA 池的灵芝进行扩增,筛选获得 1 个特异性标记,回收特异性条带,经克隆测序后设计了 1 对 SCAR 引物,将 SRAP 标记成功地转化为特异性和稳定性更好的 SCAR 标记;将得到的 SCAR 标记进行验证,最终证实了 SCAR 特异标记在菌株快速检测鉴定中的可行性和可靠性。该研究还开发了 3 个基于 ISSR 的 SCAR 标记。基于 SRAP 和 SCAR 技术的中药材重要性状基因的研究尚鲜见报道。利用 SRAP 的扩增多态性,可望能开发一系列用于中药材鉴定的 SCAR 标记,同时对于中药材特定基因功能的分析也将得到有效应用。

4 展望

分子标记技术作为药用植物资源的研究手段,近几年有

了广泛的应用和发展,无论是用于遗传资源的分析,还是作为中药材的鉴别手段,都取得了满意的成绩,对中国市场的大宗或贵重药材,如人参、丹参、石斛进行了较充分的研究,为中药材资源的可持续利用和开发奠定了良好的基础。

在中药材道地性的研究方面,分子标记技术作为有别于传统的道地药材研究的方法,为道地性研究提出了一种解决思路。自从最初的 RAPD 技术被应用到道地性药材的探索性研究开始,分子标记技术一直被研究人员应用于道地药材不同领域的研究;如道地药材的遗传特性、道地药材的鉴定、道地药材的成因等方面均有研究报道,到目前为止,取得了不少成就。但仍有许多亟待解决的问题,如没有构建良好的道地性成因分析机制、对中药材重要药性性状基因研究不够等。

随着研究工作的不断深入,分子标记技术将成为中药材研究的重要手段,在药用植物道地性评价和形成机制以及药材的育种和栽培研究中取得有价值的成果,在中药现代化研究的进程中发挥重要的作用。

参考文献 (References)

- [1] Williams J G K, Kubelic A R, Livak K J. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers [J]. *Nucleic Acid Res*, 1990, 18(22): 6531-6533.
- [2] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting[J]. *Nucl Acids Res*, 1995, 23(21): 4407-4414.
- [3] Tautz D. Hyper variability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers [J]. *Nucleic Acid Research*, 1989, 17 (16): 6463-6471.
- [4] Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification [J]. *Genomics*, 1994, 20(2): 176-183.
- [5] 黄璐琦, 戴住波, 吕冬梅. 探讨道地药材研究的模式生物及模型[J]. 中国中药杂志, 2009, 34(9): 1063-1066.
Huang Luqi, Dai Zhuo, Lu Dongmei. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2009, 34(9): 1063-1066.
- [6] 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 [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 103 (2): 455-461.
- [7] 郭庆华, 郭美丽, 薛芊, 等. 青箱 SRAP 体系的建立和优化 [J]. 中草药, 2008, 39(2): 263-266.
Guo Qinghua, Guo Meili, Xue Qian, et al. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2008, 39(2): 263-266.
- [8] 李廷春, 高正良, 汤志顺. 丹参 SRAP 反应体系的建立与优化[J]. 生物学杂志, 2008, 25(1): 40-44.
Li Tingchun, Gao Zhengliang, Tang Zhishun. *Journal of Biology*, 2008, 25(1): 40-44.
- [9] 袁菊红, 权俊萍, 胡绵好, 等. 石蒜 SRAP-PCR 扩增体系的建立与优化 [J]. 植物资源与环境学报, 2007, 16(4): 1-6.
Yuan Juhong, Quan Junping, Hu Mianhao, et al. *Journa of Plant Resources and Environment*, 2007, 16(4): 1-6.
- [10] 樊洪泓, 李廷春, 邱婧, 等. 石斛属植物 SRAP 反应体系的建立与优

- 化[J]. 分子植物育种, 2006, 4(6): 153-156.
Fan Honghong, Li Tingchun, Qiu Jing, et al. *Molecular Plant Breeding*, 2006, 4(6): 153-156.
- [11] Paran I, Michelmore R W. Development of reliable PCR-based markers linked to downy mildew resistance genes in lettuce [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1993, 85(8): 985-993.
- [12] 刘明珍, 陈乃富, 刘秀珍, 等. 道地药材霍山石斛及其相似种的分子鉴定[J]. 生物学杂志, 2009, 26(5): 34-36.
Liu Mingzhen, Chen Naifu, Liu Xiuzhen, et al. *Journal of Biology*, 2009, 26(5): 34-36.
- [13] 樊洪泓, 李廷春, 邱婧, 等. 药用石斛遗传多样性的 SRAP 标记研究 [J]. 中国中药杂志, 2008, 33(1): 6-10.
Fan Honghong, Li Tingchun, Qiu Jing, et al. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2008, 33(1): 6-10.
- [14] 任羽, 尹俊梅, 杨光穗. 海南石斛属植物亲缘关系的 SRAP 分析[J]. 热带作物学报, 2008, 29(6): 767-770.
Ren Yu, Yin Junmei, Yang Guangsui. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2008, 29(6): 767-770.
- [15] 李廷春, 樊洪泓, 高正良, 等. 丹参遗传多样性的 SRAP 标记分析[J]. 核农学报, 2008, 22 (5): 576-580.
Li Tingchun, Fan Honghong, Gao Zhengliang, et al. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2008, 22 (5): 576-580.
- [16] 郭宝林, 林生, 冯毓秀, 等. 丹参主要居群的遗传关系及药材道地性的初步研究[J]. 中草药, 2002, 33(12): 1113-1116.
Guo Baolin, Lin Sheng, Feng Yuxiu, et al. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2002, 33(12): 1113-1116.
- [17] 温春秀, 吴志明, 田伟, 等. 丹参种质资源遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. 华北农学报, 2007, 22 (增刊): 122-125.
Wen Chunxiu, Wu Zhiming, Tian Wei, et al. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2007, 22 (Suppl): 122-125.
- [18] 宋振巧. 丹参种质资源的遗传多样性研究[D]. 山东: 山东农业大学农学院, 2008.
Song Zhenqiao. Genetic diversity study of *Salvia miltiorrhiza* Bge[D]. Shandong: Agronomy College, Shandong Agricultural University, 2008.
- [19] Song Z Q, Li X F, Wang H G, et al. Genetic diversity and population structure of *Salvia miltiorrhiza* Bge in China revealed by ISSR and SRAP[J]. *Genetica*, 2010, 138: 241-249.
- [20] Feng N, Xue Q, Guo Q H, et al. Genetic diversity and population structure of *Celosia argentea* and related species revealed by SRAP [J]. *Biochem Genet*, 2009, 47(7-8): 521-532.
- [21] 王从彦, 李晓慧, 胡颖, 等. SRAP 分子标记分析芫花遗传多样性[J]. 河南科学, 2008, 26(5): 554-556.
Wang Congyan, Li Xiaohui, Hu Ying, et al. *Henan Science*, 2008, 26(5): 554-556.
- [22] 邓瑞宁, 王沫, 李再云, 等. 荆半夏遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 农业生物技术学报, 2008, 16(6): 1070-1071.
Deng Ruining, Wang Mo, Li Zaiyun, et al. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2008, 16(6): 1070-1071.
- [23] 肖小河, 史成和, 李隆云, 等. 国产姜黄属药用植物 RAPD 分析与分类鉴定[J]. 中草药, 2000, 31(3): 209-212.
Xiao Xiaohe, Shi Chenghe, Li Longyun, et al. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2000, 31(3): 209-212.

- [24] 高文远, 秦恩强, 肖小河. 等. 当归药材道地性的 RAPD 分析[J]. 中草药, 2001, 32(10): 926-929.
Gao Wenyuan, Qin Enqiang, Xiao Xiaohu, *et al.* *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2001, 32(10): 926-929.
- [25] 李颖, 李劲平. 广霍香道地性的 RAPD 研究 [J]. 现代医药卫生, 2006, 22(13): 2027-2028.
Li Yin, Li Jinping. *Modern Medicine & Health*, 2006, 22 (13): 2027-2028.
- [26] 雷高鹏, 乔代蓉, 熊焰, 等. 麦冬道地性的 RAPD 分析[J]. 四川大学学报: 自然科学版, 2006, 43(6): 1374-1378.
Lei Gaopeng, Qiao Dairong, Xiong Yan, *et al.* *Journal of Sichuan University: Natural Science Edition*, 2006, 43(6): 1374-1378.
- [27] 曹亮, 李顺祥, 魏宝阳, 等. 吴茱萸 RAPD 体系构建及道地性遗传背景研究[C]//药用植物化学与中药资源可持续发展学术研讨会论文集(上). 青海: 2009.
Cao Liang, Li Shunxiang, Wei Baoyang, *et al.* [C]//Medicinal Plants and Traditional Chinese Medicine Symposium on Sustainable Development. Qinghai: 2009.
- [28] 韩建萍, 陈士林, 张文生, 等. 栀子道地性的分子生态学[J]. 应用生态学报, 2006, 17(12): 2385-2388.
Han Jianping, Chen Shilin, Zhang Wensheng, *et al.* *Chinese Journal of Applied Ecology*, 2006, 17(12): 2385-2388.
- [29] 钱丹, 黄璐琦, 崔光红, 等. 不同产地蒙古黄芪遗传关系的 SRAP 分析[J]. 中国中药杂志, 2009, 34(4): 382-385.
Qian Dan, Huang Luqi, Cui Guanghong, *et al.* *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2009, 34(4): 382-385.
- [30] Zhang W W, He H L, Guan Y. Identification and mapping of molecular markers linked to the tuberculate fruit gene in the cucumber (*Cucumis sativus* L.)[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, 120(3): 645-654.
- [31] 王峰, 官春云. 甘蓝型油菜遗传图谱的构建及单株产量构成因素的 QTL 分析[J]. 遗传, 2010, 32(3): 271-277.
Wang F, Guan C Y. *Herditas (Beijing)*, 2010, 32(3): 271-277.
- [32] Rahman M, McVetty P B E, Li G. Development of SRAP, SNP and multiplexed SCAR molecular markers for the major seed coat color gene in *Brassica rapa* L.[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 115(8): 1101-1107.
- [33] Mutlu N, Boyaci F H, Göçmen M, *et al.* Development of SRAP, SRAP-RGA, RAPD and SCAR markers linked with a Fusarium wilt resistance gene in eggplant [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 117(8): 1303-1312.
- [34] Xue D, Feng S, Zhao H, *et al.* The linkage maps of *Dendrobium* species based on RAPD and SRAP markers [J]. *J Genet Genomics*, 2010, 37(3): 197-204.
- [35] Ha W Y, Yau F C, But P P, *et al.* Direct amplification of length polymorphism analysis differentiates *Panax ginseng* from *P. quinquefolius* [J]. *Planta Med*, 2001, 67(6): 587-589.
- [36] Wang J, Ha W Y, Ngan F N, *et al.* Application of sequence characterized amplified region (SCAR) analysis to authenticate *Panax* species and their adulterants[J]. *Planta Med*, 2001, 67(8): 781-783.
- [37] Choi Y E, Ahn C H, Kim B B, *et al.* Development of species AFLP-derived SCAR marker for authentication of *Panax japonicus* C. A. Meyer[J]. *Biol Pharm Bull*, 2008, 31(1): 135-138.
- [38] Dnyaneshwar W, Preeti C, Kalpana J, *et al.* Development and application of RAPD-SCAR marker for identification of *Phyllanthus emblica* Linn [J]. *Biol Pharm Bull*, 2006, 29(11): 2313-2316.
- [39] Lu C, Zhang W, Peng X, *et al.* Development of randomly amplified polymorphic DNA-sequence characterized amplified region marker for identification of *Apocynum venetum* Linn. from *A. pictum schrenk* [J]. *Bio Pharm Bull*, 2010, 33(3): 522-526.
- [40] Sze S C, Song J X, Wong R N, *et al.* Application of SCAR (sequence characterized amplified region) analysis to authenticate *Lycium barbarum* (wolfberry) and its adulterants [J]. *Biotechnol Appl Biochem*, 2008, 51 (1): 15-21.
- [41] 许美燕, 唐传红, 张劲松, 等. 利用 SRAP 和 ISSR 建立快速鉴定灵芝属菌株的 SCAR 标记[J]. 菌物学报, 2008, 27(5): 707-717.
Xu Meiyang, Tang Chuanhong, Zhang Jinsong, *et al.* *Mycosystema*, 2008, 27(5): 707-717.

(责任编辑 李慧政)

·学术动态·

“第十二届中国青年土壤科学工作者暨第七届中国青年植物营养与肥料科学工作者学术讨论会”征文



中国土壤学会将于 2010 年 10 月 23—26 日在武汉召开“第十二届中国青年土壤科学工作者暨第七届中国青年植物营养与肥料科学工作者学术讨论会”。

征文内容: 土壤地理、土壤物理、土壤化学、土壤肥力与生态、土壤生物与生化、土壤侵蚀与水土保持、土壤及环境污染与修复、土壤遥感与信息、植物营养机理与调控、植物营养遗传与分子生物学、作物养分综合管理和技术、施肥与生态、新型肥料与施肥新技术等领域的重要理论与实践研究进展、热点话题与创新性关键技术和方法等。

会议网站: http://www.csss.org.cn/news_detail.asp?id=621。

征文截止时间: 2010 年 9 月 1 日。

联系方式: 武汉市洪山区狮子山街 1 号华中农业大学资源与环境学院(430070), 徐芳森, 电话: 13429876055; 传真: 027-87288618; 电子信箱: klsre@mail.hzau.edu.cn。