

花吊丝竹居群遗传多样性的 ISSR 分析

瞿印权¹, 杨德明¹, 徐雯¹, 杜溶讷¹, 何天友²,
施成坤³, 荣俊冬¹, 陈礼光¹, 郑郁善^{1*}

(1. 福建农林大学林学院, 福建 福州 350002; 2. 福建农林大学艺术学院园林学院, 福建 福州 350002;
3. 福建省东山赤山国有防护林场, 福建 东山 363400)

摘要: [目的] 研究花吊丝竹居群遗传多样性和遗传结构, 为种质资源有效利用和良种选育提供理论指导。 [方法] 利用 12 条 ISSR 引物对 48 份种质 (共 3 个居群) 花吊丝竹居群进行遗传多样性和遗传距离分析。 [结果] 共检测到 124 个位点, 其中, 多态性位点为 102 个, 种质和居群水平上的多态位点百分比 (PPB) 分别为 82.26% 和 50.27%, Ne' 基因多样性指数 (He) 分别为 0.220 4 和 0.206 6, Shannon's 信息指数 (I) 分别为 0.349 4 和 0.300 5, 表明花吊丝竹居群间存在中等水平的遗传变异。根据 Nei's 遗传多样性计算出不同居群间分化水平 (Gst) = 0.163 3, 表明 16.33% 的遗传变异存在于居群间, 居群内的遗传变异为 83.67%。居群间的基因流 Nm 为 2.562 1, 表明花吊丝竹居群间存在较大基因流, 很大程度减少居群间遗传差异。基于遗传距离的 UPGMA 聚类结果表明, 48 份种质可分为 3 组, 3 个居群可分为 2 组, 居群间地理距离与亲缘关系无显著相关性。 [结论] 虽然花吊丝竹主要靠营养生殖来繁衍后代, 其居群遗传多样性较丰富, 且居群内遗传多样性大于居群间。此外, 福建居群遗传多样性明显高于广西和广东地区居群。

关键词: 花吊丝竹; 遗传多样性; ISSR

中图分类号: S718.46; S795.9

文献标识码: A

文章编号: 1001-1498(2018)06-0033-06

Genetic Diversity Analysis of *Dendrocalamus minor* var. *amoenus* Populations Based on ISSR Markers

QU Yin-quan¹, YANG De-ming¹, XU Wen¹, DU Rong-qi¹, HE Tian-you², SHI Cheng-kun³,
RONG Jun-dong¹, CHEN Li-guang¹, ZHENG Yu-shan¹

(1. College of Forestry, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, Fujian, China; 2. College of Art & Landscape Architecture, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, Fujian, China; 3. Chishan State-owned Forest Farm, Dongshan 363400, Fujian, China)

Abstract: [Objective] To reveal the genetic diversity and genetic structure of *Dendrocalamus minor* var. *amoenus* populations and provide useful information on effective utilization of germplasm resources and elite breeding. [Method] The genetic diversity and genetic distance of 48 *D. minor* var. *amoenus* individuals from 3 populations were analyzed by using 12 ISSR primers. [Result] A total of 124 loci were identified, of which 102 loci were polymorphism, accounting for 82.26%, Nei's ISSR diversities (He) at the species and population level were 0.220 4 and 0.206 6, respectively, the Shannon's information index (I) were 0.349 4 and 0.300 5, indicating that *D. minor* var. *amoenus* possessed medium level of genetic diversity. The variance within populations was the main part of the genetic variation according to Gst analysis. The level of gene flow (Nm) was calculated as 2.562 1 individu-

收稿日期: 2017-08-17 修回日期: 2018-04-02

基金项目: 福建省区域发展项目(2015N3015); 福建省科技重大专项(2013NZ0001); 福建省科技重大项目(2010N5002)

作者简介: 瞿印权(1992—), 男, 江苏南通人, 学生, 硕士研究生, 主要从事森林培育理论与技术研究. E-mail: 386142881@qq.com

* 通讯作者: 郑郁善(1960—), 男, 福建福州人, 教授, 博士, 博导, 主要从事竹林培育研究. E-mail: zys1960@163.com

als per generation within the 3 populations, indicating that the majority of genetic variation occurred within populations. The UPGMA tree based on genetic distance (D) indicated that 48 individuals could be divided into 3 types and 3 populations could be clustered into 2 groups. The clustering in this dendrogram was not consistent with the geographical distribution, suggesting that there was no obvious correlation between genetic distance and geographic distance of populations. [**Conclusion**] Analysis of 3 populations based on the index of the Nei's genetic diversity showed that the genetic diversity of *D. minor* var. *amoenus* individuals is abundant though it is an asexual plant. The genetic diversity of species within populations is higher than that among populations. Fujian's population shows the highest level of genetic diversity and it should be a priority for protection.

Keywords: *Dendrocalamus minor* var. *amoenus*; genetic diversity; ISSR

花吊丝竹 (*Dendrocalamus minor* var. *amoenus*) 属于竹亚科 (Bambusoideae) 牡竹属 (*Dendrocalamus*) 吊丝竹 (*Dendrocalamus minor*) 变种的丛生竹, 其竿有异色条纹, 外形美观, 可作庭园观赏竹, 亦可劈篾编结竹席、箩筐等竹器^[1], 广泛分布于我国广东、广西、贵州、福建等地。丛生竹林在生物固碳领域也有巨大作用, 同等面积下的竹林较树林可多释放出 35% 的氧气, 具有很好的生态效益^[2]。由于花吊丝竹具有繁殖生长快、根系发达、蓄水保土、适应性广等特性, 在我国南方沿海沙地进行引种, 与木麻黄、马尾松进行混交种植形成沿海防护林, 可以起到防风固沙效果; 同时, ISSR 分子标记为花吊丝竹防护林的保护策略提供重要的遗传信息。引种具有较高遗传多样性的花吊丝竹居群可以增加它们各自群体间的基因交流和遗传多样性水平, 为种质资源保育提供理论指导。

目前, 国内外关于花吊丝竹的研究报道, 主要为组织培养、生理生化、栽培技术、蛋白组学的研究^[3-9], 而利用 ISSR 分子标记技术对该竹种进行遗传多样性的研究尚未见报道。本研究采用 ISSR 分子标记技术对引种自福建、广西、广东地区花吊丝竹种质资源的 3 个居群遗传多样性进行研究, 以期在花吊丝竹的种源区域划分、沿海沙地适地种源发掘提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

2016 年 9 月于福建省东山国有赤山林场花吊丝竹种源试验样地每株采集幼嫩叶片 3~5 片, 洗净放入自封袋并冰袋保存, 其中, 供试的花吊丝竹 3 个居群 48 个样本, 置于 -80℃ 冰箱, 以备 DNA 提取。样品详细信息见表 1。

表 1 48 份花吊丝竹种质材料

Table 1 Sampling locations of the 48 *Dendrocalamus minor* var. *amoenus* accessions

编号 No.	代号 accession	采样地点 population	采样地点小地名 location	纬度 N Latitude	经度 E Longitude
1~3	WL	福建	龙岩武平	25°01'	116°01'
4~6	YS	福建	三明永安	25°98'	117°37'
7~9	HZ	福建	漳州华安	25°02'	117°53'
10~12	DZ	福建	漳州东山	23°07'	117°43'
13~15	MH	福建	福州闽侯	26°16'	119°14'
16~18	XXN	广西	南宁西乡塘	22°50'	108°17'
19~21	LN	广西	南宁良庆	22°45'	108°19'
22~24	WN	广西	南宁武鸣	23°17'	108°27'
25~27	XN	广西	南宁兴宁	22°48'	108°22'
28~30	MN	广西	南宁马山	23°72'	108°17'
31~33	PC	广西	崇左凭祥	22°12'	106°75'
34~36	CG	广东	广州从化	23°55'	113°58'
37~39	LG	广东	广州萝岗	23°11'	113°28'
40~42	YQ	广东	清远英德	24°18'	113°04'
43~45	NZ	广东	中山南区	22°52'	113°38'
46~48	TD	广东	东莞塘厦	22°81'	114°07'

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 的提取与检测 采用博日公司 Biospin 植物基因组 DNA 抽提试剂盒提取花吊丝竹叶片的基因组 DNA, 将提取出的 DNA 用紫外分光光度计检测其浓度、纯度, 再用琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的完整性及是否有降解现象。将 DNA 样品浓度稀释到 $20 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ 并置于 -20°C 冷藏备用。

1.2.2 ISSR 引物的筛选和 PCR 扩增 利用最佳反应体系和程序, 将提取出的花吊丝竹基因组 DNA, 分别与 100 条引物 (参考哥伦比亚大学公布的 100 条引物, 由上海生工合成) 进行 ISSR-PCR 扩增, 按照重现性好、多态性高、条带清晰的原则进行筛选。

ISSR-PCR 反应体系: $20 \mu\text{L}$ 的反应液中含 $2.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ Mg}^{2+}$, $0.25 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ dNTPs}$, $1.50 \text{ U Taq DNA 聚合酶}$, $0.5 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ 引物, 80 ng 模板 DNA, $2 \mu\text{L}$ $10\times\text{Buffer}$, $9.5 \mu\text{L}$ ddH_2O 。反应扩增程序

为:94℃预变性 5 min;94℃变性 45 s。52.7℃退火 30 s,72℃延伸 90 s,40 个循环;72℃延伸 10 min,4℃保存。取 9 μL 的 PCR 产物与 1.5 μL 6xloading Buffer 混匀,上样到加有核酸染料的 1.5% 琼脂糖凝胶上,电泳 1 h,电压设为 $5 \text{ v} \cdot \text{cm}^{-1}$ 。待电泳时间结束,到紫外凝胶成像分析仪观察和拍照。

1.2.3 数据处理 经过电泳分离后,凝胶上的同一位置出现的条带属于同一位点,对所得的扩增结果进行记录,以 1 代表有条带,0 代表无条带,建立一个二元 0—1 矩阵,输入到 Excel 表格中。借助 POPGENE32 软件得出种群内和种群间遗传多样性参数,进行遗传多样性分析,再使用 SPSS13.0 对数据进行处理,根据遗传距离采用 UPGMA 进行聚类分析,绘制成 ISSR 树状聚类图。

2 结果与分析

2.1 ISSR 标记位点多态性分析

筛选出的 12 条高重复性、多态性、稳定性的 ISSR 引物见表 2,12 条引物共扩增出 124 个清晰位点并且平均每条引物扩增出 10.3 位点,其中,多态性位点达 102 个,占总位点的 82.26%。DNA 片段大小在 200~2 200 bp,位点数为 7~13 个,其中,引物 UBC828、UBC829 扩增出的多态性条带最多(88.89%),引物 UBC827 和 UBC836 扩增多态性百分比最低(76.92%)。

2.2 遗传多样性分析

利用 POPGENE32 基因软件对 48 个花吊丝竹样本扩增结果进行遗传多样性分析,48 个样本平均等位基因数(N_a) = 1.822 6,平均有效等位基因(N_e) = 1.344 1, N_e' 基因多样性指数(H_e)为 0.220 4,Shannon's 信息指数(I)分别为 0.349 4,多态性百分

表 2 基于花吊丝竹 ISSR 分析引物

Table 2 ISSR primers used to analyze *Dendrocalamus minor var. amoenus* accessions

引物编号 primer	序列 Sequence	退火 温度 $T_m/^\circ\text{C}$	总位点数 Number of bands scored	多态性位点 Number of polymorphic bands	多态条 带百分率 PPB/%
UBC807	(AG) ₈ T	46.4	13	11	84.62
UBC810	(GA) ₈ T	44.9	12	10	83.33
UBC811	(GA) ₈ C	46.7	11	9	81.82
UBC826	(AC) ₈ C	52.6	10	8	80.00
UBC827	(AC) ₈ G	52.9	13	10	76.92
UBC828	(TG) ₈ A	50.8	9	8	88.89
UBC829	(TG) ₈ C	53.2	9	8	88.89
UBC836	(AG) ₈ YA	48.4	13	10	76.92
UBC840	(GA) ₈ YT	47.0	11	9	81.82
UBC844	(GT) ₈ RC	48.6	7	6	85.71
UBC846	(CA) ₈ RT	51.4	9	7	77.78
UBC847	(CA) ₈ RC	53.1	7	6	85.71
总和 Total			124	102	
均值 Mean			10.3	8.5	82.70

比(PPB) = 82.26%。

3 个居群遗传多样性水平:平均等位基因数(N_a) = 1.502 7,平均有效等位基因(N_e) = 1.365 6, N_e' 基因多样性指数(H_e)为 0.206 6,Shannon's 信息指数(I)分别为 0.300 5,多态性百分比(PPB) = 50.27%。福建居群遗传多样性最高,平均等位基因数(N_a) = 1.758 1,平均有效等位基因(N_e) = 1.516 3, N_e' 基因多样性指数(H_e) = 0.298 7,Shannon 多样性指数(I) = 0.438 8,多态性百分比(PPB) = 75.81%;最低是在广东居群,平均等位基因数(N_a) = 1.346 8,平均有效等位基因(N_e) = 1.269 5, N_e' 基因多样性指数(H_e) = 0.149 3,Shannon 多样性指数(I) = 0.215 0,多态性百分比(PPB) = 34.68%(表 3)。

表 3 花吊丝竹居群遗传多样性

Table 3 Genetic diversity between populations of *Dendrocalamus minor var. amoenus*

代号 Pop ID	居群 population	平均等位基因数 N_a	平均有效等位基因 N_e	基因多样性指数 H_e	香农信息指数 I	多态条带百分率 PPB/%
1	福建	1.758 1	1.516 3	0.298 7	0.438 8	75.81
2	广西	1.403 2	1.310 9	0.171 8	0.247 7	40.32
3	广东	1.346 8	1.269 5	0.149 3	0.215 0	34.68
均值 Mean		1.502 7	1.365 6	0.206 6	0.300 5	50.27

2.3 遗传变异分析

3 个居群总的遗传多样性(H_t) = 0.246 9,居群内遗传多样性(H_s) = 0.206 6,根据 Nei's 遗传多样性计算出不同居群分化水平(G_{st}) = 0.163 3,表明

16.33% 的遗传变异存在于居群间,居群内的遗传变异为 83.67%。3 个居群的基因流 N_m 为 2.562 1,说明居群间存在较大基因流,很大程度减少居群间遗传差异(表 4)。

表4 3个居群的 Nei's 遗传多样性变异分析

Table 4 Nei's analysis of genetic variation of the three populations

	居群总遗传多样性 <i>H_t</i>	居群内遗传多样性 <i>H_s</i>	遗传分化水平 <i>G_{st}</i>	基因流 <i>N_m</i>
均值 Mean	0.246 9	0.206 6	0.163 3	2.562 1
标准偏差 SD	0.032 0	0.027 8		

2.4 遗传距离、亲缘关系分析及聚类分析

遗传距离越小则遗传相似系数越大,亲缘关系越近,竹种间的差异程度越小。利用 POPGENE32 软件分析,获得了居群间遗传距离和遗传相似系数。

48 个花吊丝竹种质中,龙岩武平与南宁武鸣之间以及龙岩武平与中山南区之间遗传距离最大为 0.928 5,遗传一致度最小,分化程度最高;而广州从化采样地内的 2 个种质以及东莞塘厦与广州从化之间遗传距离最小为 0,遗传一致度最大,几乎不存在分化现象。最大遗传相似系数为 1(东莞塘厦与广州从化之间以及广州从化采样地内的 2 个种质之间),最小遗传相似系数为 0.395 2(龙岩武平与南宁武鸣之间以及龙岩武平与中山南区之间),结果显示:遗传距离和遗传相似系数保持高度一致,说明花吊丝竹种质中东莞塘厦与广州从化之间的亲缘关系最近,龙岩武平与南宁武鸣之间以及龙岩武平与中山南区之间的亲缘关系最远。

居群水平上,广西地区与广东地区花吊丝竹亲缘关系最近,遗传距离为 0.012 8,遗传相似系数为 0.987 2,亲缘关系最远,遗传距离为 0.100 3,遗传相似系数为 0.904 6。结果显示:居群间存在一定的遗传变异,但变异程度不会很大,具有较高的遗传相似性。

根据遗传距离采用 UPGMA 方法进行聚类,对扩增结果形成的基因型原始数据矩阵,利用 SPSS13.0 软件分析各竹种亲缘关系,建立 ISSR 种质和居群聚类图(图 1、图 2),48 个花吊丝竹种质被划分为 3 组,3 个花吊丝竹居群可分为 2 组。说明 3 种质间和居群间的遗传距离与地理距离及居群间的遗传分化程度无显著相关性。

3 讨论

3.1 ISSR 标记多态性分析

用于本论文的 12 条引物都能扩增较多的多态性位点,尤其是引物 UBC828、UBC829 扩增出的多态性位点占总数的 88.89%,说明不同种质的花吊丝竹之

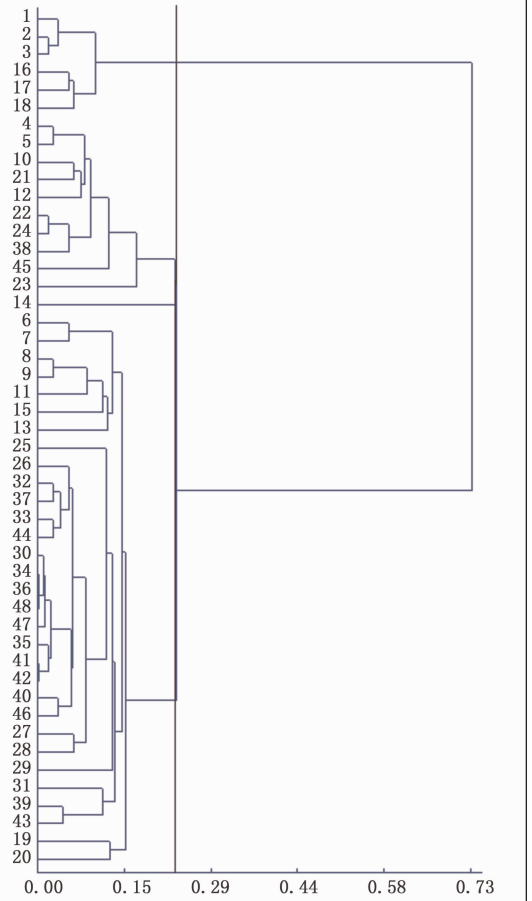


图1 花吊丝竹种质间基于遗传距离的 UPGMA 聚类图

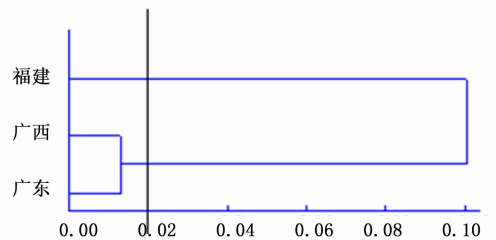
Fig. 1 UPGMA dendrogram of *Dendrocalamus musminor* var. *amoenus* based on genetic distances indicating the clustering relationships of individuals

图2 花吊丝竹居群间基于遗传距离的 UPGMA 聚类图

Fig. 2 UPGMA dendrogram of *Dendrocalamus musminor* var. *amoenus* based on genetic distances indicating the clustering relationships of populations

间存在着丰富的遗传多样性。从遗传学角度看,遗传多样性越大其适应能力越强,进化能力也越强。

3.2 遗传多样性分析

遗传多样性信息是良种选育过程中重要组成部分。本试验发现,花吊丝竹样本遗传多样性高于居群水平,该结果与 Hu 等^[10]研究的野生唐古特大黄植物

种源多态性百分比(*PPB*)为 92.94%,种群 *PPB* 为 46.51% 一致。*Na*、*Ne*、*He*、*I* 和 *PPB* 通常用来评价遗传多样性水平,如花吊丝竹样本遗传多样性水平(*PPB* = 82.26%, *He* = 0.220 4)高于短寿命的多年生植物(*PPB* = 40.00%, *He* = 0.120 0)和复杂交配系统植物(*PPB* = 40.00%, *He* = 0.120 0)^[11]。

在居群水平上,*He* 为 0.149 3 ~ 0.298 7,平均为 0.206 6,这一结果稍高于 Shah 等^[12] 研究喜马拉雅密叶红豆杉的 *He* 值(0.115 6)和多年生植物杏子 *He* 平均值(0.173 8 ± 0.193 0)^[13]。*I* 为 0.215 0 ~ 0.438 8,平均为 0.300 5,明显低于 Alam 等^[14] 对草本植物马齿苋研究的 *I* 值 0.515。*PPB* 为 34.68% ~ 75.81%,平均为 50.27%,这一均值稍低于 Nie 等^[15] 研究的多年生草本植物(*PPB*_s = 55.67%)。因此,综合分析可知,花吊丝竹居群具有较低的遗传多样性水平。在其它植物中依然可以发现较低的遗传多样性水平,如喜马拉雅密叶红豆杉^[16] 和永瓣藤^[17],它们居群的遗传多样性水平低于个体水平。遗传多样性最高的是福建地区,平均等位基因数(*Na*) = 1.758 1,平均有效等位基因(*Ne*) = 1.516 3, *Ne'* 基因多样性指数(*He*) = 0.298 7, Shannon 多样性指数(*I*) = 0.438 8,多态性百分比(*PPB*) = 75.81%,为引种福建居群的花吊丝竹至我国南方漳州东山等沿海沙地提供理论基础。

试验结果表明,花吊丝竹不同居群间的遗传多态性水平有较大差异,并且样本的遗传多样性水平高于居群水平。一方面,植物物种复杂的杂交系统被认为是影响遗传多样性水平的最主要因素^[18];另一方面,主要地理因子纬度与遗传多样性水平有密切关联,温度越高可以促进种子萌发及植物生长,因此,可以增加物种间的遗传多态性水平;但是,花吊丝竹花期至今未有报道,且仅报道的大部分竹亚科植物花期范围为 10 ~ 120 年,并且此物种主要依靠营养生殖来繁衍后代。因此,本试验中,杂交系统不能成为决定遗传多样性水平的影响因子。

因此推断,影响试验结果有三个主要影响因素:第一,花吊丝竹是多年生植物,花期较长,在长期进化过程中可能会引起该物种的遗传多样性;第二,比起小范围分布区物种,广大分布范围物种具有更高的遗传多样性水平和变异程度^[19],本试验研究的花吊丝竹生长地域集中在福建省、广西省和广东省,表明居群的大小与花吊丝竹遗传多样性水平的高低呈正相关;第三,尽管花吊丝竹属于无性繁殖植物,在

长期的进化过程中,经过人工选择、相互引种后,遗传结构发生了能区别与其他居群的变异。

3.3 遗传变异分析

影响植物遗传结构的主要因素包括悠久的进化历程、广泛的地域分布和种群间的基因流动^[20]。一方面,花吊丝竹居群间的遗传分化水平(*Gst* = 0.163 3)与草本植物肿柄菊的遗传分化水平^[21](*Gst* = 0.184 5)和多年生小乔木皂荚的遗传分化水平^[25](*Gst* = 0.252 1)相似,但稍高于李莹莹等^[22] 研究的毛茛科菏泽牡丹遗传分化系数(*Gst* = 0.125 2),表明花吊丝竹居群间存在中等程度的遗传变异。另一方面,花吊丝竹遗传变异主要发生在居群内(83.67%),16.33% 存在于居群间,。因此可推断,地理位置分布对居群间遗传变异程度具有重要影响,且居群内遗传变异程度高于居群间遗传变异程度。此外,复杂的地域地形如距离、孤立的山头,会导致居群间的基因流受到限制,因此,促进居群分化水平^[23]。*Nm* ≥ 1,则能发挥匀质化作用,在一定程度上抵制因遗传漂变而产生的居群遗传分化;*Nm* < 1,则表明基因流受限,遗传漂变可能是导致居群间明显遗传分化的主要原因^[24]。本试验获得花吊丝竹居群间基因流 *Nm* 为 2.526 1,表明花吊丝竹居群间存在较大基因流,很大程度减少居群间遗传差异,导致花吊丝竹居群遗传基础渐渐变窄且居群间遗传分化程度、遗传多样性水平低于居群内。

3.4 遗传距离、亲缘关系分析及聚类分析

遗传距离和遗传相似系数是用来比较群体间或个体间相似程度的重要参数。48 份花吊丝竹种质间遗传距离 *D* 为 0 ~ 0.928 5,说明不同种质间花吊丝竹具有丰富遗传多样性,这也与上述的居群内遗传变异程度高于居群间水平相一致。遗传相似系数为 0.395 2 ~ 1,可以看出,不同居群间的亲缘关系均较近。

不同居群的广东和广西聚为一类,它们间没有明显地理遗传背景,但花吊丝竹种质资源居群遗传结构具有一定的相似性,从研究整体结果看,花吊丝竹居群间亲缘关系与地理距离无明显相关性。分析其原因,可能是由于南方地形地貌复杂以及空间上大尺度隔离,会引起居群间基因流受阻,导致居群间遗传分化。再者,居群在各自封闭、独立的生长空间,可能会导致居群间遗传多样性与地理距离之间相关性不显著。

4 结论

本研究利用 ISSR 分子标记技术揭示了花吊丝竹居群的遗传多样性,该结果反映了花吊丝竹居群较高的遗传多样性水平。(1)ISSR 分析表明:12 条引物对 48 份样品扩增出 124 个位点,多态性位点为 102 个,多态位点百分比(*PPB*)为 82.26%。(2)种质和居群水平 *Ne'* 基因多样性指数(*He*)分别为 0.220 4 和 0.206 6, Shannon's 信息指数(*I*)分别为 0.349 4 和 0.300 5,表明花吊丝竹居群间存在中等水平的遗传变异。(3)花吊丝竹不同居群间分化水平(*Gst*) = 0.163 3,表明 16.33% 的遗传变异存在于居群间,居群内的遗传变异为 83.67%。(4)花吊丝竹居群间的基因流 *Nm* 为 2.562 1,表明花吊丝竹居群间存在较大基因流,很大程度减少居群间遗传差异。(5)根据遗传距离的 UPGMA 聚类结果表明,48 份种质可分为 3 组,3 个居群可分为 2 组,居群间地理距离与亲缘关系无显著相关性。本研究为花吊丝竹防护林的保护策略提供重要的遗传信息。考虑到居群较低遗传多样性水平,引种更多群体的花吊丝竹可以增加它们各自群体间的基因交流和遗传多样性水平。因此,第一步要做的就是防止引种植物受到破坏;第二,优先引种具有较高遗传多样性的花吊丝竹。例如,福建地区的花吊丝竹具有最高的遗传多样性水平,因此,其应该优先引种至沿海沙地,因其具有更强的适应环境能力。

参考文献:

[1] 瞿印权,徐雯,沈露,等. 花吊丝竹 ISSR 反应体系的建立与优化[J]. 河南农业科学, 2017, 46(7): 86-91.

[2] 王娟. 13 种观赏竹种引种驯化研究[J]. 世界竹藤通讯, 2016, 14(5): 17-21.

[3] 张玮,黄树燕,谢锦忠,等. 花吊丝竹组培快繁育苗技术研究[J]. 林业科学研究, 2010, 23(6): 914-919.

[4] 郭子武,李迎春,杨清平,等. 花吊丝竹立竹构件与生物量关系的研究[J]. 热带亚热带植物学报, 2009, 17(6): 543-548.

[5] 邹跃国. 花吊丝竹地上部分生物量分配及立竹生态构件关系特征[J]. 福建林业科技, 2011, 38(1): 6-10.

[6] 申巍,邹跃国,陈森杰. 大头典竹地上部分生长指标与生物量关系研究[J]. 世界竹藤通讯, 2009, 7(4): 8-11.

[7] 池毓章. 大头典竹插枝繁殖研究[J]. 福建农业科技, 2006(6): 62-63.

[8] 陈思凯,瞿印权,杨德明,等. 大头典竹叶片蛋白质组学双向电泳技术体系的优化[J]. 安徽农学通报, 2017, 23(5): 41-44.

[9] 沈少炎,吴玉香,荣俊冬,等. 两种花吊丝竹叶片蛋白提取方法的 2-DE 比较[J]. 福建农林大学学报:自然版, 2017, 46(1): 50-57.

[10] Hu Y P, Li W, Xie X L, et al. Genetic diversity of wild populations of *Rheum tanguticum* endemic to China as revealed by ISSR analysis. [J]. Biochemical Systematics & Ecology, 2010, 38(3): 264-274.

[11] Hu Y P, Bao R, Shi L, et al. Analysis of population structure of *Blysmus sinocompressus* in the Qilian Mountains by ISSR markers [J]. Aquatic Botany, 2016, 134(6): 54-60.

[12] Shah A, Li D Z, Gao L M, et al. Genetic diversity within and among populations of the endangered species *Taxus fuana* (Taxaceae) from Pakistan and implications for its conservation [J]. Biochemical Systematics & Ecology, 2008, 36(3): 183-193.

[13] Liu J, Liao K, Nasir M, et al. Analysis of genetic diversity of the apricot germplasm in the southern region of the Tianshan Mountains in Xinjiang, China using the ISSR technique [J]. European Journal of Horticultural Science, 2016, 81(1): 37-43.

[14] Alam M A, Juraimi A S, Rafii M Y, et al. Genetic diversity analysis among collected purslane (*Portulaca oleracea* L.) accessions using ISSR markers [J]. C R Biol., 2015, 338(1): 1-11.

[15] Nie C, Liu R, Li S, et al. Assessment of *Platycodon grandiflorum* germplasm resources from northern Anhui province based on ISSR analysis [J]. Molecular Biology Reports, 2014, 41(12): 8195.

[16] Shah A, Li D Z, Gao L M, et al. Genetic diversity within and among populations of the endangered species *Taxus fuana* (Taxaceae) from Pakistan and implications for its conservation [J]. Biochemical Systematics & Ecology, 2008, 36(3): 183-193.

[17] Xie G, Wang D, Yuan Y, et al. Population genetic structure of *monimopetalum Chinense* (Celastraceae), an endangered endemic species of Eastern China [J]. Annals of Botany, 2005, 95(5): 773-777.

[18] Godt M J W, Hamrick J L, Edwardsburke M A, et al. Comparisons of genetic diversity in white spruce (*Picea glauca*) and jack pine (*Pinus banksiana*) seed orchards with natural populations [J]. Canadian Journal of Forest Research, 2001, 31(6): 943-949.

[19] Mjw G, Hamrick J L. Genetic diversity and morphological differentiation in *Liatrix helleri* (Asteraceae), a threatened plant species. [J]. Biodiversity & Conservation, 1996, 5(4): 461-471.

[20] Hilfiker K, Holderegger R, Rotach P, et al. Dynamics of genetic variation in *Taxus baccata*: local versus regional perspectives. [J]. Canadian Journal of Botany, 2004, 82(2): 219-227.

[21] Jing Y, Ling T, Guan Y L, et al. Genetic diversity of an alien invasive plant mexican sunflower (*Tithonia diversifolia*) in China [J]. Weed Science, 2012, 60(4): 552-557.

[22] 李莹莹,郑成淑. 利用 CDDP 标记的菏泽牡丹品种资源的遗传多样性 [J]. 中国农业科学, 2013, 46(13): 2739-2750.

[23] 贺小伦,周海峰,袁虹霞,等. 河南和河北冬小麦区假禾谷镰孢的遗传多样性 [J]. 中国农业科学, 2016, 49(2): 272-281.

[24] Wright S. The interpretation of population structure by *f*-statistics with special regard to systems of mating [J]. Evolution, 1965, 19(3): 395-420.

[25] 李伟,林富荣,郑勇奇,等. 10 个南方皂荚群体遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. 林业科学研究, 2017, 30(1): 46-52.

(责任编辑:张研)