

产园的条件,而且从连续两年的平均株产看,剪控与化控都能保持丰产、稳产、明显地抑制大小年。

表 2 处理后第二三年开花结果情况

年度	处理	花芽数量(个)				花序座果率 (%)	全树果实 (个)
		花芽总量	中长果枝	短果枝	花芽		
1994	G <sub>1</sub>	934	133	587	214	87.1	369
	G <sub>2</sub>	951	181	623	147	93.1	383
	CK	27	13	9	5	23.9	19
1995	G <sub>1</sub>	987	127	623	237	87.4	397
	G <sub>2</sub>	1093	166	774	153	91.3	409
	CK	51	23	17	11	27.4	44

3 各处理对果实品质的影响。为减小误差,每处理都进行了统一标准的疏花疏果。于花序伸长期至盛花期疏花,每隔 20 厘米左右留一个花序,每序留 3 朵花,6 月份进行定果,每花序留单果。剪控比对照在不同程度上提高了苹果果实的品质指标,而化控比对照的品质指标明显地降低,特别是单果重降低了 10.43%,果形指数下降了 8.43%,偏斜果率增加了 12.7%,降低了果实的外观效应。同时,化控后果实的可溶性固形物降低了 1.69%,果实的果柄变短果实容易被风吹落。因此,红富士苹果进入大量结果期后,为保证其品质,不宜再用化控方法。

讨 论

1. 剪控与化控都能达到红富士苹果幼树旺长,早期丰产的目的。运用刻芽、环剥、扭梢和除萌相结合的修剪控制方法与按 1 克/龄标准进行土施 PP<sub>333</sub> 化学控制对红富士苹果都有明显促花效应。

2. 剪控须每年进行,需大量人力,而化控至多三年进行一次,投入少量的人力和一定的资金即可,各地可根据具体情况选用。

3. 剪控有助于果实品质的提高,而化控则明显地降低了果实的品质,故苹果进入大量结果期后要慎用化控。(回稿时间 1996 年 10 月 7 日 邮编: 262800)

丝 瓜 络 洗 澡 好

1990 年春,我买了几个精致的丝瓜络,从此,每次洗澡,不用肥皂,由上至下,顺着皮肤的纹路用丝瓜络先轻轻地洗,后加大力度,直到擦得全身发热发红为止。洗后,浑身轻松。过了几个月,我的皮肤明显地变得光洁润滑,还有紧绷绷的感觉,接着皮肤表层坏死的细胞自行脱落,慢慢露出了一层更细更柔美的新皮来,肌肤细密强健,丰满富有弹性。最意想不到的是,多年来顽固的偏头痛也慢慢消失了,比吃了什么特效药都明显。(雨君文)

主要分子标记技术比较

周秀艳

在过去的 10 年中,分子标记技术得到突飞猛进的发展,至今已有十几种分子标记技术相继出现,并在各个领域得到了应用。本文系统地比较了植物中广泛应用的 RFLP、RAPD 和 SSR 技术,以供参考。

分子标记	RFLP	RAPD	SSR
全称	限制性片段长度多态性	随机扩增多态性 DNA	简单重复序列
发展历史	70 年代已被用于遗传病的早期诊断; 1980 年人类遗传学家 Botstein 首次提出用 RFLP 构建遗传连锁图	1990 年, Williams 提出了以 PCR (聚合酶链式反应) 为基础的 RAPD 技术	1990 年, Weber 报道人类 DNA 中存在短的串连 DNA 重复序列, 并为其定名
技术原理	DNA 序列上的变化, 会改变原有酶切位点所在的位置, 从而使两个酶切位点间的片段长度发生变化, 这种变化经酶切、杂交及放射自显影后就会表现出条带的不同, 由此可对生物的多态性进行分析	以一个随机的寡核苷酸单链(通常为 10 个核苷酸) 去扩增基因组 DNA, 若基因组中的某一区域恰好与此引物侧连, 则会通过 PCR 的 DNA 产物, 不同个体可能产生不同的扩增片段, 从而表现出多态性	不同品种或个体核心序列的重复次数不同, 但这段重复序列两侧侧连的 DNA 序列是保守的, 利用与侧连区域互补的引物, 通过 PCR 可分析核心序列重复组数的变异性
基本步骤	提取 DNA → 限制性内切酶酶切 → 电泳分开酶切片段, 并以单链转移到杂交膜上 → 标记探针, 使探针与杂交膜上的单链 DNA 杂交 → 洗去未杂交的探针, 然后放射自显影 → 显示出代表 DNA 中含有的与探针的序列同源的限制性片段	提取 DNA → 加入随机引物, 在一定的反应条件下进行 PCR 扩增 → 电泳分析扩增产物 → 通过条带的有无来判断多态性	构建基因组 DNA 文库 → 筛选鉴定含有 SSR 的克隆 → 对阳性克隆进行测序 → 据侧连序列合成引物 → PCR 扩增 → 电泳分析多态性
主要优点	多态性的控制不受组织特异性和发展阶段的影响, 探针数量多, 具有共显性	DNA 需要量较少, 对 DNA 制备的质量要求不高, 操作程度简单, 迅速, 无放射性	检测的多态性频率较高, 重复性好
主要缺点	DNA 需要量较大, 需要的仪器设备较多, 技术较为复杂	扩增产物的稳定性差, 多数位点的标记带表现为显形, 不能提供完整的遗传信息	如克隆大量的 SSR, 并对其测序和设计引物, 需要大量的人力、物力和时间

(黑龙江省农科院牡丹江农科所。温春 来稿时间 1997 年 1 月 13 日 邮编: 157000)