

张晓舟,王祎玲. 霍山不同海拔香茶菜居群的遗传多样性[J]. 江苏农业科学,2017,45(14):107-111.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.14.030

霍山不同海拔香茶菜居群的遗传多样性

张晓舟,王祎玲

(山西师范大学生命科学学院,山西临汾 041000)

摘要:采用表型性状和序列相关扩增多态性(简称 SRAP)分子标记对香茶菜(*Isodon japonica*)不同海拔居群的遗传多样性进行分析。结果表明:(1)香茶菜 8 个叶表型性状在居群间和居群内均存在显著或极显著差异,说明不同居群叶表型性状存在明显的变异;(2)香茶菜叶柄性状的平均变异系数(CV ,19.707%)>叶片性状的平均变异系数(CV ,9.905%),叶柄性状稳定性较低;(3)居群间平均表型分化系数(V_{ST} ,69.89%)>居群内平均表型分化系数(V_{ST} ,30.11%),居群间变异是其主要变异来源;(4)非加权组平均法(简称 UPGMA)聚类分析显示,8 个香茶菜居群分为三大类;(5)香茶菜居群具有较高的遗传多样性,平均多态位点数(NPL)、平均多态位点百分率(PPB)、平均 Shannon 多样性指数(I)分别为 60.875、82.083%、0.387;(6)8 个居群遗传多样性变化规律随海拔的升高先增加后降低;(7)分子生物学方差分析(简称 AMOVA)显示,居群间遗传变异占总变异的 75%,与表型性状分析的主要变异来源一致;(8)聚类分析将 8 个居群分为 3 类,海拔相近的居群优先聚类。

关键词:香茶菜;表型性状;SRAP;遗传多样性;霍山

中图分类号:S567.03 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2017)14-0107-05

霍山位于山西省南部,是传说中太岳山的主要高峰,位于太行山中部,属于临汾盆地的边缘区域^[1]。由于受暖温带大陆性气候和东南季风的影响严重,成为山西省乃至全国水热条件相对较好的区域之一。

香茶菜(*Isodon japonica*)为唇形科(Labiatae)香茶菜属(*Isodon*)植物,主要生长在非洲和亚洲,有 150 多种,在我国有 90 多种,山西、黑龙江、河南等 20 多个省内都比较常见^[2]。香茶菜是中国药材,它具有健胃、解毒、抗癌、增加免疫等功效,被用于治疗咽喉肿痛、肝炎、癌症、感冒发热、腹部胀痛等^[3]。从开始研究香茶菜至今,很多研究者从香茶菜的提取产物中提炼出有用的化合物,并深入地分析了其药理作用,很多文献报道以及临床等实践证明香茶菜在保护心肌正常工作等方面具有非常重要的作用,同时香茶菜在保健防护方面市场潜力非常大^[4-5]。由此可见,香茶菜已成为中国最重要的草本之一。然而,香茶菜遗传多样性方面的研究却很少,甚至没有关于香茶菜表型的研究。

为确保我国合理发展和最大限度地使用遗传资源,有必要研究香茶菜的遗传多样性。另外,香茶菜种质收集的遗传多样性和对群体结构的了解在改善中国草本植物上有非常重要的功能。近年来,分子标记技术日益发展,为野生植物遗传多样性研究提供了很多重要信息。在不同的分子标记中,SRAP 分子标记对遗传研究是最佳选择,因为它在植物基因组中具有简单、高效、高重复性、共显性的特征。目前,关于香

茶菜的研究主要集中在化合物组成、药理效果上。本研究的目标是运用表型标记和 SRAP 分子标记阐述香茶菜的遗传多样性。

因此,在本研究中,使用 10 对香茶菜 SRAP 引物和 8 个表型性状决定山西省霍山不同海拔香茶菜的遗传多样性。

1 材料与方法

1.1 植物材料采集

2015 年 6 月外出采集,选取山西省霍山不同海拔的香茶菜为研究对象,从 1 300 m 至 2 000 m 每隔 100 m 设立 1 个种群,共设立 8 个居群。为避免试验误差,每个居群内至少采集 15 个个体的叶片,保存在放有硅胶的密封袋中,以便后续实验室内的研究^[6]。

表 1 香茶菜资源调查地点

群体	地点	纬度(N)	经度(E)	样本数(个)	海拔(m)
1	霍山山谷	113°43′	36°35′	23	1 300
2	霍山山谷	105°03′	39°11′	20	1 400
3	霍山林缘	119°05′	28°23′	25	1 500
4	霍山林缘	121°04′	30°34′	28	1 600
5	霍山林缘	108°11′	34°30′	23	1 700
6	霍山草丛	112°33′	34°30′	26	1 800
7	霍山草丛	101°32′	35°56′	29	1 900
8	霍山草丛	109°56′	34°57′	21	2 000

1.2 叶表型性状分析

评价 8 个居群香茶菜的表型多样性,每个居群选取采样完整、保存最好的 15 个个体进行测量。在本试验中测量 8 个表型性状,分别是叶长(LL)、叶片长(LML)、叶片宽(LW)、叶片长/宽(LLW)、叶柄长(LE)、叶柄基部宽(LFW)、叶柄长/宽(LELW)、叶片长/叶柄长(LEL)。

收稿日期:2016-05-17

基金项目:山西省自然科学基金(编号:2015011069)。

作者简介:张晓舟(1990—),女,山西太原人,硕士,主要从事植物遗传学研究。E-mail:374054365@qq.com。

通信作者:王祎玲,博士,教授,主要从事分子遗传和生态学方面的研究。E-mail:ylwangbj@hotmail.com。

1.3 DNA 提取物

采用改良的 CTAB 法^[7]提取 DNA,在提取过程中,利用β-巯基乙醇的还原性,有效地遏制 DNA 提取过程对细胞造成的褐化反应,大大降低了氧化损伤。抽提过程中,利用氯仿异戊醇除去蛋白质。加入-20℃无水乙醇,静置一段时间,待沉淀析出,即得到 DNA 提取物。采用 1% 琼脂糖电泳检测 DNA 提取物中 DNA 的纯度。

1.4 SRAP 分析与电泳

SRAP 扩增在 10 μL 体系中进行,使用 10 ng 基因组 DNA、1×PCR buffer、2.0 mmol/L MgCl₂、10.0 mmol/L dNTPs、5 μmol/L 引物、1.0 U Taq DNA 聚合酶。所用引物由博仕生物公司提供。

PCR 扩增项目的变性步骤为 95℃预变性 5 min;94℃变性 1 min,35℃退火 1 min,72℃延伸 1 min,共进行 35 个循环;72℃延伸 5 min,保存于 4℃。扩增片段被 20 倍的水稀释,6 μL 稀释产物与 4 μL Loading-buffer 混合。扩增产物在 1×TBE 的 6% 变性甲叉双丙烯酰胺凝胶中被检测,1 500 V 电泳 120 min。通过使用银染装备使分离片段形象化。

1.5 数据分析

1.5.1 表型数据分析 上述 8 个表型性状的巢式方差分析采用 SPSS 17.0 软件完成^[8]。种群间表型性状的分化程度用表型分化系数(V_{ST})表示^[9],表型分化系数=种群间方差分量/(种群间方差分量+种群内方差分量)。表型性状的离散程度用变异系数(CV)表示,变异系数=标准差/平均值,即 $CV = S/X$ 。采用 NTSYSpC 软件的非加权组平均法(UPGMA)

对表型性状进行聚类分析。其他相关数据处理使用 Excel 5.0 等程序进行。

1.5.2 遗传数据分析 在筛选引物的过程中,选取稳定性高、扩增条带清晰、易于分辨的引物组合。对 SRAP 引物扩增出的片段进行“0,1”标记,将有带处记为“1”,无带处记为“0”。利用 POPGENE 3.2 版本软件^[10],通过分析香茶菜的多态位点比率(PPB)、观察等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon 多样性指数(I)、Nei's 基因多样性指数(H)、多态位点数(NPL)来证实香茶菜遗传多样性水平的遗传参数^[11]。应用 MEGA4 软件^[12]对香茶菜不同海拔的 8 个居群进行聚类分析。用 GenALEx 6.4 软件^[11]进行分子生物学方差(简称 AMOVA)分析和各居群间的主坐标(简称 PCoA)分析。

2 结果与分析

2.1 叶性状表型多样性

2.1.1 香茶菜居群间和居群内表型性状变异特征 山西省霍山 8 个不同海拔香茶菜的表型性状测量结果(表 2)显示,叶柄长与叶柄基部宽均以 2 000 m 居群的均值最大(分别为 50.47、3.66 mm);1 300 m 居群的均值最小(分别为 29.61、2.95 mm)。叶长、叶片长、叶片宽均以 1 400 m 居群的平均值最大(分别为 199.99、153.03、140.94 mm),叶片长、叶片长/宽均以 1 600 m 居群的平均值最小。随着海拔的降低,基本呈现出叶片的性状数值越大,叶柄性状的数值越小。

表 2 香茶菜 8 个居群叶表型性状

居群	叶长 (mm)	叶片长 (mm)	叶片宽 (mm)	叶片长/宽	叶柄长 (mm)	叶柄基部宽 (mm)	叶柄长/宽	叶片长/叶柄长
1 300 m	166.99±16.19	127.93±15.69	113.67±11.82	1.13±0.08	29.61±8.45	2.95±0.17	13.27±2.25	3.34±0.63
1 400 m	199.99±12.59	153.03±11.60	140.94±8.54	1.09±0.05	46.96±9.59	3.38±0.15	13.90±2.79	3.40±0.78
1 500 m	193.99±19.60	146.52±13.98	135.9±17.79	1.09±0.10	47.47±10.10	3.07±0.09	15.46±3.46	3.23±0.77
1 600 m	165.86±24.52	122.78±17.31	116.81±13.38	1.05±0.11	43.08±14.71	3.54±0.42	12.12±3.91	3.26±1.38
1 700 m	156.40±17.95	126.79±12.45	116.42±13.23	1.09±0.11	39.06±5.85	3.43±0.22	8.69±2.66	4.69±1.82
1 800 m	182.98±12.04	135.52±12.28	120.93±12.28	1.13±0.09	47.46±8.68	3.11±0.31	15.36±2.99	2.96±0.67
1 900 m	175.66±11.39	133.67±8.71	124.44±5.37	1.07±0.05	41.99±9.17	3.32±0.15	12.64±2.76	3.33±0.78
2 000 m	175.66±20.78	125.19±11.12	94.01±21.61	1.37±0.21	50.47±19.20	3.66±0.66	14.46±6.70	3.01±1.62

本研究用变异系数的大小表示各性状测量值离散程度的大小。变异系数越小,说明性状的离散程度越小,表型多样性的丰富程度越低;反之,说明性状的离散程度越大,表型多样性的丰富程度越高。由表 3 可知,香茶菜居群中各表型性状的平均变异系数为 16.207%,其中叶柄基部宽的平均变异系数最小(8.030%),叶片长/叶柄长的平均变异系数最大(30.913%)。8 个叶表型性状的平均变异系数都较为稳定,可应用于表型多样性的相关研究中。

不同性状在同一居群的变异系数也存在差异,1 600 m 海拔的居群中叶片长/叶柄长最大(42.338%),叶片长/宽最小(10.449%),同一性状在不同居群内的变异系数也存在不同,叶柄长/宽在 1 300 m 最小(16.959%),在 2 000 m 最大(46.338%);叶片长/叶柄长在 1 300 m 最小(18.883%),在 2 000 m 最大(53.829%),表明不同海拔的环境差异引起叶表型性状的差异。

香茶菜 8 个海拔居群的平均变异系数存在差异,由小到 大排列为 1 400 m(11.569%)<1 900 m(11.670%)<1 300 m(12.062%)<1 800 m(13.113%)<1 500 m(14.272%)<1 700 m(18.453%)<1 600 m(21.429%)<2 000 m(27.089%),海拔 1 400 m 居群的叶表型分化程度最小,说明其表型多样性也最低;海拔 2 000 m 居群的平均变异系数最大,分化程度最高,遗传多样性最丰富。

从对 8 个表型性状的方差分析结果(表 4)可以看出,山西省霍山香茶菜 8 个叶表型性状在居群间存在极显著差异,在居群内除叶柄基部宽存在显著差异外,其余性状均差异不显著,说明同一居群内存在相对稳定性。香茶菜平均表型分化系数为 69.89%、居群间的平均方差分量为 58.34%,居群内的平均方差分量为 21.54%,表明叶表型性状多样性呈现出居群间大于居群内的特征,山西省霍山 8 个海拔叶表型性状变异以居群间变异为主。山西省霍山香茶菜 8 个居群叶表

表 3 山西省霍山 8 个海拔各表型性状的变异系数

居群	变异系数(%)								平均值
	叶长	叶片长	叶片宽	叶片长/宽	叶柄长	叶柄基部宽	叶柄长/宽	叶片长/叶柄长	
1 300 m	9.697	12.263	10.395	7.510	14.985	5.801	16.959	18.883	12.062
1 400 m	6.293	7.578	6.061	4.414	20.423	4.583	20.066	23.137	11.569
1 500 m	10.105	9.539	13.094	9.557	22.535	3.093	22.372	23.883	14.272
1 600 m	14.786	14.101	11.454	10.449	34.140	11.876	32.289	42.338	21.429
1 700 m	11.477	9.820	11.362	10.488	28.551	6.450	30.609	38.870	18.453
1 800 m	6.580	9.064	10.157	8.674	18.293	9.863	19.492	22.780	13.113
1 900 m	6.485	6.520	4.315	4.327	21.847	4.458	21.821	23.586	11.670
2 000 m	11.832	10.480	22.988	15.083	38.049	18.116	46.338	53.829	27.089
平均值	9.657	9.921	11.228	8.813	24.853	8.030	26.243	30.913	16.207

表 4 山西省霍山香茶菜叶表型性状的方差分析结果

性状	F 值		方差分量(%)		表型分化系数(%) V_{ST}
	居群间	居群内	居群间	居群内	
叶长	7.77 **	1.46	163.97	74.57	68.74
叶片长	7.65 **	1.45	94.53	43.35	68.56
叶片宽	11.69 **	0.83	165.69	28.72	85.23
叶片长/宽	8.95 **	0.89	0.01	0.002	83.33
叶柄长	4.11 **	1.04	37.95	23.23	62.03
叶柄基部宽	8.72 **	1.79 *	0.06	0.03	66.67
叶柄长/宽	4.51 **	0.98	4.21	2.23	65.37
叶片长/叶柄长	3.03 **	0.84	0.29	0.2	59.18
平均值			58.34	21.54	69.89

注：“*”表示在 0.05 水平上差异显著，“**”表示在 0.01 水平上差异显著。

型性状指数主要受居群间环境条件和海拔高度不同的影响较大。通过表 4 同时可以看出,叶片宽、叶片长/宽的表型分化系数较大,分别为 85.23%、83.33%。说明这 2 个性状的变异在居群间占优势。

2.1.2 表型性状聚类分析 根据欧式平均距离,对香茶菜 8 个海拔的 8 个叶表型性状数据进行 UPGMA 聚类分析(图 1)。由图 1 可知,在遗传距离系数为 0.05 时出现分界线,8 个居群被分为三大类。其中 1 700、1 800 m 海拔处的居群叶表型特征基本一致,聚为一类;1 900、2 000 m 居群的叶表型性状较为相似,聚为一类;1 300、1 400、1 500、1 600 m 居群距离相近,聚为一类。整体上看,8 个不同海拔居群叶表型性状特征依海拔高度而聚类。

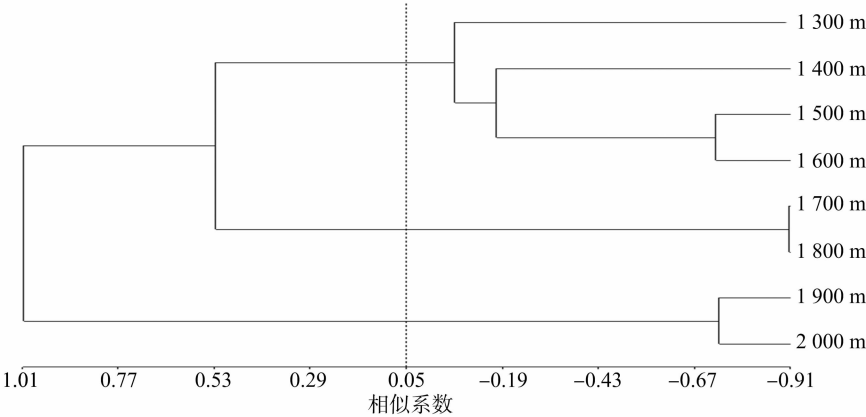


图 1 基于 8 个叶表型性状的香茶菜居群的欧式距离 UPGMA 聚类树形

2.2 叶的遗传多样性

2.2.1 SRAP 遗传多样性 8 个海拔香茶菜居群的遗传变异参数总结在表 5 中, NPL 、 PPB 、 N_a 、 H 、 I 值在海拔 1 400 m 居群有最大值($NPL = 72.000$ 、 $PPB = 90.000\%$ 、 $N_a = 1.900 \pm 0.302$ 、 $H = 0.333 \pm 0.168$ 、 $I = 0.492 \pm 0.224$),在海拔 1 800 m 居群有最小值($NPL = 46.000$ 、 $PPB = 57.500\%$ 、 $N_a = 1.575 \pm 0.498$ 、 $H = 0.224 \pm 0.208$ 、 $I = 0.329 \pm 0.299$)。 N_e 值的最高值在海拔 1 300 m 居群(1.586 ± 0.370),最低值在海拔 2 000 m 居群(1.385 ± 0.371),平均值为 1.444。

依据 SRAP 数据分析和比较香茶菜居群间和居群内的遗传多样性。AMOVA 结果(表 6)显示,75% 的遗传多样性来自

居群间,25% 的遗传多样性来自居群内,香茶菜的遗传变异主要来自于居群间。AMOVA 分析在居群间和居群内存在极显著或显著差异。

2.2.2 居群的遗传距离与聚类分析 利用 POPGEN 软件进一步分析香茶菜居群间遗传分化程度,结果(表 7)表明,遗传距离为 0.037 5 ~ 0.221 2,遗传的一致度为 0.801 5 ~ 0.963 2。在海拔 1 900、2 000 m 的居群均与海拔 1 300 m 居群间有最大遗传距离和最小遗传相似度,该最大遗传距离为 0.221 2,最小遗传相似度为 0.801 5,呈现出较大的遗传差异。

建立基于 Nei 遗传距离的 UPGMA 聚类分析测量 8 个种

表 5 利用 SRAP 分析 8 个香茶菜居群的遗传多样性

居群(海拔)	<i>N</i> (个)	<i>NPL</i> (个)	<i>PPB</i> (%)	<i>N_a</i> (个)	<i>N_e</i> (个)	<i>H</i>	<i>I</i>
1 300 m	23	68.000	85.000	1.850 ± 0.359	1.586 ± 0.370	0.328 ± 0.182	0.481 ± 0.246
1 400 m	20	72.000	90.000	1.900 ± 0.302	1.585 ± 0.351	0.333 ± 0.168	0.492 ± 0.224
1 500 m	25	71.000	88.750	1.888 ± 0.318	1.514 ± 0.340	0.303 ± 0.167	0.457 ± 0.223
1 600 m	28	71.000	88.750	1.888 ± 0.318	1.503 ± 0.345	0.297 ± 0.169	0.448 ± 0.227
1 700 m	23	55.000	68.750	1.688 ± 0.466	1.471 ± 0.384	0.268 ± 0.203	0.393 ± 0.287
1 800 m	26	46.000	57.500	1.575 ± 0.498	1.388 ± 0.382	0.224 ± 0.208	0.329 ± 0.299
1 900 m	29	52.000	65.000	1.650 ± 0.480	1.403 ± 0.373	0.236 ± 0.199	0.351 ± 0.284
2 000 m	21	52.000	65.000	1.650 ± 0.480	1.385 ± 0.371	0.227 ± 0.196	0.341 ± 0.279
平均值		60.875	82.083	1.723	1.444	0.259	0.387

注:*N* 为每个居群的样本数;*NPL* 为多态位点数;*PPB* 为多态位点百分比;*N_a* 为等位基因观察数;*N_e* 为有效等位基因;*H* 为 Nei's 多样性指数;*I* 为 Shannon 多样性指数。

表 6 香茶菜居群 AMOVA 分析

变异来源	自由度	总方差	平均方差	变异组分	变异百分率(%)	<i>P</i> 值
居群间	112	1 367.73	12.21	12.21	75	<0.01
居群内	7	512.78	73.25	4.07	25	<0.05
总计	119	1 880.52		16.28	100	

表 7 香茶菜居群基于 SRAP 标记的 Nei's 基因指数的遗传一致度(对角线上方)与遗传距离(对角线下方)

居群	1 300 m	1 400 m	1 500 m	1 600 m	1 700 m	1 800 m	1 900 m	2 000 m
1 300 m	—	0.926 3	0.881 7	0.875 3	0.827 3	0.816 2	0.801 5	0.801 5
1 400 m	0.076 5	—	0.931 1	0.934 9	0.878 3	0.876 0	0.860 4	0.876 5
1 500 m	0.125 9	0.071 4	—	0.940 6	0.903 9	0.883 3	0.904 3	0.914 9
1 600 m	0.133 2	0.067 3	0.061 2	—	0.920 2	0.909 1	0.906 5	0.938 5
1 700 m	0.189 6	0.129 8	0.101 1	0.083 1	—	0.942 8	0.963 2	0.958 1
1 800 m	0.203 0	0.132 4	0.124 0	0.095 3	0.058 9	—	0.941 7	0.935 1
1 900 m	0.221 2	0.150 3	0.100 6	0.098 2	0.037 5	0.060 0	—	0.955 7
2 000 m	0.221 2	0.131 8	0.088 9	0.063 5	0.042 8	0.067 1	0.045 3	—

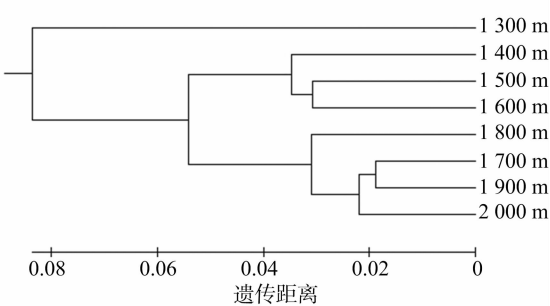


图2 香茶菜各居群 UPGMA 聚类图(SRAP)

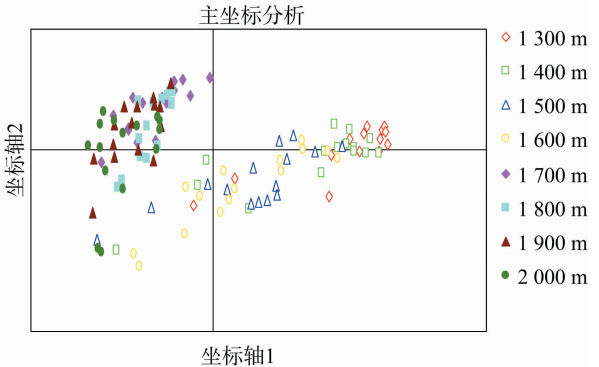


图3 香茶菜 8 个居群的 PCoA 分析(SRAP)

3 结论与讨论

在植物适应进化的过程中,自然选择作为推动力,引起了表型的分化,植物表型性状的变异对促使植物适应当地生存环境具有重要意义^[13]。表型性状由基因与生态环境共同决定,而表型性状的多样性必然蕴含着基因组成的多样性^[14]。本研究通过对山西省霍山不同海拔香茶菜居群叶表型性状的研究发现,8 个叶表型性状在居群间和居群内均存在极显著或显著差异。除了海拔 1 300 m 受人类活动影响较大外,在海拔 1 400 ~ 2 000 m 范围内,叶长、叶片长、叶片宽这 3 个性状的均值随海拔的升高而递减;叶柄长、叶柄基部宽的均值随海拔的升高而增大。

香茶菜叶片 8 个表型性状平均变异系数为 16.207%,变异幅度为 8.030% ~ 30.913%,叶柄性状的平均变异系数(19.707%) > 叶片性状的平均变异系数(9.905%),表明香茶菜居群内表型性状离散程度较高,且叶片性状是叶表型性状中较为稳定的遗传特征。8 个海拔中 2 000 m 香茶菜叶表型性状变异系数均值最大,为 27.089%,说明海拔 2 000 m 可能是山西省霍山香茶菜表型多样性的中心。

香茶菜 8 个表型性状的平均表型分化系数水平偏高(69.89%),高于苦楝(54.47%)^[15]、白云杉(50.00%)^[16]、紫丁香(43.93%)^[17]、疏花蔷薇(41.84%)^[18],说明该居群间

存在较大的变异,反映了居群基因与环境间相互作用的复杂性,是不同环境选择的结果,是种群分化的源泉^[19-21]。香茶菜居群内平均表型分化系数偏低,为 30.11%,说明香茶菜的主要变异来源是居群间的变异,该变异主要受到居群间环境差异的影响。

香茶菜 8 个居群依据叶表型性状建立的系统发育树在遗传距离系数 0.05 处分为三大支。1 300~1 600 m 聚为一支;1 700、1 800 m 聚为一支;1 900、2 000 m 聚为一支。结果表明,叶表型性状的特征与地理距离特征相吻合。

不同海拔香茶菜 8 个居群的 SRAP 标记研究显示(表 6),在海拔 1 400 m 居群出现最大的多态位点数(72.000)、最高的多态位点百分比(90.000%)、最高的 Shannon 多样性指数(0.492 ± 0.224),具有较高的遗传多样性。随着海拔降低到 1 400 m,其遗传变异水平有所下降($NPL = 68.000$ 、 $PPB = 85.000\%$ 、 $I = 0.481 \pm 0.246$);海拔升高到 1 800 m,其遗传变异水平进一步下降($NPL = 46.000$ 、 $PPB = 57.500\%$ 、 $I = 0.329 \pm 0.299$)。由此可知,香茶菜遗传变异水平的高低与海拔有关,整体表现为随着海拔的升高,香茶菜遗传多样性呈现出先升高后降低的规律。野外调查发现,低海拔居群受到人为活动和牲畜啃食的影响较大,极易发生遗传漂变,从而使其遗传多样性降低。当海拔继续上升时,温度随之下降,影响香茶菜的生长发育,最终导致居群内个体数量减少,遗传多样性降低。

海拔分布与居群的遗传关系之间有非常重要的意义。AMOVA 分析显示,香茶菜遗传多样性主要存在于居群间,因此居群间存在较高的基因流和遗传分化(表 7)。聚类分析中,海拔 1 300 m 单独聚为一类,海拔 1 400、1 500、1 600 m 聚为一类,海拔 1 700、1 800、1 900、2 000 m 聚为一类,香茶菜居群间遗传距离与地理距离之间有明显的相关性。另外,统计学研究表明,影响居群水平上遗传多样性大小的因素是繁殖系统>分布范围>生活方式>分类地位>种子传播方式^[22]。

8 个海拔香茶菜叶表型性状的多样性和 SRAP 标记的遗传多样性均主要表现为居群间的遗传变异,二者具有一致性。聚类分析中聚为三大类,均表现出海拔相近的居群优先聚类,但各居群在每一大类中的聚集情况又有所不同。再次表明,表型的变异主要来源于基因组的变异,同时又受到生存环境的影响。

参考文献:

- [1]郝晓杰. 霍山七里峪茶条槭种群生态学研究[D]. 临汾:山西师范大学,2009.
- [2]项昭保,陈海生,王光利,等. 蓝萼香茶菜化学成分研究Ⅱ[J]. 中成药,2000,32(9):1622-1627.
- [3]张 婷,吕明智,董研玲,等. 油茶 SRAP-PCR 反应体系的建立与引物筛选[J]. 安徽农业科学,2010,38(17):8882-8885.
- [4]韩雅莉. 生物遗传多样性和系统学研究中的 RAPD 分析[J]. 内

- 蒙古农牧学院学报,1999,20(2):1-4
- [5]郭刚平,侯玉华,卫恒巧. 香茶菜和苦参同位异部的多元素测定[J]. 中草药,1993,24(3):131-132.
- [6]周重阳. 香茶菜甲素体外抗菌活性研究[J]. 中草药,1988,19(12):533-535.
- [7]李荣华,夏岩石,刘顺枝,等. 改进的 CTAB 提取植物基因组 DNA 的方法[J]. 实验室研究与探索,2009,28(9):14-16.
- [8]Li B,Gu W C,Lu B M. A study on phenotypic diversity of seeds and cones characteristics in *Pinus bungeana* [J]. Biodiversity Science, 2002,10(2):181-188.
- [9]Ge S,Wang M X,Chen Y W. An analysis of population genetic structure of masson pine by isozyme technique[J]. Scientia Silvae Sinicae,1988,24(4):399-409.
- [10]Yeh F C,Yang R C,Boyle T P. Microsoft windows-based freeware for population genetic analysis release1[M]. Edmonton:University of Alberta,1999.
- [11]Tanura K,Dudley J,Nei M,et al. MEGA:molecular evolutionary genetics analysis(MEGA) software(Version 4.0)[J]. Molecular Biology and Evolution,2007,24(8):1596-1599.
- [12]Peakall R,Smouse P E. GenALEX 6:genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research[J]. Molecular Ecology Notes,2006,6(1):288-295.
- [13]Rieseberg L H,Widmer A,Arntz M A,et al. Directional population is the primary cause of phenotypic diversification[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA, 2002, 99(19): 12242-12245.
- [14]刘 维,陈 芬,陈 雨,等. 粤北普通野生稻表型多样性研究[J]. 广东农业科学,2010,37(8):21-24.
- [15]程诗明. 苦楝聚合群体遗传多样性研究与核心种质构建[D]. 北京:中国林业科学院,2005.
- [16]Zhang H G,Sun L F,Han J F,et al. Study on the genetic diversity of *Picea koraiensis*[J]. Bulletin of Botanical Research,2003,25(5): 224-229.
- [17]明 军,顾万春. 紫丁香表型多样性研究[J]. 林业科学研究, 2006,19(2):199-204.
- [18]Guo N,Yang S H,Ge W Y,et al. Phenotypic diversity of natural populations of *rosa laxaretz* in Tianshan Mountains of Xinjiang[J]. Acta Horticulturae Sinica,2011,38(3):495-502.
- [19]肖 政,苏家乐,刘晓青,等. 杜鹃花种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 江苏农业学报,2016,32(2):442-447.
- [20]Jing Z H,Li H,Shao W H,et al. Phenotypic diversity of natural populations in *Diospyros glaucifolia* [J]. Bulletin of Botanical Research,2010,30(3):325-331.
- [21]杨天梅,许宗亮,左应梅,等. 横断山区珠子参不同居群叶片形态变异及其与环境因子的关系[J]. 江苏农业科学,2015,43(9):276-280.
- [22]Qiao M L,Jian L Z. Genetic diveristy of *Phyllanthus emblica* populations in dry-hot valleys in Yunnan[J]. Biodiversity Science, 2007,15(1):84-91.