



云南木兰科48种野生植物资源的遗传多样性研究

王猛, 彭继庆, 曹基武, 曹福祥, 李娇婕, 薛超, 吴毅

引用本文:

王猛, 彭继庆, 曹基武, 等. 云南木兰科48种野生植物资源的遗传多样性研究[J]. 热带亚热带植物学报, 2020, 28(3): 277–284.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4161>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

琴叶风吹楠资源遗传多样性的AFLP分析

Genetic Diversity of *Horsfieldia pandurifolia* Based on AFLP Markers

热带亚热带植物学报. 2020, 28(3): 271–276 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4162>

19个枇杷杂交新品种(系)的SSR鉴定和指纹图谱构建

Identification and Fingerprint Construction of 19 New Hybrid Varieties (Lines) of Loquat by SSR

热带亚热带植物学报. 2020, 28(2): 153–162 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4131>

香港茜草科植物新记录

New Record of the Rubiaceae Plants for the Flora of Hong Kong

热带亚热带植物学报. 2020, 28(2): 197–200 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4136>

中越带唇兰, 中国带唇兰属(兰科)一新记录种

Tainia acuminata, A Newly Recorded Species of Orchidaceae from China

热带亚热带植物学报. 2020, 28(3): 245–247 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4168>

地被植物对广东常绿阔叶林土壤养分的指示作用

Indicative Effect of Ground Vegetation on Soil Nutrient Status in Evergreen Broad-leaved Forest of Guangdong

热带亚热带植物学报. 2020, 28(2): 115–123 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4105>

云南木兰科 48 种野生植物资源的遗传多样性研究

王猛¹, 彭继庆^{2*}, 曹基武², 曹福祥³, 李娇婕², 薛超², 吴毅²

(1. 西南林业大学林学院, 昆明 650000; 2. 中南林业科技大学生命科学与技术学院, 长沙 410004; 3. 湖南农业大学园林与园艺学院, 长沙 410128)

摘要: 为了解云南省木兰科(Magnoliaceae)野生植物资源的遗传多样性, 利用 ISSR 分子标记技术对 48 种木兰科野生植物资源进行研究。结果表明, 10 对引物共扩增出 151 条条带, 均为多态性条带, 多态性条带百分率为 100%。总的观测等位基因数(N_a)为 2.000 0, 有效等位基因数(N_e)为 1.564 5, Nei's 基因多样性指数(H) 0.337 9, Shannon's 信息指数(I)为 0.510 1。总的基因多样性指数(H_t)为 0.368 0, 属间基因多样性指数(D_{st})为 0.251 9, 占 68.4%, 基因分化系数(G_{st})为 0.684 0, 基因流(N_m)为 0.231 0。UPGMA 聚类分析将 48 种木兰科植物划分为 7 个类群, 各类群并非按照属聚在一起, 而是不同属植物相间分布, 长喙厚朴(*Magnolia rostrata*)、素黄含笑(*Michelia flaviflora*)和球花含笑(*M. sphaerantha*)可能为云南省木兰科植物中的原始种。48 种木兰科野生植物总体具有较高的遗传多样性, 但属间遗传变异较高, 基因流较小, 存在遗传漂变的风险, 聚类结果与刘玉壶的分类系统存在分歧, 这从分子水平为木兰科植物间的起源、进化与分类提供了重要依据。

关键词: ISSR 分子标记; 木兰科; 遗传多样性; 系统进化

doi: 10.11926/jtsb.4161

Studies on Genetic Diversity of 48 Wild Species of Magnoliaceae in Yunnan

WANG Meng¹, PENG Ji-qing^{2*}, CAO Ji-wu², CAO Fu-xiang³, LI Jiao-jie², XUE Chao², WU Yi²

(1. Forest College, South West Forest University, Kunming 650000, China; 2. College of Life Science and Technology, Central South University of Forestry & Technology, Changsha 410004, China; 3. College of Landscape and Horticulture, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China)

Abstract: The genetic diversity of 48 wild species of Magnoliaceae in Yunnan Province were studied by using ISSR molecular markers. The results showed that a total of 151 polymorphic bands were amplified by 10 pairs of primers with percentage of polymorphic bands for 100%. The total observed number of alleles (N_a), effective number of alleles (N_e), Nei's genetic diversity index (H) and Shannon's information index (I) of 48 Magnoliaceae species were 2.000 0, 1.564 5, 0.337 9 and 0.510 1, respectively. The total genetic diversity index (H_t) was 0.368 0, and the intergeneric genetic diversity index (D_{st}) was 0.251 9, accounting for 68.4% of total genetic diversity index. The coefficient of gene differentiation (G_{st}) was 0.684 0 with gene flow (N_m) of 0.231 0. Forty-eight Magnoliaceae species could be divided into 7 groups by UPGMA clustering, which were not consistent with the classification of genera, each cluster was included species of different genera. *Magnolia rostrata*, *Michelia flaviflora* and *M. sphaerantha* might be the ancestors of Magnoliaceae in Yunnan. The 48 Magnoliaceae species in Yunnan province had high genetic diversity in general, but they had high inter-genus genetic variation and small gene flow, which may lead to the risk of genetic drift. Moreover, the clustering results were different from the classification system of Liu Yuhu. So, it would provide an important basis for the origin, evolution and classification of Magnoliaceae at molecular level.

Key words: ISSR molecular marker; Magnoliaceae; Genetic diversity; System evolution

收稿日期: 2019-09-30 接受日期: 2019-12-23

基金项目: 湖南省重点研发计划项目(2016NK2143); 长沙市科技局项目资助

This work was supported by the Projects for Key Research and Development in Hunan Province (Grant No. 2016NK2143), and the Projects in Changsha Science and Technology Bureau.

作者简介: 王猛(1980~), 男, 讲师, 博士研究生, 主要从事经济林和植物分子生物学研究。E-mail: 3638963@qq.com

* 通信作者 Corresponding author. E-mail: pengjiqing17@126.com

木兰科(Magnoliaceae)植物种类多、分布广,其花、果、皮、干均具有广泛用途,是我国园林绿化、药用和材用的重要植物资源,具有较高的经济价值和生态效益。同时,木兰科植物无论在内部结构还是在外部形态方面都有许多原始特征,被认为是被子植物中的原始类群^[1],同时又处在不断发展变化之中,在研究被子植物起源和进化方面具有较高学术价值。长期以来,在木兰科属的划分与合并上始终存在分歧。随着科学技术的进步,人们通过野外调查、标本鉴定到显微观察,从宏观特征到微观特征对木兰科植物分类进行了大量的研究^[2-6],随着分子生物学的发展,RFLP、RAPD、ISSR等分子标记技术^[7-8]、*ndhF*、*matK*、*trnL*和*atpB*等序列^[9-12]、以及叶绿体基因组测序^[13]等都被广泛利用,从分子水平为木兰科系统分类及系统演化提供了一定依据。

ISSR分子标记技术是在SSR分子标记的基础上发展起来的一种新型分子标记方法^[14],在植物分类和品种鉴定上广泛应用。蒋笑丽等^[15]的研究将18种石楠属(*Photinia*)植物聚为5类,与花序分类结果一致;李娟^[16]等对楠属(*Phoebe*)植物种质资源的分析表明,闽楠(*P. bournei*)与桢楠(*P. zhennan*)亲缘关系近,提出应予合并的观点;有祥亮^[17]对泡泡树(*Asimina triloba*)的13个品种及其半同胞家系和6个种源的48个样品进行遗传多样性分析,在相似系数为0.91处的聚类结果与形态分类一致;刘娟等^[18]构建了新疆3个分布区的135个新疆野杏(*Armeniaca vulgaris*)实生株系的核心种质资源谱;巨秀婷^[19]利用ISSR技术对5个新疆野生郁金香(*Tulipa gesneriana*)品种和19个郁金香栽培品种进行分析,结果表明野生品种与栽培品种间具有较远的亲缘关系;彭继庆等^[20-21]开展了绣球属(*Hydrangea*)植物遗传多样性研究和指纹图谱构建,聚类结果为绣球(*H. macrophylla*)和圆锥绣球(*H. paniculata*)品种鉴定提供了依据。由此可见,ISSR分子标记技术为园林植物研究提供了重要的证据。

云南省被认为是木兰科植物的避难所和发源地,汇聚了大量木兰科植物中的古老种和进化种,是研究木兰科植物的良好种源地,在揭示木兰科植物起源、进化和分类等方面具有重要意义。本研究利用ISSR分子标记技术对云南省木兰科野生植物资源开展遗传多样性研究,探讨木兰科植物起源,了解木兰科植物间的亲缘关系,揭示木兰科植物

遗传变异规律,为木兰科植物系统进化和分类提供依据。

1 材料和方法

1.1 材料

根据文献记载和野外调查,在云南省分布有木兰科(Magnoliaceae)野生植物48种,每种植物为1份试验样品,每份样品采集3棵植株上生长状况良好、表面无病虫害和微生物污染的完整叶片组成一个混合样,擦洗干净后放入自封袋中,加入硅胶,及时带回实验室,置于-70℃超低温冰箱中保存备用。

1.2 DNA 提取和检测

木兰科植物基因组总DNA提取采用天根生物科技(北京)有限责任公司的植物基因组DNA提取试剂盒进行提取,经1%的琼脂糖凝胶电泳检测和核酸蛋白分析仪浓度测定后,将样品稀释至30 ng/ μ L,保存于-70℃冰箱,备用。

1.3 ISSR-PCR 扩增

利用哥伦比亚大学设计的100条引物,由上海生工合成后筛选出扩增稳定、条带数量多、背景清晰、分布均匀和多态性良好的10条引物用于木兰科植物遗传多样性研究(表1)。扩增体系和ISSR-PCR扩增程序参考彭继庆等^[22]。将扩增产物经1%的琼脂糖电泳分离,利用凝胶成像系统记录每份样品的电泳图谱。

1.4 数据统计与分析

根据DNA指纹图谱,确定所有样品图谱中扩增条带的位置和大小,清晰、可辨认的条带记为“1”,模糊不清或没有条带记为“0”,建立数据库。利用PopGen32软件包计算遗传多样性指数,利用非加权算术平均聚类(UPGMA)方法和MEGA6软件进行聚类分析。

2 结果和分析

2.1 ISSR-PCR 扩增结果

10条引物对48个木兰科植物进行ISSR-PCR扩增(图1),扩增条带大小为180~3000 bp。10条引物

表 1 ISSR 引物信息

Table 1 Informations of ISSR primers

引物 Primer	序列 Sequence	Tm (°C)	退火温度 (°C) Annealing temperature	扩增条带总数 Total number of amplified bands	多态性条带数 Number of polymorphic band
UBC810	(GA) ₈ T	50	51	11	11
UBC817	(GA) ₈ A	50	50	13	13
UBC818	(GA) G	52	51	16	16
UBC836	(AG) ₈ YA	50	51	16	16
UBC843	(CT) ₈ RA	50	51	15	15
UBC844	(CT) ₈ RC	50	50	17	17
UBC845	(CT) ₈ RG	52	52	14	14
UBC848	(CA) ₈ RG	52	53	16	16
UBC876	GATAGATAGACAGACA	52	53	16	16
UBC895	AGAGTTGGTAGCTCTTGATC	50	53	17	17
总计 Total				151	151

共扩增出 151 条带(表 1), 每条引物平均扩增条带数量为 15.1 条, 多态性条带 151 条, 多态位点百分率为 100.00%, 表明筛选的 10 条引物均具有较好多态性。

2.2 遗传多样性分析

利用 POPGEN 32 软件对 48 种云南省木兰科野生植物资源的遗传多样性进行分析(表 2), 结果表明, 这些物种的多态位点百分率(P)为 100.00%, 观测等位基因数(N_a)为 2.000 0, 有效等位基因数(N_e)

为 1.564 5, Nei's 基因多样性指数(H)为 0.337 9, Shannon's 信息指数(I)为 0.5101, 表明云南省木兰科野生植物资源具有较高的遗传多样性。采集的样品中除含笑属(*Michelia*)、木莲属(*Manglietia*)和木兰属(*Magnolia*)外, 其余 6 属只采集到 1~2 种植物, 因此只分析了含笑属、木莲属和木兰属的遗传多样性。3 属间均具有较高的遗传多样性, 表明含笑属、木莲属和木兰属野生植物对云南环境具有较好的适应性。

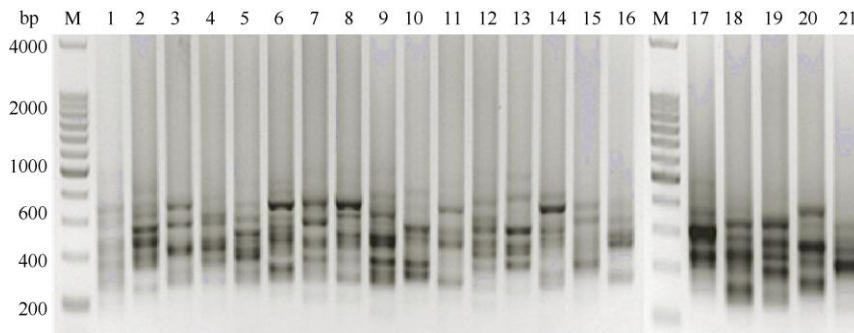


图 1 ISSR-PCR 扩增电泳图。M: 200 bp Ladder DNA Marker; 1~21: 21 种木兰科植物。

Fig. 1 ISSR-PCR amplification electrophoresis. M: 200 bp Ladder DNA Marker; 1-21: 21 species of Magnoliaceae.

表 2 云南木兰科植物基因多样性指数

Table 2 Genetic diversity indexes of Magnoliaceae species in Yunnan

属 Genus	样品数 Sample number	扩增位点总数 Total number of amplified sites	多态位点总数 Total number of polymorphic sites	P/%	Na	Ne	H	I
含笑属 <i>Michelia</i>	17	151	143	94.70	1.947 0	1.508 2	0.309 2	0.470 7
木兰属 <i>Magnolia</i>	8	151	141	93.38	1.933 8	1.534 4	0.320 9	0.484 6
木莲属 <i>Manglietia</i>	16	151	142	94.04	1.940 4	1.462 9	0.287 8	0.444 6
总计 Total	48	151	151	100	2.000 0	1.564 5	0.337 9	0.510 1

P: 多态位点百分率; Na: 观测等位基因数; Ne: 有效等位基因数; H: 基因多样性指数; I: Shannon 多样性指数。

P: Percentage of polymorphic loci; Na: Observational alleles; Ne: Effective alleles; H: Nei's genetic diversity index; I: Shannon's information index.

2.3 种群间遗传进化分析

根据刘玉壶的分类系统^[23], 云南省木兰科 9 属 48 种野生植物资源总的基因多样性指数(H_t)为 0.368 0, 其中属内基因多样性(H_s)为 0.116 3, 属间基因多样性(D_{st})为 0.251 9, 属间的遗传变异占 68.4%, 属内的遗传变异占 31.6%, 属间变异远大于属内变异, 相当于属内变异的 2 倍。基因分化系数(G_{st})为 0.684 0, 表明刘玉壶分类系统中属间存在较大的遗传分化。属间基因流(N_m)为 0.231 0, 远小于 1, 木兰科各属间的基因流较低, 容易出现遗传漂变, 加剧属间遗传分化。

2.4 遗传相似性及其亲缘关系分析

利用 PopGen 32 软件包对 48 个云南省木兰科植物野生资源进行遗传距离和遗传一致度分析, 遗传一致度为 0.443 7~0.715 2, 遗传距离为 0.335 1~0.812 6, 平均遗传距离为 0.535 0。大果木莲(*Manglietia grandis*)与四川含笑(*Michelia szechuanica*)、云南含笑(*M. yunnanensis*)与光叶拟单性木兰(*Parakmeria nitida*)间的遗传一致度最高(0.715 2), 亲缘关系最近, 在生长海拔、树皮和叶形等方面存在相似性。馨香玉兰(*Magnolia odoratissima*)与壮丽含笑(*Michelia lacei*)遗传一致度最低(0.443 7), 表明亲缘关系最远, 彼此间存在较大的差异, 馨香玉兰为灌木或小乔木, 叶椭圆形, 花乳白色, 芳香, 聚合果椭圆体型; 壮丽含笑为乔木, 叶倒卵形, 花白色, 未见聚合果。

基于 UPGMA 法构建云南省木兰科 48 种野生植物资源的亲缘关系树状图(图 2)。聚类结果与刘玉壶分类系统存在较大差异, 并不能够将同属植物归在同一类群, 单种属或寡种属植物在聚类图中相间分布。根据树状图可分为 7 大类, 分别为 I 类(3 种)、II 类(2 种)、III 类(8 种)、IV 类(9 种)、V 类(8 种)、VI 类(6 种)和 VII 类(12 种), 第 I 类包含长喙厚朴(*Magnolia rostrata*)、素黄含笑(*Michelia flaviflora*)和球花含笑(*M. sphaerantha*); 第 II 类包含香子含笑(*Michelia hedyosperma*)和观光木(*Tsoongiodendron odorum*); 第 III 类包括勐仑木兰(*Magnolia menglunica*)、紫玉兰(*M. liliflora*)、馨香玉兰、华盖木(*Manglietiastrum sinicum*)、苦梓含笑(*Michelia balansae*)、多花含笑(*M. floribunda*)、金叶含笑(*M. foveolata*)、篾厂木莲(*Manglietia miechangensis*); 第 IV 类包括红花木莲(*Manglietia insignis*)、桂南木莲

(*M. chingii*)、滇桂木莲(*M. forrestii*)、广西木莲(*M. tenuipes*)、马关木莲(*M. maguanica*)、卵果木莲(*M. ovoidea*)、法斗含笑(*Michelia fadouensis*)、壮丽含笑和凹叶木兰(*Magnolia sargentiana*); 第 V 类包括毛果木莲(*Manglietia ventii*)、亮叶木莲(*M. lucida*)、川滇木莲(*M. duclouxii*)、木莲(*M. fordiana*)、山玉兰(*Magnolia delavayi*)、平伐含笑(*Michelia cavaleriei*)、亮叶含笑(*M. fulgens*)和铜色含笑(*M. foveolata*); 第 VI 类包括四川含笑、南亚含笑(*Michelia doltsopa*)、大果木莲、锈毛木莲(*M. rufibarbata*)、云南拟单性木兰(*Parakmeria yunnanensis*)和滇藏木兰(*Magnolia campbellii*); 第 VII 类可细分为 2 小组, 第 1 小组包含鹅掌楸(*Liriodendron chinense*)、夜香木兰(*Magnolia coco*)、黄心夜合(*Michelia martinii*)、云南含笑、光叶拟单性木兰和长蕊木兰(*Alcimandra cathcartii*), 第 2 小组包含黄花含笑(*Michelia xanthantha*)、合果木(*M. baillonii*)、麻栗坡含笑(*M. chartacea*)、粗梗木莲(*Manglietia crassipes*)、香木莲(*M. aromatica*)和大叶木莲(*M. megaphylla*)。

3 结论和讨论

3.1 遗传多样性

木兰科植物遗传多样性水平表明了其在特定环境中基因的丰富程度, 是木兰科植物适应和进化的遗传基础^[24]。黄丽峰等^[24]利用 ISSR 标记技术研究了木兰科 6 属 20 种植物的遗传多样性, 其多态位点百分率(PPB)为 100%, Nei's 基因多样性(H)为 0.347 7, Shannon 信息指数(I)为 0.521 8。Hua 等^[25]对厚朴(*Magnolia officinalis*)的 28 个种群 666 个样本进行 ISSR 分析, 结果表明 PPB 为 83.2%, H 为 0.342。李剑等^[8]对 21 种木兰科常绿植物进行了 ISSR 分析, PPB 为 99.04%, H 为 0.560 0, I 为 0.380 0。云南省 48 种木兰科植物隶属于 9 属, 其遗传多样性指数与黄丽峰等^[7]的研究结果基本一致, 与 Hua 等^[25]和李剑等^[8]的研究结果差异较大, 可能是与样品采集覆盖度有关, 本研究采集了 9 属 48 种木兰科植物, 与黄丽峰等^[7]的样品覆盖度更近, 更能体现木兰科植物的遗传多样性。有研究表明^[26-28], 分布区较为广泛物种的平均 PPB 为 67.8%、观测等位基因数(N_a)为 2.11、 H 为 0.257 和 G_{st} 为 0.228。本研究结果表明, 云南省 48 个木兰科野生植物资源的 PPB 为 100%、 H 为 0.337 9 和 G_{st} 为 0.684 0, 均高于平均

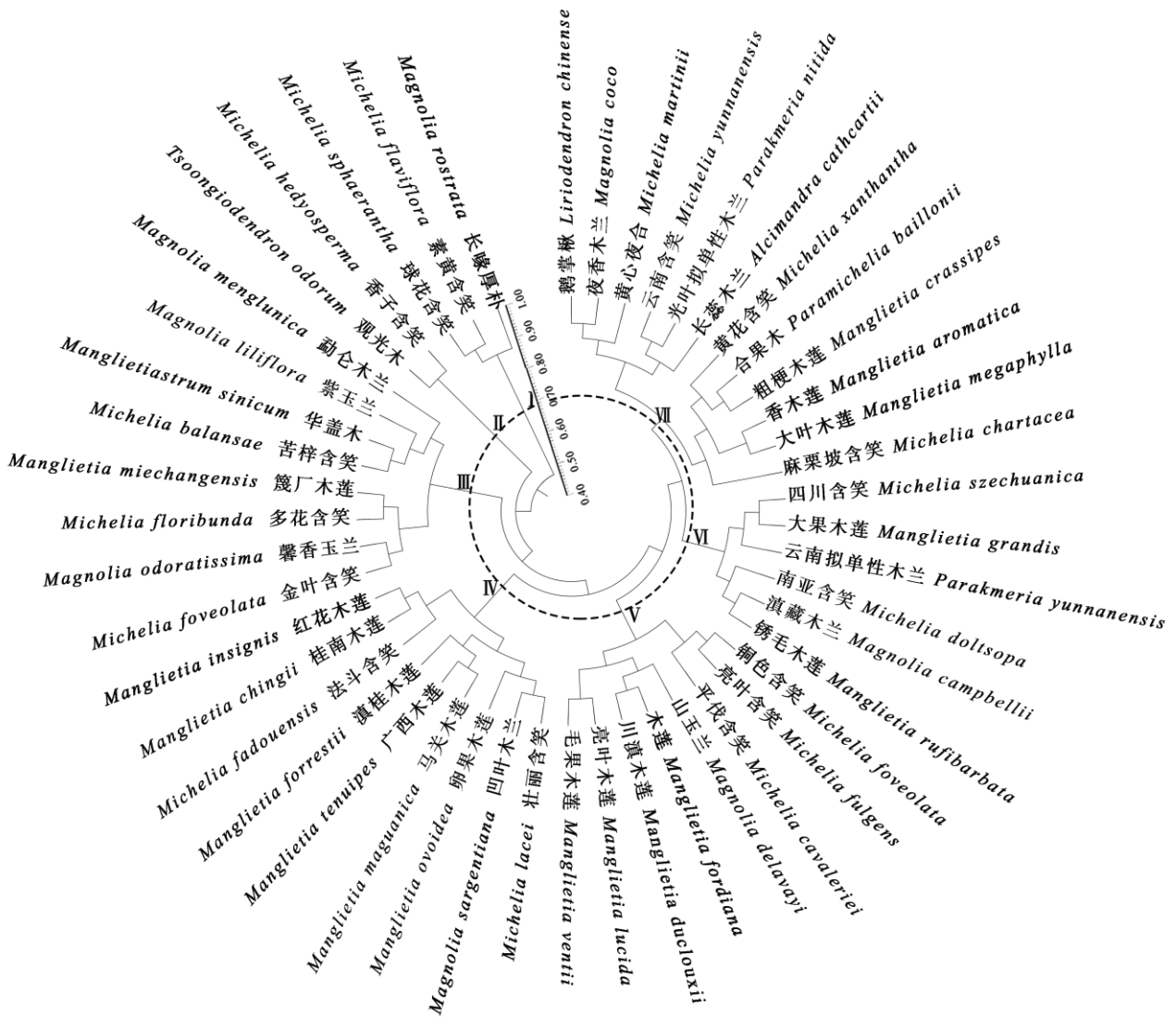


图2 云南省木兰科 48 种植物的 UPGMA 聚类图
 Fig. 2 UPGMA cluster map of 48 species of Magnoliaceae in Yunnan

值，而只有 N_a 为 2.000 0 稍低于平均值，木兰科植物作为广布种，其遗传多样性高于大部分广布种植物，这可能与木兰科植物既有古老种又有进化种，并处于不断进化之中有很大关系。

3.2 种群间的遗传分化

种群遗传变异的大小由植物生活史周期、地理分布范围、繁育系统、演替阶段等因素决定^[29]，种群间的遗传分化程度可以根据遗传分化系数 G_{st} 进行判断^[30]；当 $G_{st} > 0.25$ 时，表示种群间具有非常高分化程度。木兰科 48 种植物的遗传分化系数 G_{st} 为 0.684 0，高于 Nybom^[31] 统计的基于 ISSR 标记的植物平均 G_{st} (0.34)，且有 68.4% 的遗传变异发生在

属间，31.6% 的变异发生在属内，属间变异对整个木兰科植物的遗传变异贡献相对较大，表明木兰科植物属间具有很强的遗传分化趋势。Wright^[30] 和 Hamrick^[26] 认为，种群间基因流 $N_m \geq 1$ ，则能发挥其均质化作用；反之则表明遗传漂变是导致种群间遗传分化的主要原因。云南省木兰科 9 属 48 种野生植物资源的基因流为 0.332 4，说明在物种水平上基因流被限制，各属间的交流小，属间虽存在一定程度的基因交流，但不足以抵制属内遗传漂变而引起的种群分化。木兰科属间的变异可能是由于木兰科植物分布范围较广，导致不同种群所承受的生境选择压力存在较大差异，最终导致属间的遗传分化。

3.3 植物的亲缘关系

根据刘玉壶的分类系统^[23], 云南 48 种木兰科植物分别隶属于木兰族、含笑族和鹅掌楸属植物, 木兰族植物包括木莲属、华盖木属、木兰属、拟单性木兰属和长蕊木兰属; 含笑族植物包括含笑属、合果木属和观光木属。本研究的 UPGMA 聚类结果与刘玉壶的分类系统存在明显差异, 同属植物并未聚为一类, 单种属和寡种属植物与其他属植物相间分布, 含笑属、木兰属和木莲属间存在明显属间交叉现象, 这可能是由于前人对木兰科植物进行分类是以形态特征为基础, 而形态特征是由遗传基础和外界环境共同作用决定的, 而分子标记结果更多体现了遗传基础的相似性, 更能够体现木兰科植物的系统进化特征。黄丽峰等^[7]利用 RAPD 和 ISSR 分子标记技术的研究结果也表明木兰属和含笑属植物有聚类穿插现象, Qiu 等^[32]利用 RFLP 标记技术对木兰科植物叶绿体 DNA 的研究结果表明木兰属与含笑属有交叉现象, Hinsinger 等^[33]利用完整叶绿体基因组序列的研究结果也表明木兰属和含笑属的交叉现象。这都表明木兰属与含笑属具有更近的亲缘关系, 因此, 依靠花顶生和腋生作为木兰属和含笑属划分的主要依据似有不足。Nooteboom 曾提出“含笑属的腋生单花是顶生于侧生段枝上, 其实质也是顶生”的观点^[34], 王明昌等也对以花芽腋生及顶生为分类依据提出过质疑^[35-37]。另外, 木兰属在聚类图中分散分布, 与其他属植物均有交叉, 可能是由于该属几乎包括了木兰科各属的共同特征有关, 聚类结果从遗传基础方面不但解释了木兰科植物外部形态和内部结构具有相似性的原因, 同时也解释其他属(鹅掌楸属除外)都并入过木兰属的原因。长喙厚朴、素黄含笑和球花含笑在聚类图中最先被分出, 可能是木兰科植物中的原始种, 对木兰科植物的起源与进化具有重要作用。

参考文献

- [1] LIU K W, YANG X H. Studies on classification and geographical distribution of Magnoliaceae species in Hunan [J]. J Wuhan Bot Res, 2001, 19(2): 121-127.
刘克旺, 杨旭红. 湖南木兰科植物分类和地理分布的研究 [J]. 武汉植物学研究, 2001, 19(2): 121-127.
- [2] LIN Q, DUAN L D, YUAN Q. Taxonomic notes on the genus *Kmeria* (Pierre) Dandy (Magnoliaceae) [J]. J Wuhan Bot Res, 2005, 23(3): 236-238. doi: 10.3969/j.issn.2095-0837.2005.03.008.
- [3] LIN Q, DUAN L D, YUAN Q, et al. Taxonomic revision of the genus *Parakmeria* Hu & Cheng (Magnoliaceae) [J]. Bull Bot Res, 2006, 26(5): 527-531, 538. doi: 10.7525/j.issn.1673-5102.2006.05.005.
林祁, 段林东, 袁琼, 等. 拟单性木兰属(木兰科)植物的分类学修订 [J]. 植物研究, 2006, 26(5): 527-531, 538. doi: 10.7525/j.issn.1673-5102.2006.05.005.
- [4] SUN W B, ZHOU J. A new proposal on generic division of the Chinese Magnoliaceae [J]. Acta Bot Yunnan, 2004, 26(2): 139-147. doi: 10.3969/j.issn.2095-0845.2004.02.002.
孙卫邦, 周俊. 中国木兰科植物分属的新建议 [J]. 云南植物研究, 2004, 26(2): 139-147. doi: 10.3969/j.issn.2095-0845.2004.02.002.
- [5] BARANOVA M. Systematic anatomy of the leaf epidermis in the Magnoliaceae and some related families [J]. Taxon, 1972, 21(4): 447-469. doi: 10.2307/1219106.
- [6] ZHOU S B, ZOU G S, ZHANG X W, et al. Comparative anatomy of leaves in Magnoliaceae and ITS systematic significance [J]. J Nanjing For Univ, 1996, 20(3): 31-34. doi: 10.3969/j.issn.1000-2006.1996.03.008.
周守标, 邹高顺, 张学武, 等. 木兰科叶结构的比较解剖及其系统学意义 [J]. 南京林业大学学报, 1996, 20(3): 31-34. doi: 10.3969/j.issn.1000-2006.1996.03.008.
- [7] HUANG L F. RAPD and ISSR analysis of 20 species in 6 genera from Magnoliaceae [D]. Fuzhou: Fujian Normal University, 2007: 1-72.
黄丽峰. 木兰科 6 属 20 种植物的 RAPD 和 ISSR 分析 [D]. 福州: 福建师范大学, 2007: 1-72.
- [8] LI J. Analysis of genetic diversity of 21 kinds of Magnoliaceae evergreen plants [J]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2013: 1-43.
李剑. 21 种木兰科常绿植物的遗传多样性分析 [D]. 郑州: 河南农业大学, 2013: 1-43.
- [9] KIM S, PARK C W, KIM Y D, et al. Phylogenetic relationships in family Magnoliaceae inferred from *ndhF* sequences [J]. Amer J Bot, 2001, 88(4): 717-728. doi: 10.2307/2657073.
- [10] WANG Y L, LI Y, ZHANG S Z, et al. The utility of *matK* gene in the phylogenetic analysis of the genus *Magnolia* [J]. Acta Phytotaxon Sin, 2006, 44(2): 135-147. doi: 10.1360/aps040013.
王亚玲, 李勇, 张寿洲, 等. 用 *matK* 序列分析探讨木兰属植物的系统发育关系 [J]. 植物分类学报, 2006, 44(2): 135-147. doi: 10.1360/aps040013.
- [11] WANG Y L, ZHANG S Z, CUI T C. The utility of *trnL* intron and *trnL-trnF* IGS in phylogenetic analysis of Magnoliaceae [J]. Acta Bot Boreali-Occid Sin, 2003, 23(2): 247-252. doi: 10.3321/j.issn:1000-

- 4025.2003.02.010.
- 王亚玲, 张寿洲, 崔铁成. *trnL* 内含子及 *trnL-trnF* 间隔区序列在木兰科系统发育研究中的应用 [J]. 西北植物学报, 2003, 23(2): 247–252. doi: 10.3321/j.issn:1000-4025.2003.02.010.
- [12] ZHAO J H, JIA Q, JIN H T, et al. Evolution analysis of the chloroplast genes *atpB* and *rbcL* of *Magnolia* [J]. J Changchun Norm Univ (Nat Sci), 2014, 33(6): 71–74.
- 赵晶华, 贾倩, 金洪涛, 等. 木兰叶绿体 *atpB* 和 *rbcL* 基因的系统进化分析 [J]. 长春师范大学学报(自然科学版), 2014, 33(6): 71–74.
- [13] SHEN Y M, CHEN K, GU C H, et al. Comparative and phylogenetic analyses of 26 Magnoliaceae species based on complete chloroplast genome sequences [J]. Can J For Res, 2018, 48(12): 1456–1469. doi: 10.1139/cjfr-2018-0296.
- [14] ZIETKIEWICZ E, RAFALSKI A, LABUDA D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification [J]. Genomics, 1994, 20(2): 176–183. doi: 10.1006/geno.1994.1151.
- [15] JIANG X L, ZHANG J H, LI Y X, et al. Genetic diversity analysis of *Photinia* based on ISSR molecular markers [J]. Zhejiang Agric Sci, 2019, 60(4): 636–639. doi: 10.16178/j.issn.0528-9017.20190434.
- 蒋笑丽, 章建红, 李玉祥, 等. 基于 ISSR 分子标记的石楠属植物遗传多样性分析 [J]. 浙江农业科学, 2019, 60(4): 636–639. doi: 10.16178/j.issn.0528-9017.20190434.
- [16] LI J, DONG L J, LIN J Y, et al. The ISSR analysis of *Phoebe* Nees germplasm resources [J]. Mol Plant Breed, 2018, 16(19): 6428–6435. doi: 10.13271/j.mpb.016.006428.
- 李娟, 董利军, 林建勇, 等. 楠木树种种质资源的 ISSR 分析 [J]. 分子植物育种, 2018, 16(19): 6428–6435. doi: 10.13271/j.mpb.016.006428.
- [17] YOU X L, LUO Y L, YIN L J, et al. Development of ISSR markers and analysis of genetic diversity of *Asimina triloba* [J]. For Sci Technol, 2018(11): 3–6. doi: 10.13456/j.cnki.lykt.2018.09.18.0001.
- 有祥亮, 罗玉兰, 尹丽娟, 等. 北美泡泡树 ISSR 标记开发及遗传多样性分析 [J]. 林业科技通讯, 2018(11): 3–6. doi: 10.13456/j.cnki.lykt.2018.09.18.0001.
- [18] LIU J, LIAO K, ZHAO S R, et al. The core collection construction of Xinjiang wild apricot based on ISSR molecular markers [J]. Sci Agric Sin, 2015, 48(10): 2017–2028. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2015.10.014.
- 刘娟, 廖康, 赵世荣, 等. 利用 ISSR 分子标记构建新疆野杏核心种质资源 [J]. 中国农业科学, 2015, 48(10): 2017–2028. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2015.10.014.
- [19] JU X T, PAN A Q, JIANG F J, et al. Genetic diversity of tulip germplasm resource revealed by ISSR markers [J]. Gen Appl Biol, 2018, 38(8): 3667–3674. doi: 10.13417/j.gab.038.003667.
- 巨秀婷, 潘阿青, 蒋福娟, 等. 郁金香种质资源遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 基因组学与应用生物学, 2018, 38(8): 3667–3674. doi: 10.13417/j.gab.038.003667.
- [20] PENG J Q, XU Z G, CAO F X, et al. Study on genetic diversity of varieties of *Hydrangea macrophylla* and *Hydrangea paniculata* by ISSR markers [J]. Jiangsu Agric Sci, 2017, 45(9): 18–22. doi: 10.15889/j.issn.1002-1302.2017.09.005.
- 彭继庆, 徐志高, 曹福祥, 等. 绣球和圆锥绣球品种遗传多样性 ISSR 研究 [J]. 江苏农业科学, 2017, 45(9): 18–22. doi: 10.15889/j.issn.1002-1302.2017.09.005.
- [21] PENG J Q, CAO F X, CAO J W, et al. Genetic diversity and fingerprint construction of varieties of *Hydrangea macrophylla* by ISSR markers [J]. J CS Univ For Technol, 2016, 36(12): 115–120. doi: 10.14067/j.cnki.1673-923x.2016.12.020.
- 彭继庆, 曹福祥, 曹基武, 等. 绣球花品种遗传多样性的 ISSR 分析及指纹图谱构建 [J]. 中南林业科技大学学报, 2016, 36(12): 115–120. doi: 10.14067/j.cnki.1673-923x.2016.12.020.
- [22] PENG J Q, CAO F X, XU R X. Establishment and optimization of ISSR-PCR reaction system of *Mytilaria laosensis* [J]. Chin Agric Sci Bull, 2012, 28(16): 53–59. doi: 10.3969/j.issn.1000-6850.2012.16.010.
- 彭继庆, 曹福祥, 许若娴. 壳菜果 ISSR-PCR 反应体系的建立与优化 [J]. 中国农学通报, 2012, 28(16): 53–59. doi: 10.3969/j.issn.1000-6850.2012.16.010.
- [23] LIU Y H. Flora Republicae Popularis Sinicae, Tomus 30(1) [M]. Beijing: Science Press, 1996: 151–191.
- 刘玉玺. 中国植物志, 第 30 卷第 1 分册 [M]. 北京: 科学出版社, 1996: 151–191.
- [24] DONG Y C. Detection of biological diversity and crop genetic diversity [J]. Plant Var Resour, 1995(3): 1–5. doi: 10.19462/j.cnki.1671-895x.1995.03.001.
- 董玉琛. 生物多样性及作物遗传多样性检测 [J]. 作物品种资源, 1995(3): 1–5. doi: 10.19462/j.cnki.1671-895x.1995.03.001.
- [25] YU H H, YANG Z L, SUN B, et al. Genetic diversity and relationship of endangered plant *Magnolia officinalis* (Magnoliaceae) assessed with ISSR polymorphisms [J]. Biochem Syst Ecol, 2011, 39(2): 71–78. doi: 10.1016/j.bse.2010.12.003.
- [26] HAMRICK J L, GODT M J W, SHERMAN-BROYLES S L. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species [J]. New For, 1992, 6(1): 95–124. doi: 10.1007/BF00120641.
- [27] SUN F, YANG M S, ZHANG J, et al. ISSR analysis of genetic diversity of *Robinia pseudoacacia* populations [J]. J Plant Genet Resour, 2009, 10(1): 91–96.

- 孙芳, 杨敏生, 张军, 等. 刺槐不同居群遗传多样性的 ISSR 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(1): 91–96.
- [28] YANG M S, HERTEL H, SCHNECK V. Allozyme variability of provenance populations of *Robinia pseudoacacia* from Middle Europe [J]. Acta Genet Sin, 2004, 31(12): 1439–1447.
- 杨敏生, HERTEL H, SCHNECK V. 欧洲中部刺槐种源群体等位酶变异研究 [J]. 遗传学报, 2004, 31(12): 1439–1447.
- [29] NYBOM H, BARTISH I V. Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants [J]. Persp Plant Ecol Evol Syst, 2000, 3(2): 93–114. doi: 10.1078/1433-8319-00006.
- [30] WRIGHT S. Evolution in Mendelian populations [J]. Bull Math Biol, 1990, 52(1/2): 241–295. doi: 10.1016/S0092-8240(05)80011-4.
- [31] NYBOM H. Comparison of different nuclear DNA markers for estimating intraspecific genetic diversity in plants [J]. Mol Ecol, 2004, 13(5): 1143–1155. doi: 10.1111/j.1365-294X.2004.02141.x.
- [32] QIU Y L, CHASE M W, PARKS C R. A chloroplast DNA phylogenetic study of the eastern Asia-eastern North America disjunct section *Rytidospermum* of *Magnolia* (Magnoliaceae) [J]. Amer J Bot, 1995, 82(12): 1582–1588. doi: 10.1002/j.1537-2197.1995.tb13861.x.
- [33] MA X, CHEN S Y, ZHANG X Q, et al. Genetic diversity of gliadin in worldwide germplasm collections of *Elymus sibiricus* [J]. Acta Pratacul Sin, 2009, 18(3): 59–66. doi: 10.3321/j.issn:1004-5759.2009.03.009.
- 马啸, 陈仕勇, 张新全, 等. 老芒麦种质的醇溶蛋白遗传多样性研究 [J]. 草业学报, 2009, 18(3): 59–66. doi: 10.3321/j.issn:1004-5759.2009.03.009.
- [34] HINSINGER D D, STRIJK J S. The chloroplast genome sequence of *Michelia alba* (Magnoliaceae), an ornamental tree species [J]. Mitochond DNA Part B, 2017, 2(1): 9–10. doi: 10.1080/23802359.2016.1275850.
- [35] NOOTEBOOM H P. Notes on Magnoliaceae I [J]. Blumea, 1985, 31(1): 65–121.
- [36] WANG M C, MIN C L. A new species of *Magnolia* from Shanxi [J]. Acta Bot Boreali-Occid Sin, 1992, 12(1): 85–86.
- 王明昌, 闵成林. 陕西木兰属一新种 [J]. 西北植物学报, 1992, 12(1): 85–86.
- [37] DING B Z, ZHAO T B, WANG S Y, et al. New species and variations of *Cymbidium* from Henan [J]. J Henan Agric Coll, 1983(4): 6–11. doi: 10.16445/j.cnki.1000-2340.1983.04.002.
- 丁宝章, 赵天榜, 王遂义, 等. 河南木兰属新种和新变种 [J]. 河南农学院学报, 1983(4): 6–11. doi: 10.16445/j.cnki.1000-2340.1983.04.002.