



红掌转录组SSR位点表征及分子标记开发

钟琳珊, 姚凤琴, 张 博, 陈玮婷, 林辉锋, 林发壮*

(三明市农业科学研究院花卉研究所/福建省(山区)作物遗传改良与创新利用重点实验室, 福建三明 365051)

摘要:【目的】通过转录组测序挖掘红掌SSR位点, 开发多态性EST-SSR分子标记, 为红掌种质资源评价、遗传图谱构建及分子育种提供可靠的工具支撑。【方法】利用Illumina对5个不同花色的红掌品种佛焰苞进行转录组测序, 再采用MISA对SSR位点进行筛选, 并统计其类型、频率及分布特征。利用Primer 3.0设计EST-SSR引物, 随机选取120对引物, 经3个代表性品种初筛后, 对22个红掌品种进行PCR扩增, 并计算多态性信息含量(PIC)。最后, 基于NTSYSpc 2.10e的非加权组平均法(UPGMA)进行聚类分析, 验证EST-SSR标记的有效性。【结果】红掌转录组测序获得22381条Unigenes(总长34872210 bp), 从中检测出11324个SSR位点, 分布于7705条Unigenes中, 出现频率为50.60%, 平均分布距离为3.08 kb。SSR位点中优势重复基序为单核苷酸(24.55%)、二核苷酸(46.41%)和三核苷酸(27.69%), 核苷酸优势重复类型为A/T(21.59%)、AG/CT(37.73%)、AC/GT(6.30%)。SSR位点长度主要集中在12~20 bp, 重复次数以5~12次为主。对含有SSR位点的7705个Unigenes设计引物, 共获得7456对EST-SSR引物。随机筛选120对EST-SSR引物进行多态性检测, 其中107对成功扩增(成功率89.17%), 其中75对引物具有多态性, 进一步筛选条带清晰的20对引物, 并以22个红掌品种DNA为模板对其进行有效验证, 获得16对高多态性引物(PIC>0.5000), 这些引物对22个红掌品种表现出良好的区分能力, 可将红掌品种分为四大类群, 与传统形态学分类结果一致。【结论】红掌转录组SSR位点丰度和多态性均较高, 可作为高效分子标记开发来源。开发的EST-SSR分子标记具有多态性高、稳定性好等特点, 为红掌种质资源评价、遗传图谱构建和分子标记辅助育种提供了有效工具, 有助于后续红掌重要观赏性状的遗传解析和品种改良。

关键词: 红掌; 转录组; EST-SSR分子标记; 开发

中图分类号: S682.14

文献标志码: A

文章编号: 2095-1191(2026)06-1774-11

SSR loci characterization and molecular marker development based on *Anthurium andraeanum* L. transcriptomes

ZHONG Lin-shan, YAO Feng-qin, ZHANG Bo, CHEN Wei-ting,
LIN Hui-feng, LIN Fa-zhuang*

(Flower Research Institute, Sanming Academy of Agricultural Sciences/Fujian Key Laboratory of Crop Genetic Improvement and Innovative Utilization for Mountain Area, Sanming, Fujian 365051, China)

Abstract: 【Objective】This study aimed to discover SSR loci of *Anthurium andraeanum* L. through transcriptome sequencing and develop polymorphic EST-SSR molecular markers, providing reliable tools for evaluating germplasm resources, constructing genetic maps, and molecular breeding in *Anthurium andraeanum* L. 【Method】Transcriptome sequencing of spathe of *Anthurium andraeanum* L. cultivars of five colors using Illumina, and MISA was employed to screen SSR loci, analyze their types, frequency, and distribution characteristics. EST-SSR primers were designed using Primer 3.0. A total of 120 pairs of primers were randomly selected. After preliminary screening of three representative cultivars, PCR amplification was conducted for 22 *Anthurium andraeanum* L. cultivars, with calculation of polymorphism information content (PIC). Finally, the effectiveness of EST-SSR markers was validated by unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) using NTSYSpc 2.10e. 【Result】Transcriptome sequencing of *Anthurium andraeanum* L. generated 22381 unigenes, with the total length of 34872210 bp, from which 11324 SSR loci were

收稿日期: 2026-02-20

基金项目: 中央引导地方科技发展专项(2019L3025); 三明市科技计划项目(2022-N-10)

通信作者: 林发壮(1985-), <https://orcid.org/0009-0000-6088-1813>, 副研究员, 主要从事花卉遗传育种研究工作, E-mail: 380266141@qq.com

第一作者: 钟琳珊(1990-), <https://orcid.org/0009-0005-6920-1999>, 主要从事花卉遗传育种研究工作, E-mail: 452033761@qq.com

detected, distributed across 7705 unigenes, with an occurrence frequency of 50.60% and an average distribution distance of 3.08 kb. The predominant repeat motifs were mononucleotide (24.55%), dinucleotide (46.41%), and trinucleotide (27.69%), with the predominant nucleotide repeat type of A/T (21.59%), AG/CT (37.73%), and AC/GT (6.30%). SSR locus lengths were primarily between 12-20 bp, with repeat numbers predominantly ranging from 5 to 12. A total of 7705 primers containing SSR loci were designed for unigenes, 7456 pairs of EST-SSR primers were obtained. Polymorphic detection was performed for the 120 pairs of EST-SSR primers, in which 107 pairs successfully amplified (with the success rate of 89.17%), with 75 pairs of primers showing polymorphism. A total of 20 pairs of primers were further selected, and the DNA of 22 *Anthurium andraeanum* L. cultivars was taken as templates for validation, yielding 16 pairs of highly polymorphic primers ($PIC > 0.5000$). These primers demonstrated excellent discriminatory capability for the 22 *Anthurium andraeanum* L. cultivars that were classified into four groups, consistent with traditional morphological classification. 【Conclusion】SSR loci of *Anthurium andraeanum* L. transcriptomes exhibit high abundance and polymorphism, which can be used for efficient molecular marker development. The developed EST-SSR markers show characteristics such as high polymorphism and stability, providing effective tools for germplasm evaluation, genetic map construction, and breeding assisted by molecular markers, which can facilitate genetic elucidation and cultivar improvement of major ornamental traits of *Anthurium andraeanum* L.

Key words: *Anthurium andraeanum* L.; transcriptome; EST-SSR molecular marker; development

Foundation items: Special Fund Project of Central Government Guiding Local Science and Technology Development (2019L3025); Sanming Science and Technology Plan Project (2021-N-10)

0 引言

【研究意义】红掌(*Anthurium andraeanum* L.)为天南星科花烛属多年生常绿草本植物,别名火鹤、安祖花,原产中南美洲等热带地区,其花型独特(佛焰苞、肉穗花序)、花色丰富、叶形美观、花期长,是全球重要的高档热带盆花和切花,经济价值极高。目前,我国已成为全球红掌种植量和消费规模最大的市场(林发壮等,2020b)。然而,作为舶来品,红掌的优质种源长期被国外企业把控。近年来,国内陆续选育出一些新品种(姚凤琴等,2022;周辉明等,2022;陆锦萍等,2023;霍文雨等,2024),但栽培品种多为二倍体,种间高度杂合,导致杂交育种周期长、难度大、效率低。准确鉴定品种、解析亲缘关系并筛选遗传距离远的亲本材料,是提高杂交育种成功率、加速国产红掌品种选育进程的关键环节(吴立强等,2011)。分子标记技术为此提供了有力工具,其中SSR因其具有共显性遗传、多态性信息含量(PIC)高、重复性好、在基因组中分布广泛且均匀等优点,已成为植物遗传研究中应用最广泛的分子标记之一(Zhu et al., 2009)。然而,传统的SSR分子标记开发存在周期长、成本高、效率低等问题。随着高通量测序技术的发展,转录组数据的获取变得更加容易和高效,根据转录组测序数据,开发出基于表达序列标签(EST)的SSR新型分子标记(EST-SSR),不仅能避免基因组DNA中非编码区的干扰,还直接与功能基因相关联(王娟娟等,2016)。【前人研究进展】目前红掌分子标记的开发及应用研究已取得一定进展,已有较多研究者采用多种分子标记技术对红掌种质进行遗传多样性分析、亲缘关系鉴定及分子育种。早期

的研究主要基于传统分子标记技术(RAPD、SRAP等),如朱佳文(2005)采用RAPD分子标记对7个花色相近的红掌品种进行遗传多样性分析,结果表明红掌栽培品种具有丰富的遗传多样性,但品种间遗传关系较近;孟鹤(2011)从已公布引物中筛选出21对多态性高的SRAP引物用于红掌亲缘关系研究;王呈丹等(2013)利用SRAP引物对33个红掌品种进行分析,筛选出26对多态性引物,扩增出314条多态性条带,并发现有2个红掌品种(粉冠军和新粉冠军)的亲缘关系最近。随着分子标记技术的发展,ISSR分子标记因其更高的多态性和稳定性被广泛应用于红掌研究中。户帅雅等(2020)利用已公布的引物筛选出10条多态性ISSR引物,对56个红掌品种进行遗传多样性分析,结果发现红掌品种间遗传多样性较高,多态性比率达95.96%,且聚类结果与佛焰苞颜色存在显著相关性。随后,高通量测序技术的兴起推动了红掌分子标记研究进入新阶段,如Wang和Chuang(2013)基于NCBI数据库中已有的花烛属表达序列设计SSR引物,用于鉴定红掌变种;郁永明等(2015)基于红掌品种Alabama的转录组数据开发SSR分子标记,筛选出22对多态性好的EST-SSR引物;蒋锦雷(2016)基于香型红掌品种(Mys-tral)和无香型红掌品种(Alabama)转录组数据,开发筛选出14对多态性EST-SSR引物,为红掌花香性状的分子标记辅助选择提供了工具;陈艳梅(2018)利用简化基因组测序(SLAF-seq)技术对红掌 F_1 代群体进行测序,并开发SNP分子标记,筛选出42484个多态性SLAF标签用于遗传图谱构建。与其他分子标记相比,SSR分子标记在红掌研究中表现出优势:(1)SSR分子标记多态性高,能够有效区分亲缘关系

较近的品种(Zhang et al., 2014);(2)SSR分子标记稳定性好,试验结果重复性高(Varshney et al., 2005);(3)基于转录组开发的EST-SSR分子标记与功能基因直接相关,有助于重要性状基因的定位和克隆(Gupta et al., 2003)。然而,当前红掌SSR分子标记的开发仍面临一些挑战:现有SSR分子标记数量仍显不足,难以满足高密度遗传图谱构建的需求(于翠等,2012);不同研究者开发的SSR分子标记缺乏系统性和可比性(Wang and Chuang, 2013);大多数SSR分子标记未与重要观赏性状建立明确关联(蒋锦雷,2016)。**【本研究切入点】**近年来,随着测序技术的快速发展和成本降低,基于全基因组和转录组测序开发SSR分子标记已成为新趋势。虽然已开发出一定数量的红掌SSR分子标记,但已报道的SSR分子标记多基于单一品种转录组开发,通用性较差。针对红掌EST-SSR分子标记仍显不足的现状,亟需开发新型、丰富的EST-SSR分子标记。**【拟解决的关键问题】**通过对5个不同花色红掌品种的佛焰苞组织进行转录组测序,系统挖掘转录组序列中的SSR位点信息,并筛选出多态性EST-SSR引物,旨在开发出丰富、高效的红掌EST-SSR分子标记,为深入开展红掌种质资源遗传多样性分析、高精度遗传图谱构建及分子标记辅助育种工作提供关键的工具

支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为7个花色且包含原生种、观叶品种和观花品种等22份红掌种质(表1),用于EST-SSR引物验证及聚类分析。

1.2 数据来源

三明市农业科学院花卉所红掌课题组对不同佛焰苞颜色红掌品种的苞片进行Illumina高通量深度测序。从转录组测序数据中取5个红掌品种[阿拉巴马(红色)、粉阿拉巴马(粉色)、白马王子(白色)、明农红歌(橙色)、明农倾城(紫色)]盛花期的佛焰苞片。委托杭州联川生物技术股份有限公司进行转录组测序,并通过denovo方法拼装得到Unigenes,用作后续SSR位点筛选及引物设计的基础数据。

1.3 SSR位点筛选及引物设计

采用MISA程序查找SSR位点(<https://webblast.ipk-gatersleben.de/misa/>),参数设置标准:单核苷酸(Mononucleotide)、二核苷酸(Dinucleotide)、三核苷酸(Trinucleotide)、四核苷酸(Tetranucleotide)、五核苷酸(Pentanucleotide)和六核苷酸(Hexanucleotide)最少重复次数分别为10、6、5、5、5和5。采用Primer 3.0设计SSR引物,序列长度为8~30 bp,GC含量为

表1 红掌EST-SSR多态性分析品种材料

Table 1 Materials of *Anthurium andraeanum* L. cultivars for polymorphism analysis

编号 Code	名称 Name	来源 Source	佛焰苞花色 Spathe color
1	绿如意 Green Jade	三明市农业科学研究院	红色(47A)
2	红火鹤 Scherzeranum	昆明安祖园艺有限公司	红色(45A)
3	原种花烛 Wild Anthurium	市场收集	绿色(146B)
4	红布加迪 Bugatti Red	广东瑞恩科技有限公司	红色(46B)
5	梦幻 Princess Amalia Brilliant	昆明安祖园艺有限公司	复色(红—白—绿)
6	皇冠 Royal Champion	昆明安祖园艺有限公司	红色(N45C)
7	阿里克斯 Princess Alexia Red	广东瑞恩科技有限公司	红色(45B)
8	白王子 White King	昆明安祖园艺有限公司	白色(NN155B)
9	明农玄红 Mingnong Xuanhong	三明市农业科学研究院	红色(46A)
10	祥梦 Xiangmeng	广州花卉研究中心	红色(45B)
11	利维姆 Livium	昆明安祖园艺有限公司	复色(紫红—白)
12	奥运粉俏 Red Miracle	昆明安祖园艺有限公司	红色(53C)
13	宝贝橙 Baby Orange	昆明安祖园艺有限公司	橙色(44B)
14	明农秋月 Mingnong Qiuyue	三明市农业科学研究院	复色(红—绿)
15	红唇 Princess Alexia Elegance	昆明安祖园艺有限公司	复色(白—红)
16	樱桃红 Cherry Red	广州花卉研究中心	粉色(54B)
17	彩虹冠军 Rainbow Champion	广东瑞恩科技有限公司	复色(红—橙)
18	恋歌 Liange	三明市农业科学研究院	红色(N45C)
19	卡瓦丽 Cavalli	昆明安祖园艺有限公司	紫色(64B)
20	埃索多 Esudo	昆明安祖园艺有限公司	红色(52A)
21	明尼苏达 Minnesota	昆明安祖园艺有限公司	红色(44A)
22	福运 Fuyun	广州花卉研究中心	红色(45B)

花色采用英国皇家园艺学会比色卡(RHS Colour Chart, 2015年版)进行测定,括号内数字为RHS色卡编号

The color is determined using the Royal Horticultural Society (RHS) Color Chart (2015), with numbers in parentheses representing the RHS color chart codes

40%~60%，理论退火温度(T_m)为 55.0~65.0 ℃，预期产物长度为 100~300 bp。

1.4 EST-SSR 引物筛选及验证

从引物组中随机选取 120 对长度为 18~24 bp 且碱基重复次数 2~4 次的 SSR 引物，委托福州尚亚生物技术有限公司合成。以种源类型、株型、叶形和花色均存在明显差异的 3 个红掌品种原种花烛（原生种，大株型，阔卵圆形叶，绿色）、宝贝橙（商业杂交种，小株型，窄卵圆形叶，橙色）和卡瓦丽（商业杂交种，中等株型，中等卵圆形叶，紫色）为样品，对 SSR 引物进行筛选。将 22 个红掌品种（表 1）对筛选出的引物进行验证。22 个红掌品种佛焰苞苞片颜色采用英国皇家园艺学会标准比色卡(RHS)进行比对。红掌基因组 DNA 提取采用 OMEGA 植物基因组提取试剂盒（上海索宝生物科技有限公司，R6733），采用 1% 琼脂糖电泳检测和 BioDrop 超微量蛋白核酸分析仪检测 DNA 质量和浓度，然后用无菌 ddH₂O 将 DNA 样品浓度稀释至 20 ng/μL，于 -20 ℃ 保存备用。PCR 反应体系、扩增程序及电泳检测参照周辉明等（2024）的方法。

1.5 EST-SSR 引物聚类分析

首先，采用人工读带的方法，将 SSR 扩增条带进行二元化编码，即有条带记为 1，无条带记为 0，构建 0/1 矩阵。随后，根据 Anderson 等（1993）的方法计算引物的 PIC。最后，利用 NTSYSpc2.10e 进行遗传关系分析，计算出品种间的戴斯相似系数 (Dice similarity coefficient, DSC)，并通过 SAHN 程序的非加权组平均法 (UPGMA) 进行系统聚类，生成亲缘关系树状图。

2 结果与分析

2.1 红掌转录组中的 SSR 位点数量及分布特点

经转录组测序获得 22381 条 Unigenes，总长度为 34872210 bp。利用 MISA 软件对所有 Unigenes 进行 SSR 位点分析，结果发现有 7705 条 Unigenes 中共检

测出 11324 个 SSR 位点，SSR 发生频率为 34.43%，SSR 出现频率为 50.60%；其中有 5206 条 Unigenes 仅包含 1 个 SSR 位点，2499 条 Unigenes 含有 2 个及以上 SSR 位点，另外有 1434 条 Unigenes 含有复合型 SSR 位点（表 2）。

单核苷酸、二核苷酸和三核苷酸是红掌转录组中的主要重复基序，占 SSR 总数的 98.65%，其中以二核苷酸重复类型占比最高，为 46.41%，三核苷酸和单核苷酸重复类型次之，分别占 27.69% 和 24.55%。四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸重复类型 SSR 数量少，三者总和仅占 1.35%。从分布距离来看，不同重复类型核苷酸的分布距离各不相同，SSR 位点数目越多，分布距离越小，最大的平均分布距离为 1835.38 kb，最小的平均分布距离为 6.64 kb，平均分布距离为 3.08 kb（表 3）。分布距离的均值是用 Unigene 总长度（34872210 bp）除以 SSR 位点数（11324 个）计算得出。分布长度的均值是用各类型的数量作权重来计算，即各类型总长度之和（214030.66 bp）除以总位点数（11324 个）计算得出。

2.2 转录组 SSR 基序分布特征

由表 4 可知，从红掌转录组 SSR 基序类型看，11324 个 SSR 位点共包含 84 种重复基序类型，单核苷酸、二核苷酸、三核苷酸、四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸重复各有 2、4、10、21、13 和 34 种；从 SSR 重复

表 2 红掌转录组 SSR 位点信息
Table 2 Information of SSR loci of *Anthurium andraeanum* L. transcriptomes

类型 Type	数值 Value
Unigenes 总数 Total number of unigenes	22381
Unigenes 总长度 (bp) Total length of unigenes	34872210
SSR 位点数 Number of SSR locus	11324
包含 SSR 位点的 Unigenes 数 Number of unigene containing SSR locus	7705
包含 2 个以上 SSR 位点的 Unigenes 数 Number of unigene containing more than two SSR loci	2499
含有复合型 SSR 位点的 Unigenes 数 Number of unigene containing compound SSR locus	1434

表 3 红掌转录组中 SSR 类型、数量及分布频率
Table 3 Type, number, and distribution frequency of SSR of *Anthurium andraeanum* L. transcriptomes

重复类型 Repeat type	数目 Number	占比 (%) Proportion	分布频率 (%) Distribution frequency	分布距离 (kb) Distribution distance	分布长度 (bp) Distribution length
单核苷酸 Mononucleotide	2780	24.55	12.42	12.54	11.77
二核苷酸 Dinucleotide	5255	46.41	23.48	6.64	22.30
三核苷酸 Trinucleotide	3136	27.69	14.01	11.12	18.59
四核苷酸 Tetranucleotide	90	0.79	0.40	387.47	22.53
五核苷酸 Pentanucleotide	19	0.17	0.08	1835.38	31.54
六核苷酸 Hexanucleotide	44	0.39	0.20	792.55	72.69
总计 Total	11324	100.00	50.60	—	—
均值 Average	—	—	—	3.08	18.90

频率看,单核苷酸重复单元有2种类型,其中A/T类型的重复基序出现频率最多,有2445个(21.59%),C/G类型仅有335个(2.96%)。二核苷酸重复单元有4种类型,其中AG/CT类型出现频率最高,为37.73%(4273次),其次是AC/GT类型6.30%(713次)和AT/AT类型2.15%(244次),出现频率最低的类型为CG/CG,仅为0.22%(25次)。三核苷酸重复单元有10种类型,其中AGG/CCT类型出现频率最高,为6.91%(782次),其次是AAG/CTT类型4.87%(552次)、AGC/CTG类型4.84%(548次)和CCG/CGG类型4.19%(475次),其他类型较少。四核苷酸重复单元有

21种,AAAG/GTTT、AGCG/CGCT和AGAT/ATCT类型占主导地位,出现频率分别为0.12%(14次)、0.09%(10次)和0.08%(9次),其他类型均较少。五核苷酸重复单元有13种类型,其中AAAAC/GTTTT和AAAGAG/CTCTT类型出现频率最多,均为0.03%(各3次),其次是AAAAG/CTTTT和AGAGG/CCTCT类型,均为0.02%(各2次),其余类型均为1次。六核苷酸重复单元最多,有34种类型,其中ACGAGG/CCTCGT、ATCGCC/ATGGCG和AGGCGG/CCGCCT类型的出现频率最高,均为0.03%(各3次),其他类型均不超过2次。

表4 红掌转录组中SSR基序的分布

Table 4 Distribution of SSR motifs of *Anthurium andraeanum* L. transcriptomes

重复类型 Repeat type	基序 Motif	重复次数 Repeat number	出现频率(%) Occurrence frequency	重复类型 Repeat type	基序 Motif	重复次数 Repeat number	出现频率(%) Occurrence frequency
单核苷酸 Mononucleotide	A/T	2445	21.59		AATCC/ATTGG	1	0.01
	C/G	335	2.96		ACGAG/CGTCT	1	0.01
二核苷酸 Dinucleotide	AC/GT	713	6.30		AGAGC/CTCTG	1	0.01
	AG/CT	4273	37.73		AGAGG/CCTCT	2	0.02
	AT/AT	244	2.15		AGATC/ATCTG	1	0.01
	CG/CG	25	0.22		AGCTC/AGCTG	1	0.01
三核苷酸 Trinucleotide	AAC/GTT	74	0.65		AGGCG/CCTCG	1	0.01
	AAG/CTT	552	4.87		AGGGG/CCCCT	1	0.01
	AAT/ATT	60	0.53	六核苷酸 Hexamer	AAAAAC/GTTTTT	1	0.01
	ACC/GGT	283	2.50		AAAGGC/CCTTTG	1	0.01
	ACG/CGT	164	1.45		AACAGC/CTGTTG	1	0.01
	ACT/AGT	27	0.24		AACCAG/CTGGTT	1	0.01
	AGC/CTG	548	4.84		AACGAG/CGTTCT	1	0.01
	AGG/CCT	782	6.91		AAGAGG/CCTCTT	1	0.01
	ATC/ATG	171	1.51		AAGCCG/CGGCTT	1	0.01
	CCG/CGG	475	4.19		AAGCGG/CCGCTT	2	0.02
四核苷酸 Tetranucleotide	AAAC/GTTT	2	0.02		AAGCTG/AGCTTC	1	0.01
	AAAG/CTTT	14	0.12		AAGGAG/CCTTCT	2	0.02
	AAAT/ATTT	2	0.02		AAGGGC/CCCTTG	1	0.01
	AACC/GGTT	1	0.01		ACACCC/GGGTGT	1	0.01
	AAGC/CTTG	2	0.02		ACCAGT/ACTGGT	1	0.01
	AAGG/CCTT	5	0.04		ACCATC/ATGGTG	1	0.01
	AATC/ATTG	2	0.02		ACCCCC/GGGGGT	1	0.01
	ACAG/CTGT	5	0.04		ACCGCC/CGGTGG	1	0.01
	ACAT/ATGT	6	0.05		ACCTGG/AGGTCC	1	0.01
	ACCC/GGGT	2	0.02		ACGAGG/CCTCGT	3	0.03
	ACGC/CGTG	5	0.04		ACGCAG/CGTCTG	1	0.01
	ACGG/CCGT	2	0.02		ACGGCG/CCGTCG	1	0.01
	ACGT/ACGT	1	0.01		ACGGGG/CCCCGT	1	0.01
	ACTC/AGTG	5	0.04		AGAGCG/CGCTCT	1	0.01
	AGAT/ATCT	9	0.08		AGAGGC/CCTCTG	1	0.01
	AGCG/CGCT	10	0.09		AGCCCC/CTGGGG	2	0.02
	AGGC/CTTG	2	0.02		AGCGGC/CCGCTG	1	0.01
	AGGG/CCCT	7	0.06		AGCGGG/CCCGCT	1	0.01
	ATCC/ATGG	6	0.05		AGGCGG/CCGCCT	3	0.03
	ATCG/ATCG	1	0.01		AGGGCG/CCCTCG	1	0.01
	ATGC/ATGC	1	0.01		AGGGGC/CCCCTG	1	0.01
五核苷酸 Pentanucleotide	AAAAC/GTTTT	3	0.03		ATCCCG/ATCGGG	1	0.01
	AAAAG/CTTTT	2	0.02		ATCGCC/ATGGCG	3	0.03
	AAAGG/CCTTT	1	0.01		ATCGGC/ATGCCG	1	0.01
	AAGAG/CTCTT	3	0.03		CCCCCG/CGGGGG	2	0.02
	AAGGG/CCCTT	1	0.01		CCCGGG/CCCGGG	1	0.01

2.3 红掌转录组中 SSR 重复次数和基序长度

SSR 长度的变异源于重复单元次数的差异。本研究发现,红掌转录组 SSR 的重复类型较为丰富,涵盖了单核苷酸~六核苷酸的所有类型。SSR 位点的基序重复次数分布在 5~70 次,主要集中在 5~12 次。单核苷酸、二核苷酸和三核苷酸分别重复 10~70 次、6~42 次和 10~23 次,其余核苷酸重复为 5~18 次。比较不同重复次数的 SSR 数量,其中重复 10 次数量的 SSR 数量最多,为 1722 个(15.21%);其次重复 6 次的 SSR 数量为 1701 个(15.02%)、重复 5 次的 SSR 数量为 1577 个(13.93%)、重复 7 次的 SSR 数量为 1170 个(10.33%)、重复 11 次的 SSR 数量为 990 个(8.74%)、重复 8 次的 SSR 数量为 958 个(8.46%)、重复 12 次的 SSR 数量为 676 个(5.97%)、重复 9 次的 SSR 数量为 619 个(5.47%),重复 13 次以上的 SSR 数量很少,表现为随着重复次数的增加,SSR 数量逐渐减少(表 5)。

SSR 长度变化是其多态性变化的重要因素,红掌转录组重复序列长度为 10~385 bp,平均长度为 24.99 bp。长度小于 12 bp 的 SSR 占比为 16.11% (1593 个),长度为 12~20 bp 的 SSR 占比最高,为 48.12% (4759 个),长度为 21~30 bp 的 SSR 占比为 16.91% (1672 个),长度为 31~40 bp 的 SSR 占比为 6.71% (664 个),长度为 40 bp 以上的 SSR 占比较少,为 12.10% (1197 个)(图 1)。

2.4 红掌 EST-SSR 引物开发及验证

对含有 SSR 位点的 7705 个 Unigenes 进行引物设计,成功设计出 7456 对 EST-SSR 引物。为进一步验证红掌 EST-SSR 引物的可用性和有效性,从中随机选出长度为 18~24 bp 且碱基重复次数 2~4 的 EST-SSR 引物 120 对,以种源类型、株型、叶形和花色均存在明显差异的 3 个红掌品种(原种花烛、宝贝橙和

卡瓦丽)的 DNA 为模板进行 PCR 扩增验证,结果(图 2)显示,有 107 对引物能扩增出条带,扩增成功率为 89.17%,其中 75 对引物能在 3 个红掌品种中表现出多态性,多态性比率为 62.5%,从中筛选出 20 对条带清晰的 EST-SSR 引物。

利用 22 个红掌品种对 20 对 EST-SSR 引物进行有效性验证,结果(表 6)显示,PIC 为 0.2500~0.8347,平均为 0.6830。其中,16 对引物具有高度多态性(PIC>0.5000),4 对具有中度多态性(0.2500≤PIC≤0.5000)。利用 16 对高多态性 SSR 引物对 22 个红掌品种进行聚类分析,结果(图 3)显示,在 DSC 为 0.38 处,供试种质聚类为四大类群,I 类群为观叶品种绿如意;II 类群为商品化观花红掌品种;III 类群为原生花烛品种红火鹤;IV 类群为原生花烛品种原种花烛,其中,III、IV 类群原生花烛种质独立成簇,与栽培品种遗传差异较大;观叶品种绿如意(I 类)与其余观花品种(II 类)明显分离。在 II 类群内,当 DSC 为 0.69 时,复色品种梦幻、明农秋月、红唇、彩虹冠军进一步聚类为同一亚群,表明这 4 个复色品种间具有较高的遗传相似性。16 对 EST-SSR 引物对红掌种质的聚类分析结果与传统形态学分类一致,证实该引物组合适用于红掌种质的亲缘关系推断。此结果亦支持了基于转录组数据开发 SSR 分子标记技术路径在红掌种质中的可行性。

3 讨论

由于红掌尚无参考基因组且属非模式物种,利用其转录组数据开发 SSR 分子标记是实现高效标记开发的首选途径(Unamba et al., 2015)。本研究对 5 个不同花色红掌品种佛焰苞进行转录组分析,获得 22381 条 Unigenes(总长 34872210 bp),SSR 位点检测结果显示,34.43% 的 Unigenes(7705 条)含有

表 5 红掌转录组中 SSR 基序的重复次数分布

Table 5 Distribution of repeat number of SSR motifs of *Anthurium andraeanum* L. transcriptomes

重复类型	重复次数 Repeat number																					总计
Repeat type	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	>25	Total
单核苷酸						1287	551	286	170	135	104	73	43	31	24	21	9	10	9	1	26	2780
Mononucleotide																						
二核苷酸		947	730	675	550	368	393	382	115	126	114	132	124	97	89	71	67	49	44	31	151	5255
Dinucleotide																						
三核苷酸	1483	724	427	278	67	63	44	8	12	7	5	3	4	2	3	0	1	2	3			3136
Trinucleotide																						
四核苷酸	57	18	7	2	1	3			1					1								90
Tetranucleotide																						
五核苷酸	12	2	2	1		1			1													19
Pentanucleotide																						
六核苷酸	25	10	4	2	1		2															44
Hexanucleotide																						
总计 Total	1577	1701	1170	958	619	1722	990	676	297	270	223	208	171	131	116	92	77	61	56	32	177	11324
占比(%) Proportion	13.93	15.02	10.33	8.46	5.47	15.21	8.74	5.97	2.62	2.38	1.97	1.84	1.51	1.16	1.02	0.81	0.68	0.54	0.49	0.28	1.56	

SSR位点,共发现11324个SSR位点。SSR的出现频率为50.60%(平均每1.98 kb Unigenes序列含1个SSR),整体分布密度约为每3.08 kb含1个SSR,表明转录组序列中存在丰富的SSR多态性位点,其出现频率高于前人基于红掌转录组序列的SSR分析结果:郁永明等(2015)发现品种Alabama的SSR出现频率为12.17%;蒋锦雷(2016)发现品种Mystral和Alabama的SSR出现频率为13.33%;林发壮等(2020b)发现品种Alabama的SSR出现频率为18.13%。不同研究间SSR出现频率的差异可能与测序技术、转录组数据来源品种差异和SSR筛选标准有关(Bliss and Suzuki, 2012)。与其他植物相比,本研究红掌SSR的出现频率(50.60%)高于三角梅(44.91%)(赵彤等, 2019)、牡丹(25.52%)(贺丹等, 2019)、菊花(45.71%)(丁红旭, 2020)、兰属植物(20.84%)(孙叶等, 2020)、非洲菊(24.65%)(林发壮等, 2020a)、石蒜(14.74%)(李青竹等, 2021)、野鸦椿(28.20%)(钟琳珊等, 2022)、南酸枣(13.02%)(徐梦阳等, 2025),但低于桐花树(68.55%)(赵宇航, 2019)、美国红枫(55.75%)(郭聪, 2021)等植物。整体来看,红掌转录组SSR出现频率处于较高水平。

红掌转录组中SSR重复基元较为丰富,单核苷酸~六核苷酸重复基元均有出现,优势重复基元为二

核苷酸重复类型,占SSR总数的46.41%,其次为三核苷酸重复类型(27.69%)和单核苷酸重复类型(24.55%),三者共占SSR总数的98.65%;四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸重复类型数量最少,分别占0.79%、0.17%和0.39%,与锥栗(顾光仕等, 2020)、芹菜(陈昌龙等, 2020)、枇杷(蒋爽等, 2021)、美国红枫(郭聪, 2021)、灰毡毛忍冬(刘思思等, 2021)等大多植物由二核苷酸重复类型占主导地位的研究结果一致。而已有研究报道表明,也有部分植物SSR的主要类型是单核苷酸重复类型,例如柿(杜改改等, 2017)、黄麻(陶爱芬等, 2019)、三角梅(赵彤等, 2019)、非洲菊(林发壮等, 2020a)和黑枸杞(黄兴发

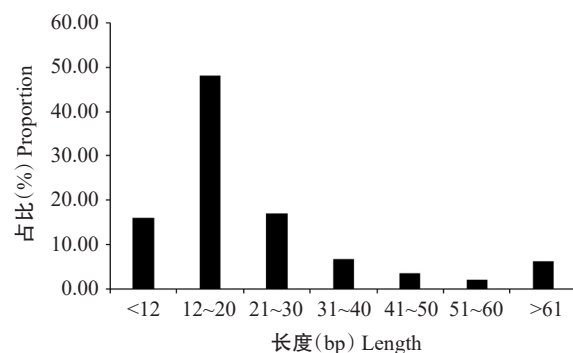


图1 红掌转录组中SSR长度分布
Fig. 1 Distribution of SSR length of *Anthurium andraeanum* L. transcriptomes

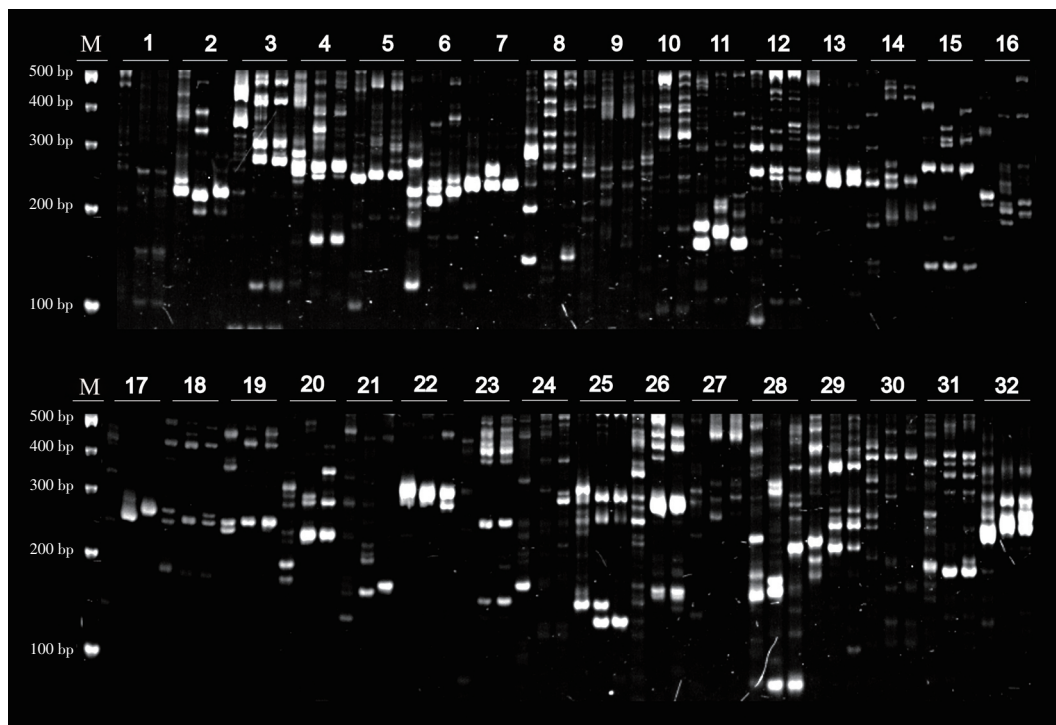


图2 部分EST-SSR引物扩增产物电泳初筛
Fig. 2 Preliminary screening of amplification of partial EST-SSR primers
M:DL500 DNA Marker; 1~32: EST-SSR引物扩增产物
M: DL500 DNA Marker; 1-32: Amplification product of EST-SSR primer

表6 20对多态性引物序列信息
Table 6 Sequence information of 20 pairs of polymorphic primers

序号 Number	引物 Primer	上游引物 Forward primer	下游引物 Reverse primer	重复单元 Repeat unit	序列长度(bp) Sequence length	PIC
1	DN42243	5'-TTTCCCCTCCCCACTAGACT-3'	5'-TAGGTGAGGCGCTTCAGAGT-3'	(GA) ₉	267	0.7769
2	DN28298	5'-GTGGAACCTTCTGTCTCCCA-3'	5'-TACAGATGATGGGGCTCTCC-3'	(GA) ₁₀	276	0.8347
3	DN29231	5'-AATCAAGTGAATTGGGGCTG-3'	5'-TAGCAACAGCAACAGCAACC-3'	(GCT) ₈	240	0.7066
4	DN27745	5'-TGCAGCCTCCTAGTTCCATT-3'	5'-CGGCGTAGGAAGAAACAGAG-3'	(TGC) ₈	155	0.7562
5	DN32824	5'-ACTCTCCTCATCCACCCAGA-3'	5'-TGTTCTTGTTCTTCTCTCGGG-3'	(GCA) ₇	210	0.7479
6	DN32184	5'-TAAACGTCTCCGAACCCAAC-3'	5'-GTGGGAACAGGAGAGACCAG-3'	(CTG) ₇	140	0.6736
7	DN30311	5'-AGAAGAGGAAGCTTGGCCTC-3'	5'-GGTCCTTGGAGTAGGGTTCC-3'	(AGC) ₇	237	0.7107
8	DN27343	5'-CCTGATCCTGCACAGTGAGA-3'	5'-GACGTGGAGGACGAGCAG-3'	(GCA) ₇	126	0.4901
9	DN46449	5'-AGGGGTGGAATCGGTACTTC-3'	5'-AGAACAGTGGTAAGAGCGGC-3'	(CTTG) ₅	223	0.8058
10	DN37454	5'-CGGACAGGAAGGAATTCAAA-3'	5'-CCTCAATGCTCCCTCCTT-3'	(AGAC) ₅	142	0.7479
11	DN31729	5'-CAACTCTCTCAACACCTGCG-3'	5'-AGGTGCAGAGACATCTTGGG-3'	(CTCG) ₅	128	0.7521
12	DN33647	5'-CTTCAGCAGTACGGCTCCTC-3'	5'-CAAAAAGAAGAACCAACGCC-3'	(CAG) ₆	271	0.2500
13	DN30796	5'-CGCATCCAAATGGTATCCTC-3'	5'-TGGAAGTGATCCTGTTGACG-3'	(TCC) ₆	216	0.7975
14	DN30250	5'-CGCCAATTCCAGATCTCATT-3'	5'-GTACCTCAGGCTCATGCCTC-3'	(TCT) ₆	153	0.7397
15	DN30074	5'-GGAGAGGTGGTAGGATGGGT-3'	5'-CACAGTTGTAACACGTCCCG-3'	(GGC) ₆	228	0.8264
16	DN16689	5'-TGGAACCGGAGGAAGATGTA-3'	5'-CAACAACATTGAGACGGTCCG-3'	(TGC) ₆	195	0.7355
17	DN30654	5'-AGCTGGGTTTGTGTTCCCTTT-3'	5'-TAGTAATCGACAGGACGGGG-3'	(GAG) ₈	181	0.4298
18	DN30797	5'-TCATCTCCAGATCTCCAC-3'	5'-TCGAGGATGGAGATGACCTT-3'	(CAG) ₆	169	0.7107
19	DN31075	5'-TTCACCATCTACGCATCCA-3'	5'-GATCTCGGAGGAAGGAGAGG-3'	(CCA) ₃ CT(ACC) ₄	259	0.3182
20	DN36693	5'-ACGACAAGTGTCTACCCG-3'	5'-CCGTCTCGTGTGGTTTAT-3'	(GGAT) ₅	130	0.6570

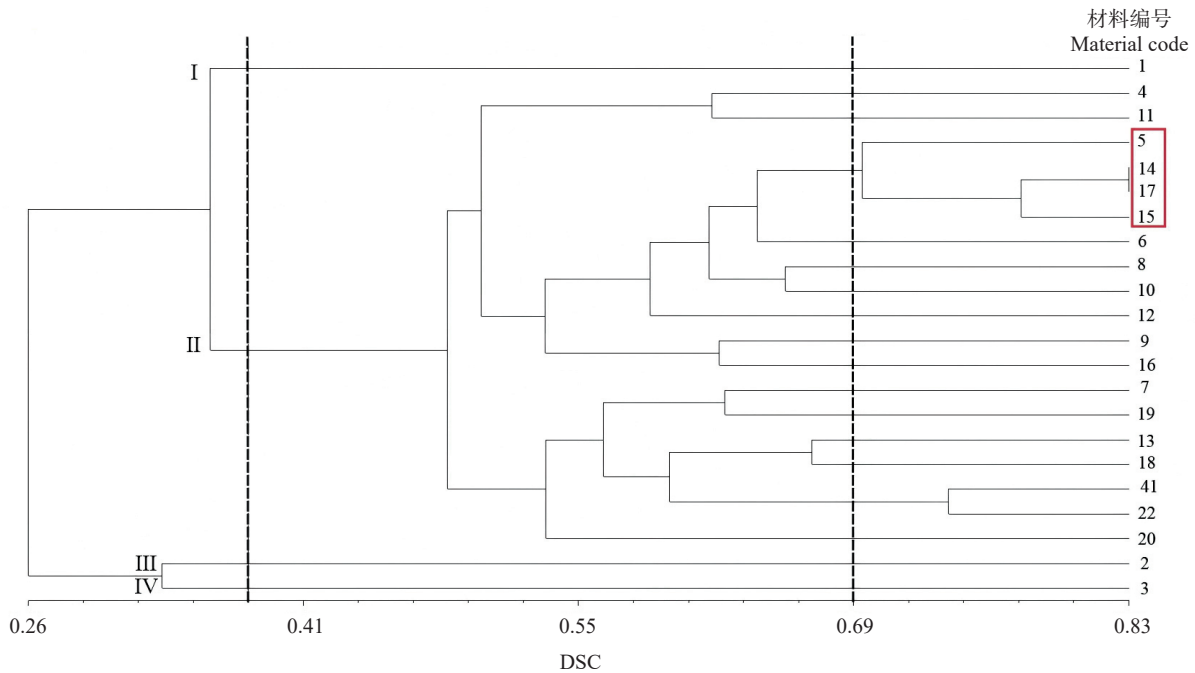


图3 22个红掌品种的聚类分析
Fig. 3 Cluster analysis of 22 *Anthurium andraeanum* L. cultivars
图中材料编号与表1中的品种名对应
Material codes in the figure corresponded to the cultivar names in Table 1

等,2021),也有少数植物是六核苷酸重复类型(李炎林等,2014)、三核苷酸重复类型(李青竹等,2021)。另外,作为双子叶植物的红掌 SSR 中二核苷酸重复单元出现频率最高的类型为 AG/CT(37.73%),其次是单核苷酸重复单元类型 A/T(21.59%),以这 2 个优势重复类型为主的双子叶植物还有李府贡枣(周军永,2019)、三角梅(赵彤等,2019)、锥栗(顾光仕等,2020)、非洲菊(林发壮等,2020a)、南方红豆杉(蒋路园等,2024)等。本研究中红掌转录组的核苷酸重复类型及其优势重复单元与其他红掌转录组研究相似,红掌以单核苷酸、二核苷酸和三核苷酸 SSR 基序为高频重复单元,而四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸 SSR 基序占少数的分布可能是自身物种特异性差异及自然选择的结果。

研究发现,SSR位点的重复次数(≥ 12 次)与序列长度(≥ 20 bp)共同构成多态性阈值(Thao et al., 2013),而短重复基序(如单核苷酸、双核苷酸)因选择压力较低,变异速率显著高于长基序,进而产生更高多态性(Zhang et al., 2005; 张婷婷等, 2023)。红掌转录组SSR位点长度大于20 bp有3533个(35.72%),重复次数12次以上的SSR位点有2587个(22.85%),其中大多数位点属于二核苷酸重复,表明这些SSR位点理论上具有高多态性。为验证上述SSR位点的实际应用价值,本研究随机选取120对EST-SSR引物进行扩增验证,结果显示扩增成功率为89.17%,多态性比率达62.5%,证实基于红掌转录组开发的SSR引物具有较好的扩增效率和多态性。进一步以条带清晰的20对引物对22个红掌品种进行聚类分析,筛选出16对高度多态性引物(PIC >0.5000),其聚类结果(图3)与供试材料的形态学分类高度吻合:22个品种在DSC为0.38处被划分为四大类群,其中两类原生花烛种质(红火鹤和原种花烛)始终独立于所有栽培品种之外,提示野生种质与商品化品种之间存在较大的遗传分化,可能与长期人工选育对栽培品种遗传背景的定向塑造有关;观叶品种绿如意与观花品种的明显分离,则从分子层面印证了以叶型和花型为目标的选育策略对品种遗传结构的深远影响。值得关注的是,在观花品种中,4个复色品种(梦幻、明农秋月、红唇、彩虹冠军)在DSC为0.69处聚为同一亚群,表明这些品种间存在较近的亲缘关系,推测这些品种共享部分育种亲本或花色调控相关的遗传背景。这一亚群聚类信息可为后续复色花色的遗传解析及定向杂交组合的亲本选配提供分子依据。需要指出的是,本研究样本量较少,后续需扩大种群规模验证标记普适性;SSR标记尚未与具体性状(如花香、抗病性)建立连锁关系。后续将整合更多种质资源完善EST-SSR分子标记体系,构建高密度遗传图谱定位重要农艺性状QTL,再结合功能基因组学挖掘调控花色、花香的关键基因,有效推动红掌分子育种从分子标记开发向功能基因挖掘的跨越,加速红掌新品种选育进程。

4 结论

红掌转录组SSR位点丰度和多态性均较高,可作为高效分子标记开发来源。开发的EST-SSR标记具有多态性高、稳定性好等特点,为红掌种质资源评价、遗传图谱构建和分子标记辅助育种提供了有效工具,有助于后续红掌重要观赏性状的遗传解析和品种改良。

参考文献(References):

- 陈昌龙,董岩,田宇,石妙涵,葛秀秀,谢华. 2020. 芹菜转录组数据SSR标记的开发及其遗传多样性分析[J]. 农业生物技术学报, 28(4): 616-628. [Chen C L, Dong Y, Tian Y, Shi M H, Ge X X, Xie H. 2020. Transcriptomic SSR marker development and genetic diversity analysis in celery (*Apium graveolens*) [J]. Journal of Agricultural Biotechnology, 28(4): 616-628.] doi: 10.3969/j.issn.1674-7968.2020.04.005
- 陈艳梅. 2018. 红掌高密度SNP遗传连锁图谱构建及疫病抗性佛焰苞花色性状QTL定位[D]. 海口: 海南大学. [Chen Y M. 2018. High SNP density genetic map construction and QTLs mapping for identification for blight resistant and spathe colour in *Anthurium* [D]. Haikou: Hainan University.]
- 丁红旭. 2020. 基于全长转录组序列的菊花SSR标记开发与应用[D]. 郑州: 河南大学. [Ding H X. 2020. Development and application of SSR markers in chrysanthemum based on full-length transcriptome sequence [D]. Zhengzhou: Henan University.] doi: 10.27114/d.cnki.ghnau.2020.002004.
- 杜改改,孙鹏,索玉静,韩卫娟,刁松峰,傅建敏,李芳东. 2017. 基于柿雌雄花芽转录组测序的SSR和SNP多态性分析[J]. 中国农业大学学报, 22(10): 45-55. [Du G G, Sun P, Suo Y J, Han W J, Diao S F, Fu J M, Li F D. 2017. SSR and SNP polymorphism analysis based on persimmon (*Diospyros kaki*) transcriptome [J]. Journal of China Agricultural University, 22(10): 45-55.] doi: 10.11841/j.issn.1007-4333.2017.10.05
- 顾光仕,李颖林,刘丹,陈辉,郑国华,李煜. 2020. 锥栗基因组SSR开发及农家品种的遗传多样性分析[J]. 森林与环境学报, 40(1): 54-61. [Gu G S, Li Y L, Liu D, Chen H, Zheng G H, Li Y. 2020. Development of genome SSR and analysis of genetic diversity in *Castanea henryi* [J]. Journal of Forest and Environment, 40(1): 54-61.] doi: 10.13324/j.cnki.jfcf.2020.01.008.
- 郭聪,陈燕,王莹,谈峰,柯裴蓓,沙文锋,李玉娟. 2021. 美国红枫转录组SSR序列分析[J]. 中南林业科技大学学报, 41(7): 132-141. [Guo C, Chen Y, Wang Y, Tan F, Ke P B, Sha W F, Li Y J. 2021. Sequence analysis of SSR in transcriptome of American red maple [J]. Journal of Central South University of Forestry & Technology, 41(7): 132-141.] doi: 10.14067/j.cnki.1673-923x.2021.07.016.
- 贺丹,吴芳芳,张俊蕊,谢栋博,李小康,刘艺平,栗燕,何松林. 2019. 牡丹转录组SSR信息分析及其分子标记开发[J]. 江苏农业学报, 35(6): 1428-1433. [He D, Wu F F, Zhang J R, Xie D B, Li X K, Liu Y P, Su Y, He S L. 2019. Analysis of SSR information in transcriptome and development of molecular markers in *Paeonia suffruticosa* [J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 35(6): 1428-1433.] doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2019.06.023.
- 卢帅雅,李斌奇,陈孝丑,巫伟峰,张毅智,陈春,陈发兴. 2020. 红掌遗传多样性及亲缘关系的ISSR分析[J]. 福建农业学报, 35(1): 20-27. [Hu S Y, Li B Q, Chen X C, Wu W F, Zhang Y Z, Chen C, Chen F X. 2020. ISSR analysis on genetic diversity and relationships among *Anthurium andraeanum* [J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 35(1): 20-27.] doi: 10.19303/j.issn.1008-0384.2020.01.004.
- 黄兴发,尹跃,赵建华,姚佳依,秦小雅,汪淑芬,曹有龙,战祥强. 2021. 黑果枸杞基因组SSR标记开发及遗传多样性分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 49(1): 126-135. [Huang X F, Yin Y, Zhao J H, Yao J Y, Qin X Y,

- Wang S F, Cao Y L, Zhan X Q. 2021. Development of genomic SSR markers and genetic diversity analysis of *Lycium ruthenicum* Murr. [J]. Journal of Northwest A&F University (Natural Science Edition), 49 (1): 126-135. doi:10.13207/j.cnki.jnwf.2021.01.015.
- 霍文雨, 王晖, 李雁瓷, 沈强, 肖博, 张晓雪, 张宏伟. 2024. 红掌新品种‘粉誉’和‘红誉’[J]. 园艺学报, 51 (S2): 141-142. [Huo W Y, Wang H, Li Y C, Shen Q, Xiao B, Zhang X X, Zhang H W. 2024. New *Anthurium andraeanum* cultivars ‘Fenyu’ and ‘Hongyu’ [J]. Acta Horticulturae Sinica, 51 (S2): 141-142.] doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2024-0347.
- 蒋锦雷. 2016. 红掌分子图谱构建及与花色连锁分子标记筛选[D]. 广州: 华南农业大学. [Jiang J L. 2016. Development of genetic linkage map and screening of molecular markers linked with flower color in *Anthurium andraeanum* [D]. Guangzhou: South China Agricultural University.]
- 蒋路园, 吴文丽, 张恺恺, 张林凤, 邵芬娟, 陈段芬, 邱德有, 杨艳芳. 2024. 南方红豆杉转录组SSR位点分析及其分子标记开发[J]. 中草药, 55 (3): 928-936. [Jiang L Y, Wu W L, Zhang K K, Zhang L F, Shao F J, Chen D F, Qiu D Y, Yang Y F. 2024. Transcriptome sequencing and development of SSR molecular markers of *Taxus chinensis* var. *mairei* [J]. Chinese Traditional and Herbal Drugs, 55 (3): 928-936.] doi: 10.7501/j.issn.0253-2670.2024.03.023.
- 蒋爽, 张学英, 安海山, 徐芳杰, 章加应. 2021. 枇杷全基因组SSR标记开发及其多态性研究[J]. 园艺学报, 48 (5): 1013-1022. [Jiang S, Zhang X Y, An H S, Xu F J, Zhang J Y. 2021. Development and analysis of polymorphism of SSR markers in the whole genome of loquat [J]. Acta Horticulturae Sinica, 48 (5): 1013-1022.] doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2020-0497.
- 李青竹, 蔡友铭, 张永春, 许俊旭, 杨柳燕, 孙翊. 2021. 基于石蒜属转录组序列的SSR分子标记开发应用[J]. 核农学报, 35 (9): 2002-2015. [Li Q Z, Cai Y M, Zhang Y C, Xu J X, Yang L Y, Sun Y. 2021. Development and application of SSR molecular markers based on transcriptome sequencing of *Lycoris* spp. [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 35 (9): 2002-2015.] doi: 10.11869/j.issn.100-8551.2021.09.2002.
- 李炎林, 杨星星, 张家银, 黄三文, 熊兴耀. 2014. 南方红豆杉转录组SSR挖掘及分子标记的研究[J]. 园艺学报, 41 (4): 735-745. [Li Y L, Yang X X, Zhang J Y, Huang S W, Xiong X Y. 2014. Studies on SSR molecular markers based on transcriptome of *Taxus chinensis* var. *mairei* [J]. Acta Horticulturae Sinica, 41 (4): 735-745.] doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2014.04.028.
- 林发壮, 李锦烨, 安慧珍, 黄琦, 姚凤琴, 钟琳珊, 陈昌铭, 郭芸玮. 2020a. 基于非洲菊转录组测序的SSR位点信息分析[J]. 福建农业科技, (11): 1-6. [Lin F Z, Li J Y, An H Z, Huang Q, Yao F Q, Zhong L S, Chen C M, Guo Y W. 2020a. Analysis on SSR loci information in transcriptome sequence of *Gerbera jamesonii* L. [J]. Fujian Agricultural Science and Technology, (11): 1-6.] doi: 10.13651/j.cnki.fjnykj.2020.11.001.
- 林发壮, 姚凤琴, 安慧珍, 陈昌铭, 郭芸玮, 林辉锋, 夏朝水, 钟琳珊. 2020b. 红掌佛焰苞转录组测序数据组装及基因功能注释[J]. 分子植物育种, 18 (19): 6256-6265. [Lin F Z, Yao F Q, An H Z, Chen C M, Guo Y W, Lin H F, Xia C S, Zhong L S. 2020b. Transcriptome data assembly and gene function annotation of spathe from *Anthurium andraeanum* L. [J]. Molecular Plant Breeding, 18 (19): 6256-6265.] doi: 10.13271/j.mpb.018.006256.
- 刘思思, 乔中全, 曾慧杰, 李永欣, 蔡能, 刘新民, 王小明. 2021. 灰毡毛忍冬转录组SSR位点分析及EST-SSR标记开发[J]. 分子植物育种, 19 (9): 3015-3021. [Liu S S, Qiao Z Q, Zeng H J, Li Y X, Cai N, Liu X M, Wang X M. 2021. Analysis on SSR loci in transcriptome and development of EST-SSR molecular markers in *Lonicera macranthoides* [J]. Molecular Plant Breeding, 19 (9): 3015-3021.] doi: 10.13271/j.mpb.019.003015.
- 陆锦萍, 冷青云, 黄少华, 徐世松, 李海燕, 尹俊梅, 牛俊海. 2023. 红掌新品种‘曙光’[J]. 园艺学报, 50 (S2): 119-120. [Lu J P, Leng Q Y, Huang S H, Xu S S, Li H Y, Yi J M, Niu J H. 2023. New *Anthurium andraeanum* cultivars ‘Shuguang’ [J]. Acta Horticulturae Sinica, 50 (S2): 119-120.] doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2023-0278.
- 孟鹤. 2011. 花烛属亲缘关系分析与细菌性枯萎病的检测[D]. 北京: 中国农业科学院. [Meng H. 2011. Analysis of genetic relationship in *Anthurium* and detection of *Anthurium* bacterial blight [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Science.]
- 孙叶, 刘红, 马辉, 单东方, 曹宏, 包建忠, 陈秀兰, 赵国琦. 2020. 兰属植物EST-SSR标记开发及应用[J]. 江苏农业学报, 36 (3): 681-688. [Sun Y, Liu H, Ma H, Shan D F, Cao H, Bao J Z, Chen X L, Zhao G Q. 2020. Development and application of EST-SSR marker in *Cymbidium* [J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 36 (3): 681-688.] doi: 10.3969/j.issn.100-4440.2020.03.021.
- 陶爱芬, 陈婉婷, 祁建民, 徐建堂, 林荔辉, 林培清, 张立武, 方平平. 2018. 基于转录组测序的黄麻SSR分子标记开发与初步验证[J]. 中国农业大学学报, 23 (6): 24-33. [Tao A F, Chen W T, Qi J M, Xu J T, Lin L H, Lin P Q, Zhang L W, Fang P P. 2018. Development and identification of SSR molecular markers based on transcriptome sequences of jute (*Corchorus capsularis* L.) [J]. Journal of China Agricultural University, 23 (6): 24-33.] doi: 10.11841/j.issn.1007-4333.2018.06.03.
- 王呈丹, 牛俊海, 张志群, 潘宏兵, 任羽. 2013. 红掌品种亲缘关系SRAP分析[J]. 植物遗传资源学报, 14 (4): 759-763. [Wang C D, Niu J H, Zhang Z Q, Pan H B, Ren Y. 2013. Analysis of genetic relationships of *Anthurium andraeanum* varieties using SRAP markers [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 14 (4): 759-763.] doi: 10.13430/j.cnki.jpgr.2013.04.030.
- 王娟娟, 赵明, 韩雨威, 吴蒙蒙, 刘瑞振, 沈超, 祁哲晨. 2016. 微卫星DNA标记开发技术进展及其在经济植物研究中的应用[J]. 生命科学研究, 20 (3): 260-266. [Wang J J, Zhao M, Han Y W, Wu M M, Liu R Z, Shen C, Qi Z C. 2016. Advances in development of microsatellite DNA markers and their applications in economic plant research [J]. Life Science Research, 20 (3): 260-266.] doi: 10.16605/j.cnki.1007-7847.2016.03.013.
- 吴立强, 李志坤, 马峙英. 2011. SSR分子标记与棉花种质遗传系谱关系研究[J]. 河北农业大学学报, 34 (2): 18-21. [Wu L Q, Li Z K, Ma Z Y. 2011. Study on relationships between SSR markers and cotton genetic pedigree [J]. Journal of Agricultural University of Hebei, 34 (2): 18-21.] doi: 10.3969/j.issn.1000-1573.2011.02.004.
- 徐梦阳, 蔡宇宇, 李婷, 吴南生, 孙荣喜. 2025. 南酸枣转录组特征分析及SSR标记开发[J]. 广西植物, 45 (4): 641-653. [Xu M Y, Cai Y Y, Li T, Wu N S, Sun R X. 2025. Transcriptome characteristic analysis and SSR marker

- development of *Choerospondias axillaris* [J]. Guihaia, 45 (4): 641-653. doi: 10.11931/guihaia.gxzw202406022.
- 姚凤琴, 林发壮, 钟琳珊, 陈昌铭, 陈玮婷, 林辉锋, 周惠英. 2022. 紫色红掌新品种明农倾城的选育[J]. 福建农业科技, 53(12): 38-45. [Yao F Q, Lin F Z, Zhong L S, Chen C M, Chen W T, Lin H F, Zhou H Y. 2022. Breeding of the new variety of purple *Anthurium andraeanum* Mingnong Qingcheng [J]. Fujian Agricultural Science and Technology, 53(12): 38-45.] doi: 10.13651/j.cnki.fjnykj.2022.12.007.
- 于翠, 金茂勇, 张宝珠, 明军, 袁素霞, 王钊, 储丽红, 刘春. 2012. 基于SRAP分子标记的安祖花遗传连锁图谱的构建[J]. 园艺学报, 39(6): 1151-1158. [Yu C, Jin M Y, Zhang B Z, Ming J, Yuan S X, Wang Z, Chu L H, Liu C. 2012. Genetic linkage map of *Anthurium andraeanum* based on SRAP molecular markers [J]. Acta Horticulturae Sinica, 39(6): 1151-1158.] doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2012.06.016.
- 郁永明, 田丹青, 潘晓韵, 光亮, 葛亚英. 2015. 基于红掌转录组序列的SSR标记分析与开发[J]. 分子植物育种, 13(6): 1349-1354. [Yu Y M, Tian D Q, Pan X Y, Jin L, Ge Y Y. 2015. Mining and developing SSR molecular markers based on transcriptome sequences of *Anthurium* [J]. Molecular Plant Breeding, 13(6): 1349-1354.] doi: 10.13271/j.mpb.013.001349.
- 张婷婷, 张鹤山, 宋康杰, 赵泽宇, 许本波, 刘洋. 2023. 白三叶转录组SSR位点特征分析及引物开发[J]. 草业科学, 40(9): 2266-2275. [Zhang T T, Zhang H S, Song K J, Zhao Z Y, Xu B B, Liu Y. 2023. Analysis of SSR site characteristics of *Trifolium repens* transcriptome and primer development [J]. Pratacultural Science, 40(9): 2266-2275.] doi: 10.11829/j.issn.1001-0629.2022-0841.
- 赵彤, 常圣鑫, 冷青云, 徐世松, 尹俊梅, 牛俊海. 2019. 基于三角梅转录组测序的SSR分子标记的开发[J]. 分子植物育种, 17(13): 4331-4341. [Zhao T, Chang S X, Leng Q Y, Xu S S, Yi J M, Niu J H. 2019. Development of SSR molecular markers based on transcriptome sequencing of *Bougainvillea* [J]. Molecular Plant Breeding, 17(13): 4331-4341.] doi: 10.13271/j.mpb.017.004331.
- 赵宇航, 张守信, 冉闽媛, 郭昱昕, 周勇芝, 杨小波, 龙文兴, 周韬. 2019. 桐花树叶片的转录组分析[J]. 分子植物育种, 17(7): 2133-2143. [Zhao Y H, Zhang S X, Ran M Y, Guo Y X, Zhou Y Z, Yang X B, Long W X, Zhou T. 2019. Transcriptome data analysis of *Aegiceras corniculatum* leaves [J]. Molecular Plant Breeding, 17(7): 2133-2143.] doi: 10.13271/j.mpb.017.002133.
- 钟琳珊, 林发壮, 江斌, 姚凤琴, 陈昌铭, 邓永生. 2022. 基于野鸭椿转录组测序的SSR多态性分析[J]. 分子植物育种, 20(2): 464-472. [Zhong L S, Lin F Z, Jiang B, Yao F Q, Chen C M, Deng Y S. 2022. Analysis on SSR information in transcriptome sequence of *Euscaphis japonica* [J]. Molecular Plant Breeding, 20(2): 464-472.] doi: 10.13271/j.mpb.020.000464.
- 周辉明, 林辉锋, 曹奕鸯, 钟琳珊, 甘玮欣, 林发壮, 陈昌铭. 2024. 基于数量性状与SSR标记的白掌种质遗传关系分析[J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 53(3): 314-322. [Zhou H M, Lin H F, Cao Y Y, Zhong L S, Gan W X, Lin F Z, Chen C M. 2024. Genetic relationship analysis of *Spathiphyllum kochii* based on quantitative traits and SSR markers [J]. Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition), 53(3): 314-322.] doi: 10.13323/j.cnki.j.fafu(nat.sci.).202306012.
- 周辉明, 莫智龙, 陈昌铭, 林辉锋. 2022. 红掌新品种‘明农白凤’[J]. 园艺学报, 49(11): 2523-2524. [Zhou H M, Mo Z L, Chen C M, Lin H F. 2022. A new *Anthurium andraeanum* cultivars ‘Mingnong Baifeng’ [J]. Acta Horticulturae Sinica, 49(11): 2523-2524.] doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2020-0408.
- 周军永, 陆丽娟, 刘茂, 朱淑芳, 仇鹏辉, 孙其宝. 2019. 基于李府贡枣转录组测序的SSR和SNP特征分析[J]. 江苏农业科学, 47(4): 51-54. [Zhou J Y, Lu L J, Liu M, Zhu S F, Qiu P H, Sun Q B. 2019. Analysis of SSR and SNP characteristics based on transcriptome sequencing of Lifugong-zao jujube [J]. Jiangsu Agricultural Sciences, 47(4): 51-54.] doi: 10.15889/j.issn.1002-1302.2019.04.011.
- 朱佳文. 2005. 红掌人工诱变与遗传学分析[D]. 长沙: 湖南农业大学. [Zhu J W. 2005. Studies on the inductive mutation and genetical analysis of *Anthurium andraeanum* Lind. [D]. Changsha: Hunan Agricultural University.]
- Anderson J A, Churchill G A, Autrique J E, Tanksley S D, Sorrells M E. 1993. Optimizing parental selection for genetic linkage maps [J]. Genome, 36(1): 181-186. doi: 10.1139/g93-024.
- Bliss B J, Suzuki J Y. 2012. Genome size in *Anthurium* evaluated in the context of karyotypes and phenotypes [J]. AoB Plants, 2012: pls006. doi: 10.1093/aobpla/pls006.
- Gupta P K, Rustgi S, Sharma S, Singh R, Kumar N, Balyan H S. 2003. Transferable EST-SSR markers for the study of polymorphism and genetic diversity in bread wheat [J]. Molecular Genetics and Genomics, 270(4): 315-323. doi: 10.1007/S00438-003-0921-4.
- Thao D V, Yamashita M, Watanabe A, Shiraishi S. 2013. Development of tetranucleotide microsatellite markers in *Pinus kesiya* Royle ex Gordon [J]. Conservation Genetics Resources, 5(2): 405-407. doi: 10.1007/s12686-012-9814-3.
- Unamba C I N, Nag N, Sharma R K. 2015. Next generation sequencing technologies: The doorway to the unexplored genomics of non-model plants [J]. Frontiers in Plant Science, 6: 1074. doi: 10.3389/fpls.2015.01074.
- Varshney R K, Graner A, Sorrells M E. 2005. Genic microsatellite markers in plants: Features and applications [J]. Trends in Biotechnology, 23(1): 48-55. doi: 10.1016/j.tibtech.2004.11.005.
- Wang J Y, Chuang K C. 2013. Development of novel microsatellite markers for effective applications in *Anthurium* cultivar identification [J]. Euphytica, 189(3): 421-431. doi: 10.1007/s10681-012-0799-5.
- Zhang P Z, Dreisigacker S, Melchinger A E, Reif J C, Kazi A M, Van Ginkel M, Hoisington D, Warburton M L. 2005. Quantifying novel sequence variation and selective advantage in synthetic hexaploid wheats and their backcross-derived lines using SSR markers [J]. Molecular Breeding, 15(1): 1-10. doi: 10.1007/s11032-004-1167-5.
- Zhang Y, Dai S L, Hong Y, Song X B. 2014. Application of genomic SSR locus polymorphisms on the identification and classification of *Chrysanthemum* cultivars in China [J]. PLoS One, 9(8): e104856. doi: 10.1371/journal.pone.0104856.
- Zhu H Y, Zhang T Z, Yang L M, Guo W Z. 2009. EST-SSR sequences revealed the relationship of D-genome in diploid and tetraploid species in *Gossypium* [J]. Plant Science, 176(3): 397-405. doi: 10.1016/j.plantsci.2008.12.007.

(责任编辑: 陈 燕)