

利用黄秋葵转录组信息挖掘 SSR 标记及用于种质分析

李永平, 刘建汀, 陈敏氢, 张前荣, 朱海生*, 温庆放*

(福建省农业科学院作物研究所/福建省农业科学院蔬菜研究中心/福建省蔬菜工程技术研究中心, 福州 350013)

摘 要: 通过对黄秋葵 (*Hibiscus esculentus* L.) 转录组信息分析, 共获得 74 600 条 unigene, 全部序列有 52 976 011 bp; 有 3 191 条 unigene 包含 SSR 的序列, 从中鉴定出 3 448 个 SSR 位点, 其中有 235 条序列包含 1 个以上 SSR, 复合 SSR 有 123 个。优势重复基序为三核苷酸和二核苷酸, 分别占总 SSR 的 60.79% 和 21.43%。二核苷酸重复基元中以 AG/CT 为优势重复基元, 占总位点的 11.02%, 三核苷酸重复基元以 AGA/TCT 为主, 占总位点的 19.61%。利用 Primer 3.0 共设计出 8 088 对 SSR 引物。从 87 对有效扩增引物中随机选择 60 对用于 32 份黄秋葵种质的多态性验证分析, 其中 36 对 (占 60%) 引物表现稳定可重复的多态性。利用 UPGMA 作图, 将 32 份供试材料分为 2 类。利用黄秋葵转录组数据进行 SSR 标记开发, 能获得较高频率的 SSR 位点, 且类型丰富, 为其遗传多样性分析和遗传图谱构建提供更丰富可靠的标记选择。

关键词: 黄秋葵; 转录组; SSR; 多态性

中图分类号: S 649

文献标志码: A

文章编号: 0513-353X (2018) 03-0579-12

SSR Markers Excavation and Germplasm Analysis Using the Transcriptome Information of *Hibiscus esculentus*

LI Yongping, LIU Jianting, CHEN Mindong, ZHANG Qianrong, ZHU Haisheng*, and WEN Qingfang*

(Crops Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences; Vegetable Research Center, Fujian Academy of Agricultural Sciences; Fujian Engineering Research Center for Vegetables, Fuzhou 350013, China)

Abstract: A total of 74 600 unigenes were obtained by transcriptome sequencing analysis from *Hibiscus esculentus*. The whole sequence was 52 976 011 bp and a total of 3 448 SSR loci were identified from 3 191 unigenes. 235 sequences contained more than one SSR locus and compound SSR loci sequences were 123. The major types such as trinucleotide and dinucleotide were accounted for 60.79% and 21.43%, respectively. Furthermore, the AG/CT was the predominant dinucleotide repeat type (11.02%), and the AGA/TCT was the predominant trinucleotide repeat type (19.61%). 8 088 pairs of SSR primers were found by Primer 3.0 and 60 pairs of primers were randomly selected from 87 pairs of effective amplification primers for polymorphism analysis of 32 *Hibiscus esculentus* samples. 36 primers (60%) showed stable and

收稿日期: 2018-01-19; **修回日期:** 2018-03-01

基金项目: 福建省属公益类科研院所基本科研专项 (2015R1026-9); 福建省农业科学院蔬菜科技创新团队项目 (STIT2017-1-2); 福建省农业科学院“青年科技英才百人计划”项目 (YC2017-5); 国家特色蔬菜产业技术体系项目 (CARS-24-G-07)

* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: zhs0246@163.com, fjvrc@163.com)

repeatable polymorphism. According to the UPGMA analysis, 32 samples were divided into 2 groups. These results indicated that high frequency and various types of SSR markers could be acquired in *Hibiscus esculentus* by transcriptome sequencing analysis and abundant SSR markers would provide more reliable markers for genetic diversity analysis and genetic mapping construction in *Hibiscus esculentus*.

Keywords: *Hibiscus esculentus*; transcriptome; simple sequence repeat; polymorphism

黄秋葵 (*Hibiscus esculentus* L.) 原产于非洲东北部, 现世界各地均有栽培, 以热带及亚热带地区种植最为普遍, 中国主要在台湾和福建等地栽培。黄秋葵是极具保健价值的蔬菜 (李建华和陈珊, 2004; 单承莺 等, 2012; 王维婷 等, 2015), 具有很大的发展潜力。

黄秋葵种质资源丰富, 分布地域广, 栽培品种和变种较多。据国际植物遗传资源委员会 (IBPGR) 报道, 黄秋葵种质资源主要集中于印度、科特迪、尼日利亚、美国等国家。中国栽培黄秋葵的历史悠久, 明代的《本草纲目》中已有述著。20 世纪 80 年代, 中国积极引进优良品种, 目前中国热带作物研究院收集保存黄秋葵种质资源 50 多份 (宫慧慧 等, 2013)。关于黄秋葵遗传多样性的研究报道较少。Aladele 等 (2008) 利用 RAPD 技术对来自于亚洲及西非的 93 份黄秋葵资源进行聚类分析, Gulsen 等 (2007) 利用 SRAP 技术对来自于土耳其不同黄秋葵资源进行鉴定, 张绪元等 (2009) 和 Yuan 等 (2014) 分别利用 ISSR 分子标记对黄秋葵资源进行评价。目前尚未见 SSR 标记运用于黄秋葵资源鉴定、多样性评价等研究的报道, 分子标记研究仍很薄弱, 有必要在深度和广度上进一步拓展。

微卫星序列即简单重复序列 (Simple sequence repeat, SSR) 分子标记, 广泛存在于真核和原核生物基因组中 (Kalia et al., 2011), 因其位点特异、复等位、呈共显性、在基因组序列中分布广泛等优点已经成为最为广泛的分子标记之一 (Kumar et al., 2015), 已成功应用于遗传多样性分析 (Daniela et al., 2013; 赵树琪 等, 2016)、品种鉴定 (李丽和郑晓鹰, 2009; 石星星 等, 2015)、遗传图谱建立 (江锡兵 等, 2015; 高天翔 等, 2016) 等。EST-SSR 标记来源于 DNA 序列的转录区, 比基于基因组序列开发的 SSR 标记种间通用性更高, 也更经济方便。EST-SSR 标记在一些主要蔬菜作物中都有一定的开发与应用, 如番茄 (韩明利 等, 2011)、黄瓜 (胡建斌和李建吾, 2008)、油菜 (李小白 等, 2007)、大白菜 (忻雅 等, 2006)、甘蓝 (陈琛 等, 2010)、萝卜 (崔娜 等, 2012) 和辣椒 (Toru et al., 2013) 等。本研究应用转录组测序获得的数据进行 SSR 标记搜索, 分析其分布及组成特征, 并进行可用性评价, 以期黄秋葵的种质资源多样性分析、品种鉴定、核心种质建立和分子标记辅助育种奠定基础。

1 材料与方法

1.1 转录组数据来源

从福建省农业科学院作物研究所黄秋葵种质资源库中选取绿色黄秋葵资源 (全株及嫩果均为绿色, 果实六棱至八棱, 以六棱为主), 2017 年 4 月中旬播种, 5 月上旬定植于福建省农业科学院蔬菜中心基地, 6 月 5 日采花后 6 d 的嫩果, 液氮速冻, -80°C 保存备用。测序时每个单株构建 1 个文库, 委托广州基迪奥生物科技有限公司采用 Illumina HiSeqTM 2500 PE125 系统进行 RNA-Seq 转录组测序 (无参), 采用 Trinity 进行序列组装, 经过滤 (去除含 adaptor、N 的比例大于 10%、质量值 $Q \leq 20$ 的碱基数占整个 read 的 40% 以上的 reads) 获得 3.87 G 的有效数据。

1.2 材料及其 DNA 提取

用于 SSR 引物筛选和可用性评价的材料为本人收集于亚蔬—世界蔬菜中心、中国热带农业科学院、福建省农业科学院蔬菜中心资源库的 32 份种质资源（表 1）。基因组 DNA 提取采用 CTAB 法进行。

表 1 黄秋葵 SSR 多态性分析材料
Table1 List of tested *Hibiscus esculentus* L. materials for SSR polymorphism analysis

来源 Source	编号 Code	原产国 Country of origin	果实性状特征 Fruit characters
亚蔬—世界蔬菜中心 World Vegetable Center	Ys01	马来西亚 Malaysia	六棱形, 绿色 Six ribbed, green
	Ys04	马来西亚 Malaysia	六棱形, 绿白色 Six ribbed, green white
	Ys06	坦桑尼亚 Tanzania	六棱形, 浅绿色 Six ribbed, pale green
	Ys07	菲律宾 Philippines	六棱形, 浅绿色 Six ribbed, pale green
	Ys08	马拉维 Malawi	六棱形, 绿色 Six ribbed, green
	Ys10	印度 India	八棱形, 绿色 Eight ribbed, green
	Ys11	印度 India	六棱形, 浅绿色 Six ribbed, pale green
	Ys15	美国 America	五棱形, 浅绿色 Star-shaped, pale green
	Ys18	中国台湾 Taiwan, China	六棱形, 绿白色 Six ribbed, green white
	Ys19	中国台湾 Taiwan, China	五棱形, 绿色 Star-shaped, green
	Ys21	赞比亚 Zambia	五棱形, 浅绿色 Star-shaped, pale green
	Ys28	越南 Viet Nam	六棱形, 绿白色 Six ribbed, green white
	Ys29	越南 Viet Nam	六棱形, 绿白色 Six ribbed, green white
	Ys31	苏里南 Surinam	五棱形, 绿色 Star-shaped, green
	Ys33	苏里南 Surinam	五棱形, 浅绿色 Star-shaped, Pale green
	Ys34	柬埔寨 Cambodia	五棱形, 绿色 Star-shaped, green
	Ys35	澳大利亚 Australia	八棱形, 浅绿 Eight ribbed, pale green
	Ys37	美国 America	五棱形, 浅绿色 Star-shaped, pale green
	Ys40	孟加拉 Bangladesh	五棱形, 绿色 Star-shaped, green
	Ys43	南斯拉夫 Yugoslavia	六棱形, 红色 Six ribbed, red
	Ys46	孟加拉 Bangladesh	圆, 浅绿色 Round, pale green
	Ys50	柬埔寨 Cambodia	五棱形, 浅绿 Star-shaped, pale green
	Ys51	菲律宾 Philippines	圆, 浅绿色 Round, pale green
	Ys53	坦桑尼亚 Tanzania	五棱形, 绿色 Star-shaped, green
	Ys55	土耳其 Turkey	五棱形, 绿色 Star-shaped, green
	Ys56	土耳其 Turkey	六棱形, 绿色 Six ribbed, green
中国热带农业科学院 Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences	Hk12	中国 China	六棱形, 深红色 Six ribbed, dark red
	Hk13	中国 China	五棱形, 深红色 Star-shaped, dark red
	Hk06	中国 China	六棱形, 深绿色 Six ribbed, dark green
	Hk07	中国 China	六棱形, 绿色 Six ribbed, green
福建省农业科学院蔬菜中心 Vegetable Research Center of Fujian Academy of Agricultural Sciences	Hk03	中国 China	六棱形, 红色 Six ribbed, red
	Hk08	中国 China	六到八棱形, 绿色 Six to eight ribbed, green

1.3 转录组 SSR 位点鉴别及 SSR 引物设计

使用 MISA 程序 (<http://pgrc.ikp-gatersleben.de/misa>) 进行 SSR 位点搜索, 以二、三、四、五、六核苷酸最少重复次数分别为 6、5、5、4 和 4 次为标准进行搜索。用 Primer 3.0 软件对 SSR 重复单元前后的序列进行引物设计及评价, 每条 SSR 产生 3 条引物。引物序列长度 18~27 bp, GC 含量 40%~60%, 退火温度 57~63 ℃, 上、下游引物的 T_m 值相差 ≤ 2 ℃, 预期扩增产物长度 100~280 bp, 且无二级结构和二聚体。

1.4 EST-SSR 引物筛选

PCR 反应体系为 20 μL , 其中 10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTPs 0.4 μL , 5 U *Taq* 酶 0.3 μL , 100 ng DNA 1.5 μL , 10 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 的上、下游引物各 1 μL , 10 \times Buffer (Mg^{2+}) 2.5 μL , 加 ddH₂O 补至 20 μL 。PCR 扩增程序为: 95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 然后进行 35 个循环, 每个循环包括 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 56 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s (退火温度因不同引物而异), 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min; 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 7 min。PCR 扩增产物 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶检测, 160 V 电压, 3 h, 银染显色后观察拍照。

1.5 数据统计

SSR 发生频率为 SSR 的 unigene 数量与总 unigene 数量之比, SSR 的出现频率为 SSR 的个数与总 unigene 的数量比, SSR 平均分布距离为 1 kb 以上的 unigene 的碱基数与 SSR 数量之比。采用人工读带的方法, 将电泳图上可重复的清晰条带记为“1”, 同一位置无带或不易分辨的弱带记为“0”, 建立原始数据矩阵。利用软件 NTsys2.10 按系统聚类进行聚类绘图。

2 结果与分析

2.1 转录组中 SSR 的分布及结构特点

黄秋葵转录组经组装后共获得 74 600 条 unigene (序列总长约 52 976 011 bp), 用 MISA 软件对 1 kb 以上的 unigene (16 257 条, 序列全长为 26 945 574 bp) 进行搜索, 发现其中 3 191 条 unigene 序列中含有 3 448 个 SSR 位点, 其中 235 条 unigene 含有两个或两个以上的 EST-SSR 位点。SSR 发生频率为 19.63%, 出现频率为 20.59%, 平均 7.81 kb 出现 1 个 SSR, 其中复合 SSR 有 123 个, 占 3.57%。SSR 重复类型 5 种均有, 即二核苷酸至六核苷酸重复。其中三核苷酸和二核苷酸重复出现频率占优势, 分别占总 SSR 的 60.79% 和 21.43%; 四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸重复类型数量较少, 分别占总数的 8.93%、3.54% 和 5.31% (表 2)。

黄秋葵转录组 SSR 重复单元的重复次数分布在 4~26 次之间, 其中 4~10 次的 SSR 共有 3 358 个, 占总数的 97.39%; 其次为 11~26 次的 SSR, 共有 90 个, 占总数的 2.61%。黄秋葵转录组 SSR 的长度主要集中在 12~256 bp, 其中长度在 12~18 bp 的 SSR 达 2 504 个, 占总数的 72.62%, 长度在 18 bp 以上的 SSR 有 944 个, 只占 27.38%。

表 2 黄秋葵 SSR 的类型、数量及分布频率

Table 2 Type, number and frequency of SSRs in *Hibiscus esculentus* L.

重复基序长度 Repeat motif length	重复次数 Repeat number									总计 Total	比例/% Ratio
	4	5	6	7	8	9	10	11~14	≥ 15		
二核苷酸 Di	0	0	329	172	89	53	36	44	16	739	21.43
三核苷酸 Tri	0	1 341	472	198	38	11	9	9	18	2 096	60.79
四核苷酸 Tetra	232	56	9	6	2	0	1	1	1	308	8.93
五核苷酸 Penta	87	24	9	1	0	0	1	0	0	122	3.54
六核苷酸 Hexa	145	32	4	0	1	0	0	0	1	183	5.31
总计 Total	464	1 453	823	377	130	64	47	54	36	3 448	
比例% Ratio	13.46	42.14	23.87	10.93	3.77	1.86	1.36	1.57	1.04		100

2.2 转录组中 SSR 基序重复类型和频率特征

黄秋葵转录组中 3 448 个 SSR 位点共含 181 种重复基序, 二、三、四、五、六核苷酸重复分别

有 4、10、25、43 和 99 种。从分布频率来看（表 3），以三核苷酸重复类型 AAG/CTT 出现最多，占总 SSR 的 19.61%，占三核苷酸重复基序的总数的 32.25%。其次是二核苷酸重复类型 AG/CT，占总 SSR 的 11.02%，占二核苷酸总数的 51.42%。四核苷酸、五核苷酸尤其是六核苷酸重复基序分布较为分散，出现的频率较低。

表 3 黄秋葵转录组中不同微卫星重复基序 (motif) 出现的频率
Table 3 Occurrence frequency of different microsatellites motifs of *Hibiscus esculentus*

重复基序类型 Repeat type	重复基序 Repeat motif	数量 Number	发生频率/% Frequency	所占比例/% Proportion
二核苷酸 Di	AG/CT	380	11.02	51.42
	AT/AT	236	6.84	31.93
	AC/GT	118	3.42	15.97
	CG/CG	5	0.15	0.68
三核苷酸 Tri	AAG/CTT	676	19.61	32.25
	AGC/CTG	321	9.31	15.31
	ATC/ATG	242	7.02	11.55
	ACC/GGT	229	6.64	10.93
	AGG/CCT	198	5.74	9.45
	AAC/GTT	161	4.67	7.68
	AAT/ATT	92	2.67	4.39
	CCG/CGG	86	2.49	4.10
	ACG/CGT	54	1.57	2.58
	ACT/AGT	37	1.07	1.77
四核苷酸 Tetra	AAAG/CTTT	76	2.20	24.67
	AAAT/ATTT	61	1.77	19.81
	AAAC/GTTT	40	1.16	12.99
	ACAT/ATGT	24	0.70	7.79
	其他 Other	107	3.10	34.74
五核苷酸 Penta	AAAAG/CTTTT	34	0.99	27.87
	AAAAC/GTTTT	10	0.29	8.20
	AAAAT/ATTTT	7	0.20	5.74
	AAAGG/CCTTT	7	0.20	5.74
	其他 Other	64	1.87	52.45
六核苷酸 Hexa	AACAGC/CTGTTG	6	0.17	3.28
	AAGAGG/CCTCTT	6	0.17	3.28
	AAAAAG/CTTTTT	5	0.15	2.73
	AAGGAG/CCTTCT	5	0.15	2.73
	ACCAGC/CTGGTG	5	0.15	2.73
	AGATGG/ATCTCC	5	0.15	2.73
	AGGCGG/CCGCCT	5	0.15	2.73
	其他 Other	146	4.23	79.78

2.3 黄秋葵转录组 SSR 引物设计与筛选

利用 Primer3.0 对含 SSR 位点的 3 191 条 unigene 序列进行引物设计，共设计出引物 8 088 对。随机挑选 100 对不同重复单元（二、三、四、五、六核苷酸）的引物对黄秋葵 ‘Hk08’ DNA 进行 SSR-PCR 扩增，以验证其有效性。结果表明 100 对引物实现有效扩增，有效率为 100%，其中 87 对（87.00%）PCR 扩增产物与预期大小相符，有 13 对（13%）扩增产物长度超过预期，分别是引物 HeSSR006、HeSSR008、HeSSR010、HeSSR012、HeSSR015、HeSSR016、HeSSR021、HeSSR024、HeSSR025、HeSSR026、HeSSR027、HeSSR032 和 HeSSR034（图 1）。

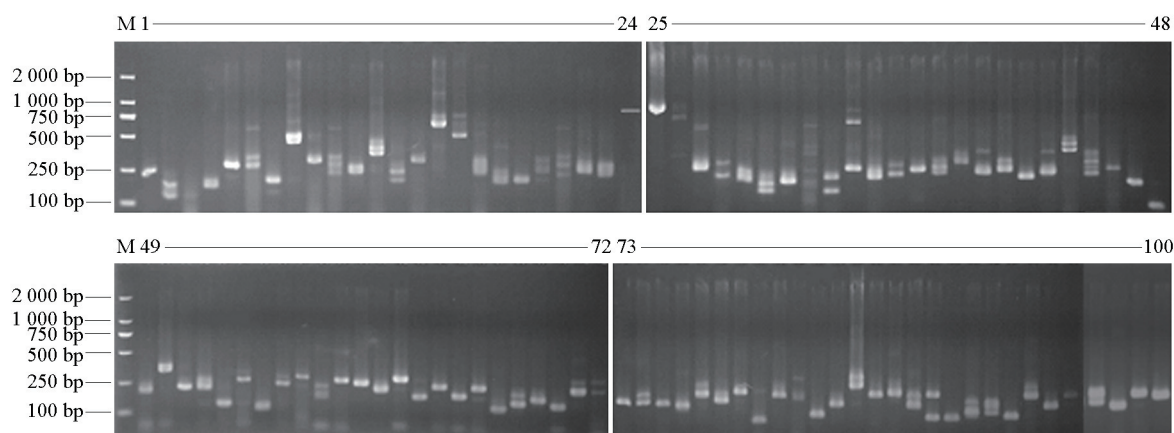


图1 引物 HeSSR001 ~ HeSSR100 对黄秋葵 ‘Hk08’ 的扩增结果

Fig. 1 Amplification result of primer HeSSR001 – HeSSR100 for ‘Hk08’ *Hibiscus esculentus*

M: DNA marker; 1 – 100: HeSSR001 – HeSSR100.

2.4 多态性分析

从 87 对有效扩增引物中随机选取 60 对 EST-SSR 引物对 32 份黄秋葵种质资源进行扩增及多态性评价 (图 2 为引物 HeSSR020 和 HeSSR033 的扩增情况), 其中 36 对引物存在多态性差异 (表 4), 占有效扩增引物的 60%。每对引物产生的条带数在 2 ~ 7 之间, 共得到 147 条条带, 其中多态性片段 102 个, 每对引物平均产生 2.83 个多态性片段。36 对 EST-SSR 标记的 PIC 平均值为 0.73, 仅 HeSSR011 引物 PIC 值小于 0.5, HeSSR088 的 PIC 值达到 0.87, 表明这些 SSR 标记含有高度多态信息。36 对多态性引物中二核苷酸重复的 5 对, 三核苷酸重复的 14 对, 五核苷酸重复的 6 对, 六核苷酸重复的 11 对。

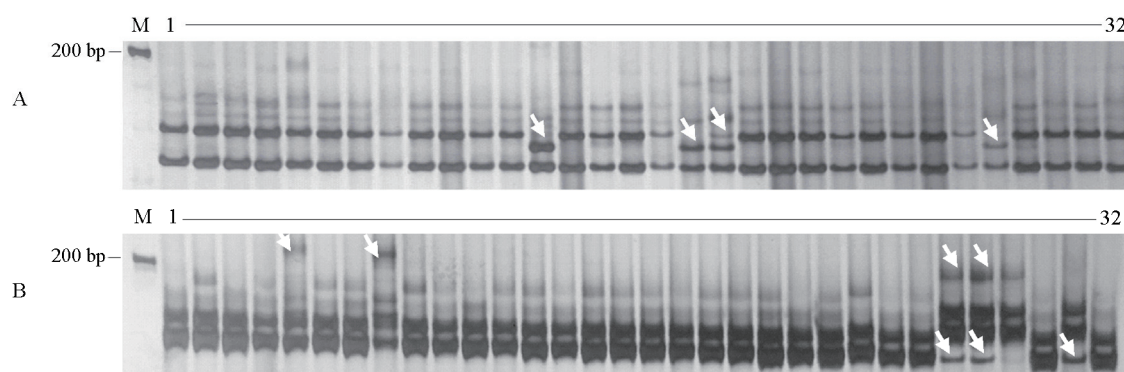


图2 引物 HeSSR020 (A) 和 HeSSR033 (B) 在 32 份黄秋葵种质资源 (1 ~ 32) 中的多态性

M: DNA marker; 箭头标注部分为差异条带。

Fig. 2 Polymorphisms showed in 32 *Hibiscus esculentus* germplasms (1 – 32) by primer HeSSR020 (A) and HeSSR033 (B)

M: DNA marker; The arrows indicate the different bands.

表 4 黄秋葵 36 对 SSR 引物信息
Table 4 Information of 36 pairs of SSR primers developed from *Hibiscus esculentus*

引物编号 Primer No.	引物序列 (5'→3') Primer sequence	SSR 基元 SSR motif	产物长度/bp Length of product	多态性条带 数 Number of polymorphic bands	多态信息量 PIC
HeSSR002	CGCTGCTCCAGACATAACAATCTTCTCTCCGAACCTCCA	(ACG) ₉	169	5	0.83
HeSSR003	GGCGATCAAATTAGAAACCAGGTCACGCTGTAGCTCTCGAA	(AGC) ₁₁	122	3	0.75
HeSSR009	GAAGAACAAGGCAAGGCAAGAACATCTCCAAGCTCCCTCA	(GAA) ₁₀	270	3	0.73
HeSSR011	TGCAGGCAAATCAACTGAAGGTTTCCATTGCACTCGGGTA	(TA) ₈	206	2	0.47
HeSSR017	ACTGCCACTCAACAGCAATGTGCGACAATATTCCAGCAG	(CAG) ₈	270	4	0.81
HeSSR020	TTCTCACTGCAGCAACAAGTGCCACTTCTCTGCCTCTTT	(AGG) ₈	147	7	0.86
HeSSR023	CAAGGAGACAATGCAGGGTTATTCGATACCCAAAGCTCCC	(AAC) ₈	243	3	0.72
HeSSR030	GAGATCAAGAACGTGTGGCAAATCTTCGTTGGTTTCGGTG	(AAC) ₈	223	2	0.63
HeSSR033	TAAGAGGCGTGAAAGGAAGCAAGCTCAACCTTTACGGCAA	(AT) ₉	163	5	0.76
HeSSR036	GTGGGTTCAAACCTTTGGGTGAAGCAGCAAGGTTATTACACTTTACA	(AT) ₁₂	268	3	0.71
HeSSR037	ACGTCATCCTCATTAACGGCTTCTTTCCGACAATTTCGAC	(AG) ₁₆	210	4	0.68
HeSSR040	CGTTTGAACGCTACCCATACCCGAAACACCTAACTCAA	(GTT) ₇	280	6	0.82
HeSSR041	GCGAATCTTTTGGTATCGGAATGGATGATTGGTGGGATG	(CTG) ₇	264	2	0.53
HeSSR043	GCTGCAGCTAAACGCTTCTCGTAGTCCATGAGGGCAAAT	(TC) ₁₂	272	3	0.63
HeSSR046	GAATGGAAGCCAAAGGATCATGGAATGAATTTATGATGATGG	(TTC) ₇	202	3	0.70
HeSSR051	AACTGGACCCGAGTGTGTCAAGTATGGTGCCCATCATCG	(CTG) ₇	183	2	0.62
HeSSR054	TGGCAATGATCCATCTGAAACTTGCCATCGGAATCGTAAT	(GAA) ₇	208	3	0.64
HeSSR055	ATTGATGCTGCTTCTTCGTCTGCGTTGTTGTTTCAGGTG	(AGA) ₇	113	3	0.72
HeSSR057	CTTCCGCATCTTCACCAAGTTTCAACACGTGGATGTCGT	(AGA) ₇	210	3	0.59
HeSSR060	GGCAGTGGCTGATTGTTGTACAAAGCAGGACAGGAAAAGC	(CTAGC) ₄	227	4	0.77
HeSSR063	CGAGGTAGCCCCATCTATCATTTCTTCCGTCCAACCAATC	(ATTGA) ₄	196	6	0.85
HeSSR064	GCAGGAAGCTCTAGGGTCAAGACCCAACCACTGGAGAAA	(AAAAG) ₄	196	5	0.70
HeSSR067	CAAAACAAACAATAAGGAACCCATGGCTTTACCTCAAACCCAG	(CAAAA) ₄	134	6	0.81
HeSSR068	TCACTCCTGAATCCTGGTCCGGCTTTGTCCGTGCTTATGT	(CTTCCC) ₄	167	4	0.76
HeSSR071	TCGTCCCTTTTAACAATCCGAATCCCCCTACAATCCCAG	(TTCTTG) ₄	212	5	0.75
HeSSR074	TACTAGAGGGCAACGCCACTGGAGGAGGAAGAGGGAAATG	(GTGTT) ₅	205	4	0.71
HeSSR075	TATGGGCGAAAAATGACTCCCTATTTTCATCGCCCCTGA	(CTCAT) ₇	177	4	0.73
HeSSR077	TGTCTCCGAGTGTGTCTGCAACCCTAAACTTGAGGGGA	(CTATAC) ₄	211	5	0.78
HeSSR078	CGTCGTCTTCATTTTCAGCAGATCGGCATCAGATCCACTT	(CTTCAG) ₄	182	4	0.69
HeSSR079	CGGCTGACTCATGACCACTATGCTTTCCAAGTGTTCCTCC	(AGGAGC) ₄	223	4	0.81
HeSSR081	GCGATTACATCAAAAACCCAGTCATTCGCAAGGGAATGT	(GACTAG) ₄	233	4	0.76
HeSSR082	TTCTCCCCCTCTCTTCAATTGACTCACTGGCACTTTGCT	(TCCATA) ₄	276	5	0.84
HeSSR087	GGACATTTTAATGCCGCTTCATCATGGTGGTGATGGGAGT	(TGCTGG) ₄	199	6	0.81
HeSSR088	TCAGGATTTGGGAATGAAGCGGCTCTGAATGTTTGGCAT	(ACATGG) ₄	214	6	0.87
HeSSR094	TGACCTTGCTCGGGTACTTCCTAGGGTTTCAGTCTCCCGA	(ATGGCG) ₅	254	4	0.75
HeSSR097	GATCAGAGCCATTCTTGGAAGCGACCATCAAAACAAACC	(TGCTGT) ₅	205	5	0.82

36 对多态性 SSR 引物对黄秋葵种质资源进行聚类分析, 在遗传距离 0.73 处, 32 份供试材料被分成两大类 (图 3)。

第 I 大类包含 28 份种质资源, 主要为绿色和绿白色果荚种质。在遗传距离 0.39 处该类被分为 4 小类: 果荚绿色的 Ys01、Ys10、Ys19、Ys34、Ys31、Ys55、Ys53、Ys56、Ys40、Ys06、Ys11、Ys21、Ys46、Ys51、Ys50、Ys07、Ys33 和果荚绿白色的 Ys14、Ys18、Ys08、Ys29、Ys28 聚在一起, 均为原产亚非的资源; 来自中国海南和福建的 Hk06、Hk07、Hk08 聚为一类; 原产美国的 Ys15、Ys37 聚为一类, 原产澳大利亚的 Ys35 成一类。

第Ⅱ大类包含 4 份种质资源, 其中 Ys43、Hk03 果荚为深红色聚 1 小类, Hk12、Hk13 果荚为红色聚另 1 小类。

Ys46、Ys51 的遗传距离为最近, 均表现为植株较矮小, 果荚浅绿色, 果面茸毛细软, 果无棱角, 横断面近圆形。

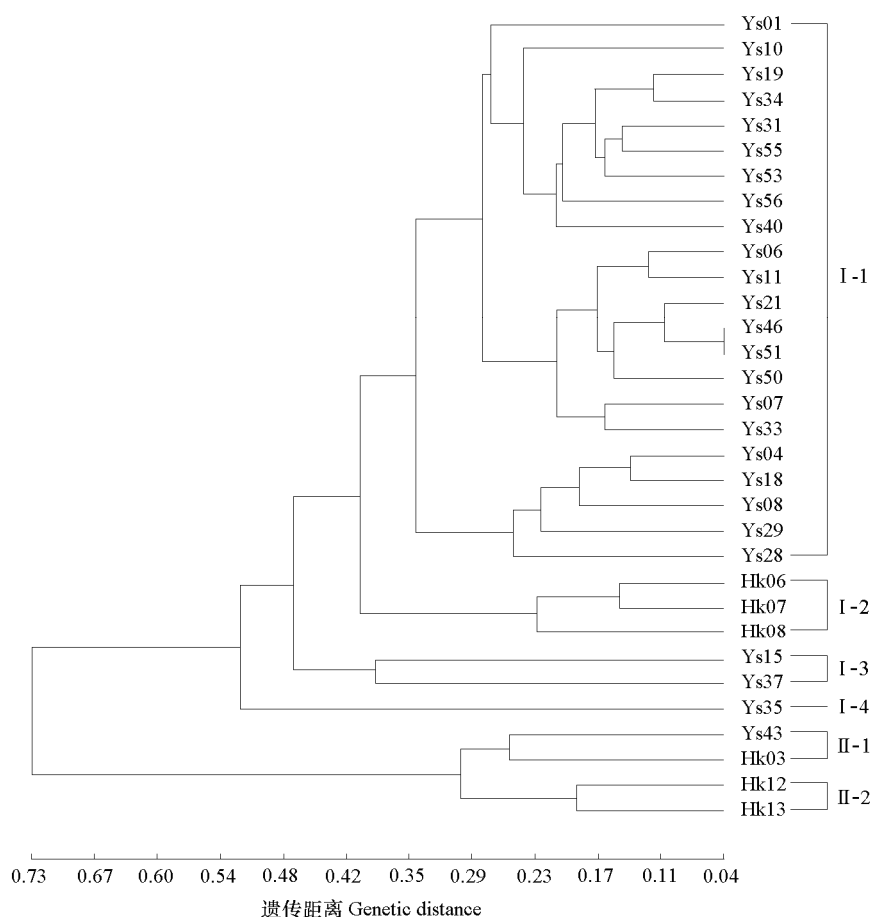


图 3 黄秋葵种质资源的 UPGMA 聚类图

Fig. 3 Germplasm resources for *Hibiscus esculentus* by UPGMA method

3 讨论

转录组测序使得 EST 数量迅速增加, 许多植物的 EST-SSR 标记已被开发应用 (Li et al., 2012; You et al., 2015)。黄秋葵 EST-SSR 标记尚未见报道。本研究从黄秋葵的转录组测序结果 1 kb 以上的 16 257 unigene 搜索, 发现其中 3 191 条 unigene 序列中含有 3 448 个 SSR 位点, 其中 235 条 unigene 含有两个或两个以上的 EST-SSR 位点。SSR 发生频率为 19.63%, 出现频率为 20.59%。此结果高于大白菜 (Ding et al., 2015)、菜薹 (李荣华 等, 2016) 等 2.65%~19.26% 的频率范围, 但低于杜仲 (Chen et al., 2015) 和萝卜 (Wang et al., 2012) 33.99% 和 23.79% 的 SSR 位点频率。SSR 位点的发生频率差异可能与物种基因组差异、转录组数据中 unigene 数量及长度、SSR 挖掘工具及筛选的条件有关 (Biswas et al., 2012; Zhai et al., 2014)。黄秋葵 SSR 重复类型 5 种均有, 即二核苷酸至六核苷酸重复, 其中三核苷酸和二核苷酸重复出现频率占优势, 分别占总 SSR 的 60.79% 和 21.43%;

四核苷酸、五核苷酸和六核苷酸重复类型数量较少, 分别占总数的 8.93%、3.54%和 5.31%。菜薹(李荣华 等, 2016)、白菜(Zhang et al., 2012)、萝卜(Wang et al., 2012)等作物的研究结果不尽相同, 可能与 SSR 搜索标准密切相关。据研究, 二、四和五核苷酸重复主要与非翻译区(UTR)相关, 而三、六核苷酸重复主要发生在编码序列(CDS)内(Jing et al., 2014), 黄秋葵三核苷酸重复比例高, 说明其转录组 unigene 中包含更多的 CDS 信息。发现的种重复序列的基序中, 以 AAG/CTT 和 AG/CT 基序最为丰富, 此结果与前人在大白菜(Ding et al., 2015)、萝卜(Wang et al., 2012; Zhai et al., 2014)的结果吻合。

验证随机选择的 100 对不同重复单元的 SSR 引物, 87 对(87%)引物能扩增出预期 PCR 产物, 引物扩增失败可能是由于存在大的内含子, 在启动位点引起 SNPS/InDel 变异, 进而阻碍引物与目标 DNA 的结合, 也可能是由组装错误引起(Xiang et al., 2015)。87 对引物中 36 对 SSR 引物呈现多态性, 占有效引物的 60%, 低于大白菜(70.90%)(Ding et al., 2015), 高于菜薹(40.00%)(李荣华 等, 2016), 说明黄秋葵 SSR 标记引物扩增效率较高。有研究表明, SSR 标记的多态性与 SSR 位点中重复序列的长短相关, 重复序列愈长, 多态性的可能性越高(Tenmykh et al., 2001; Singh et al., 2010), 且当 SSR 重复序列 ≥ 20 bp 时, 出现多态性的比例高; 重复序列长度在 12 ~ 19 bp 范围出现多态性的可能性明显下降, 而低于 12 bp 的多态性极低(Tenmykh et al., 2001)。本研究中 36 对多态性引物仅有 2 对来自于重复序列长度 < 20 bp, 其余 34 对均来自于 ≥ 20 bp 的重复序列。多态信息含量 PIC 值用于评估标记的信息水平, 本研究中 36 对多态引物的平均 PIC 值为 0.74, 最低值发生在 SSR 位点中重复序列最短序列的引物 HeSSR011, 其余 35 对引物表现高 PIC 值, 表明本研究开发出的 EST-SSR 具有较高的多态性(Botstein et al., 1980)。本试验在统计 SSR 数量时未将单核苷酸的重复序列统计在内, 在菜薹(李荣华 等, 2016)、鱼腥草(黎晓英 等, 2016)等多植物的研究中单核苷酸的重复序列未发现多态性。

相对于其他蔬菜作物, 运用在黄秋葵上的分子标记种类和数量都比较少, 主要集中在 RAPD、ISSR、SRAP 等方面。Aladele 等(2008)采用 13 对 RAPD 引物对亚洲 43 份和西非 50 份黄秋葵资源进行遗传多样性分析, 可以将亚洲 43 份和西非区分开, 且亚洲黄秋葵资源遗传多样性更高; Gulsen 等(2007)利用 SRAP 技术分析了 23 份黄秋葵资源, 其中 21 份来自于土耳其, 2 份来自于美国, 虽然 23 份黄秋葵资源之间表现出较高遗传多样性, 但并不能在地理来源上区分开; 张绪元等(2009)对 42 个国内外黄秋葵栽培种和野生黄葵进行 ISSR 分析, 可把 42 份黄秋葵栽培种质和野生黄葵分开, 同时, 可将 42 份黄秋葵栽培种质材料划分为 2 个类群; Yuan 等(2014)利用 ISSR 分子标记将 24 份黄秋葵资源划分为 4 个不同地理群体。RAPD、ISSR、SRAP 等均是基于无基因组(或转录组)序列信息开发的标记技术, 标记的随机性强、稳定性差。本研究中利用基于黄秋葵转录组数据开发出的 36 对 SSR 引物, 对 32 份来自于不同国家和地区、具有典型性状的黄秋葵种质资源进行遗传多样性分析, 以遗传距离 0.39 为阈值, 32 份黄秋葵种质资源分为两大类, 第 I 大类可分为 4 小类, 以来源地相近聚为一类, 第 II 大类可分为 2 小类, 以果荚颜色不同来区分。较 ISSR、SRAP 等标记的分析结果, SSR 标记更细致准确地反映了黄秋葵种质资源之间的差异。

本研究结果表明, 由黄秋葵转录组数据开发出的 SSR 标记可用性较高, 为黄秋葵种质资源遗传多样性研究、遗传图谱构建、基因定位及克隆及分子标记辅助育种等奠定了基础。

References

Aladele S E, Ariyo O J, Lapena R. 2008. Genetic relationships among West African okra (*Abelmoschus caillei*) and Asian genotypes (*Abelmoschus*

- esculentus*) using RAPD. Afr J Biotech, 14 (7): 1426 – 1431.
- Biswas M K, Chai L J, Mayer C, Xu Q, Guo W W, Deng X X. 2012. Exploiting BAC-end sequences for the mining, characterization and utility of new short sequences repeat (SSR) markers in *Citrus*. Molecular Biology Report, 39 (5): 5373 – 5386.
- Botstein D, White R, Skolnick M, Davis R. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am J Hum Genet, 32 (3): 314 – 331.
- Chen Chen, Zhuang Mu, Li Kang-ning, Liu Yu-mei, Yang Li-mei, Zhang Yang-yong, Cheng Fei, Sun Pei-tian, Fang Zhi-yuan. 2010. Development and utility of EST-SSR marker in cabbage. Acta Horticulturae Sinica, 37 (2): 221 – 228. (in Chinese)
- 陈琛, 庄木, 李康宁, 刘玉梅, 杨丽梅, 张杨勇, 程斐, 孙培田, 方智远. 2010. 甘蓝 EST-SSR 标记的开发与应用. 园艺学报, 37 (2): 221 – 228.
- Cui Na, Qiu Yang, Li Xi-xiang, Shen Di, Wang Hai-ping, Song Jiang-ping. 2012. Data mining for SSRs in EST resources and EST-SSR markers development in radish. Acta Horticulturae Sinica, 39 (7): 1303 – 1312. (in Chinese)
- 崔娜, 邱杨, 李锡香, 沈镒, 王海平, 宋江萍. 2012. 萝卜 EST 资源 SSR 信息分析及 EST-SSRs 标记开发. 园艺学报, 39 (7): 1303 – 1312.
- Daniela P, Rosa L B, Caroline M C, Antonio C O, Juliana C B V, Claudete C M. 2013. Genetic diversity of *Cucurbita pepo*, *C. argyrosperma* and *C. ficifolia* accessions evaluated through microsatellite markers. Horticultura Brasileira, 31 (3): 361 – 368.
- Ding Q, Li J, Wang F, Zhang Y, Li H, Zhang J, Gao J. 2015. Characterization and development of EST-SSRs by deep transcriptome sequencing in Chinese cabbage (*Brassicarapa L. ssp. pekinensis*). International Journal of Genomics, 9 (3): 1 – 11.
- Gao Tian-xiang, Cai Yu-liang, Feng Ying, Zhao Xiao-jun. 2016. Genetic diversity and denetic structure of *Prunus pseudocerasus* populations from China as revealed by SSR markers. Acta Horticulturae Sinica, 43 (6): 1148 – 1156. (in Chinese)
- 高天翔, 蔡宇良, 冯瑛, 赵晓军. 2016. 中国樱桃 14 个自然居群遗传多样性和遗传结构的 SSR 评价. 园艺学报, 43 (6): 1148 – 1156.
- Gong Hui-hui, Yu Qian, Wang En-jun, Meng Qing-hua. 2013. Application value and industrialization development prospect of okra. Shandong Agricultural Sciences, 45 (10): 131 – 134. (in Chinese)
- 宫慧慧, 于倩, 王恩军, 孟庆华. 2013. 黄秋葵的应用价值和产业化开发前景. 山东农业科学, 45 (10): 131 – 134.
- Gulsen O, Karagul S, Abak K. 2007. Diversity and relationships among Turkish okra germplasm by SRAP and phenotypic marker polymorphism. Biologia Bratislava, 62 (1): 41 – 45.
- Hang Ming-li, Cui Na, Yu Zhi-hai, Li Tian-lai, Hou Li-xia. 2011. Analysis of SSR information in EST resource of tomato (*Solanum lycopersicum*) fruit. Journal of North China Agricultural, 26 (4): 213 – 217. (in Chinese)
- 韩明利, 崔娜, 于志海, 李天来, 侯丽霞. 2011. 番茄果实 EST 资源 SSR 信息分析. 华北农业学报, 26 (4): 213 – 217.
- Hu Jian-bin, Li Jian-wu. 2008. Information of EST-SSR loci in cucumber. Acta Agriculturae Jiangxi, 20 (11): 58 – 60. (in Chinese)
- 胡建斌, 李建吾. 2008. 黄瓜 EST-SSR 位点信息. 江西农业学报, 20 (11): 58 – 60.
- Jiang Xi-bing, Tang Dan, Gong Bang-chu, Lai Jun-sheng. 2015. Genetic diversity and association analysis of local cultivars of Chinese chestnut based on SSR markers. Acta Horticulturae Sinica, 42 (12): 2478 – 2488. (in Chinese)
- 江锡兵, 汤丹, 龚榜初, 赖俊声. 2015. 基于 SSR 标记的板栗地方品种遗传多样性与关联分析. 园艺学报, 42 (12): 2478 – 2488.
- Jing W, Changfu C, Fangyun C, Huliang C, Hua Z. 2014. Characterisation and development of EST-SSR markers in tree peony using transcriptome sequences. Mol Breeding, 34 (4): 1853 – 1866.
- Kalia R K, Rai M K, Kalia S, Singh R, Dhawan A K. 2011. Microsatellite markers: an overview of the recent progress in plants. Euphytica, 177 (3): 309 – 334.
- Kumar B, Kumar U, Yadav H K. 2015. Identification of EST-SSRs and molecular diversity analysis in *Mentha piperita*. The Crop Journal, 3 (4): 335 – 342.
- Li Jian-hua, Chen Shan. 2004. A pharmacodynamic observation on the anti fatigue of the aqueous extract of okra. Chin J Sports Med, 23 (2): 196 – 197. (in Chinese)
- 李建华, 陈珊. 2004. 黄秋葵水提取液抗疲劳的药效学观察. 中国运动医学杂志, 23 (2): 196 – 197.
- Li Li, Zheng Xiao-ying. 2009. The development of multiplex EST-SSR markers to identification Chinese cabbage [*Brassica campestris L. chinensis*]

- (L.) makino and *Brassica campestris* L. *pekinensis* (Lour.) Olsson] cultivars. *Acta Horticulturae Sinica*, 36 (11): 1627 - 1634. (in Chinese)
- 李 丽, 郑晓鹰. 2009. 用于白菜和大白菜品种鉴定的 EST-SSR 复合标记的建立. *园艺学报*, 36 (11): 1627 - 1634.
- Li Xiao-bai, Zhang Ming-long, Cui Hai-rui. 2007. Data mining for SSRs in ESTs and development of EST-SSR marker in oilseed rape. *Journal of Molecular Cell Biology*, 40 (2): 137 - 144. (in Chinese)
- 李小白, 张明龙, 崔海瑞. 2007. 油菜 EST-SSR 标记的建立. *分子细胞生物学报*, 40 (2): 137 - 144.
- Li Rong-hua, Wang Zhi-liang, Chen Jing-fang, Xia Yan-shi, Guo Pei-guo, Zhang Hua, Kadambot Siddique. 2016. Analysis of SSR information in transcriptome and their usability in flowering Chinese cabbage. *Acta Horticulturae Sinica*, 43 (9): 1816 - 1824. (in Chinese)
- 李荣华, 王直亮, 陈静芳, 夏岩石, 郭培国, 张 华, Kadambot Siddique. 2016. 菜薹转录组中 SSR 信息与可用性分析. *园艺学报*, 43 (9): 1816 - 1824.
- Li D J, Deng Z, Qin B, Liu X H, Men Z H. 2012. *De novo* assembly and characterization of bark transcriptome using Illumina sequencing and development of EST-SSR markers in rubber tree (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.). *BMC Genomics*, 13 (1): 192.
- Li Xiao-ying, Liu Sheng-gui, Wang Dan, Huang Hao-lan, Long Qiang, Jiang Yu-hong, Guo Wen-bo, Wei Lin. 2016. Analysis on SSR loci information in transcriptome of *Houttuynia cordata* and its polymorphism. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 47 (10): 1762 - 1767. (in Chinese)
- 黎晓英, 刘胜贵, 王 丹, 黄豪兰, 龙 强, 蒋玉红, 郭文博, 魏 麟. 2016. 鱼腥草转录组 SSR 位点信息分析及其多态性研究. *中草药*, 47 (10): 1762 - 1767.
- Shan Cheng-ying, Ma Shi-hong, Zhang Wei-ming. 2012. Utilization and prospect of okra: a health vegetable. *Chinese Wild Plant Resources*, 31 (2): 68 - 71. (in Chinese)
- 单承莺, 马世宏, 张卫明. 2012. 保健蔬菜黄秋葵的应用价值与前景. *中国野生植物资源*, 31 (2): 68 - 71.
- Shi Xing-xing, Ji Xiao-hong, Zhang Lei, Lü Xi-xi, Liu Ya-ting, Wang Yu-gang, Feng Hui. 2015. Authenticity and purity of heading cabbage hybrids identified by SSR markers. *Molecular Plant Breeding*, 13 (2): 331 - 337. (in Chinese)
- 石星星, 纪小红, 张 磊, 吕茜茜, 刘亚婷, 王玉刚, 冯 辉. 2015. 利用 SSR 标记鉴定结球甘蓝杂交种真实性及纯度. *分子植物育种*, 13 (2): 331 - 337.
- Singh H, Deshmukh R K, Singh A, Singh A K, Gaikwad K, Sharma T R, Mohapatra T, Singh N K. 2010. Highly variable SSR markers suitable for rice genotyping using agarose gels. *Molecular Breeding*, 25 (2): 359 - 364.
- Toru Sugita, Yukari Semi, Hiromasa Sawada, Yumi Utoyama, Yuko Hosomi, Eri Yoshimoto, Yuld Maehata, Hiroyuki Fukuoka, Ryutaro Nagata, Akio Ohyama. 2013. Development of *Capsicum* SSR markers and construction of high density genetic linkage map. *Journal of China Capsicum*, (2): 41 - 50. (in Chinese)
- Toru Sugita, Yukari Semi, Hiromasa Sawada, Yumi Utoyama, Yuko Hosomi, Eri Yoshimoto, Yuld Maehata, Hiroyuki Fukuoka, Ryutaro Nagata, Akio Ohyama. 2013. 辣椒 SSR 标记的开发和高密度遗传连锁图谱的构建. *辣椒杂志*, (2): 41 - 50.
- Tenmykh S, De Clerck G, Lukashova A, Lipovich L, Cartinhour S, McCouch S. 2001. Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential. *Genome Research*, 11 (8): 1441 - 1452.
- Wang S, Wang X, He Q, Liu X, Xu W, Li L, Gao J, Wang F. 2012. Transcriptome analysis of the roots at early and late seedling stages using Illumina paired-end sequencing and development of EST-SSR markers in radish. *Plant Cell Report*, 31 (8): 1437 - 1447.
- Wang Wei-ting, Guo Xu, Liu Chao, Sun Jin-yue. 2015. Research progress of bioactive substances and processing of *Abelmoschus esculentus* L. *Shandong Agricultural Sciences*, 47 (11): 134 - 136. (in Chinese)
- 王维婷, 郭 淑, 刘 超, 孙金月. 2015. 黄秋葵生物活性物质及加工研究进展. *山东农业科学*, 47 (11): 134 - 136.
- Xiang X, Zhang Z, Wang Z, Zhang X, Wu G. 2015. Transcriptome sequencing and development of EST-SSR markers in *Pinus dabeshanensis*, an endangered conifer endemic to China. *Mol Breeding*, 35 (8): 158.
- Xin Ya, Cui Hairui, Lu Meizhen, Yao Yanling, Jin Jiqiang, Lim Yongpyo, Choi Suryun. 2006. Data mining for SSRs in ESTs and EST-SSR marker development in Chinese cabbage. *Acta Horticulturae Sinica*, 33 (3): 549 - 554. (in Chinese)
- 忻 雅, 崔海瑞, 卢美贞, 姚艳玲, 金基强, 林容杓, 崔水莲. 2006. 白菜 EST-SSR 信息分析与标记的建立. *园艺学报*, 33 (3): 549 -

- 554.
- You Y N, Liu D C, Liu H B, Zheng X F, Diao Y, Huang X F, Hu Z L. 2015. Development and characterisation of EST-SSR markers by transcriptome sequencing in taro (*Colocasia esculenta* L. Schott) . Mol Breeding, 35 (6): 134.
- Yuan C Y, Zhang C, Wang P, Hu S, Chang H P. 2014. Genetic diversity analysis of okra (*Abelmoschus esculentus* L.) by inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. Genet Mol Res, 13 (2): 3165 – 3175.
- Zhai L, Xu L, Wang Y, Cheng H, Chen Y, Gong Y, Liu L. 2014. Novel and useful genic-SSR markers from *de novo* transcriptome sequencing of radish (*Raphanus sativus* L.) . Mol Breed, 33 (3): 611 – 624.
- Zhao Shu-qi, Liang Bing, Li Li-bei, Pang Chao-you, Su Jun-ji, Song Mei-zhen, Wei Heng-ling, Wang Han-tao, Fan Shu-li, Yu Shu-xun. 2016. Genetic diversity analysis of early-maturity related germplasm in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) based on SSR markers. Journal of Plant Genetic Resources, 17 (4): 599 – 606. (in Chinese)
- 赵树琪, 梁冰, 李黎贝, 庞朝友, 宿俊吉, 宋美珍, 魏恒玲, 王寒涛, 范术丽, 喻树迅. 2016. 基于 SSR 标记的陆地棉早熟相关种质遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 17 (4): 599 – 606.
- Zhang H, Wei L, Miao H, Zhang T, Wang C. 2012. Development and validation of genic-SSR markers in sesame by RNA-seq. BMC Genomics, 13 (1): 316.
- Zhang Xu-yuan, Huang Jie, Liu Guo-dao. 2009. ISSR analysis of 43 accessions of okra germplasm. Chinese Journal of Tropical Crops, 30 (3): 293 – 298. (in Chinese)
- 张绪元, 黄捷, 刘国道. 2009. 43 份黄秋葵种质的 ISSR 分析. 热带作物学报, 30 (3): 293-298.

征 稿

《Horticultural Plant Journal》 (《园艺学报》英文版) 征稿

《园艺学报》英文版《Horticultural Plant Journal》由中国科学技术协会主管, 中国园艺学会、中国农业科学院蔬菜花卉研究所和中国农业科学技术出版社共同主办, 于 2015 年 7 月创刊, 国内统一连续出版物编号 CN10-1305/S, 国际标准连续出版物编号 ISSN 2095-9885, Online ISSN 2468-0141, 双月刊, 大 16 开, 与国际出版商 Elsevier 合作, 在 ScienceDirect 网络出版平台实现全文开放存取 (<http://www.sciencedirect.com/journal/horticultural-plant-journal>)。目前,《Horticultural Plant Journal》已经被 Directory of Open Access Journals (DOAJ)、英国国际农业与生物科学研究中心文摘 (CABI Abstracts)、英国食品科学与技术文摘 (Food Science and Technology Abstracts) 等国际数据库收录。

办刊宗旨: 准确、全面、及时地报道园艺学科领域重大研究成果和科研进展, 反映学科研究水平和发展动向, 为学术交流服务, 为促进学科发展作贡献。

刊载范围: 有关园艺作物种质资源、遗传育种、栽培技术、生理生化、生态、基因组学、生物技术、植物保护、采后处理与利用等原创性研究论文、研究简报及综述等。

欢迎投稿: 投稿网址 <https://www.journals.elsevier.com/horticultural-plant-journal/>。邮寄地址: 北京中关村南大街 12 号, 中国农业科学院蔬菜花卉研究所《园艺学报》编辑部 (邮编 100081)。联系电话: 010-62124615。