



广东省猴耳环遗传多样性研究

闫晶晶, 王雪鑫, 范春节, 陈祖旭, 李梅, 黄世能

引用本文:

闫晶晶, 王雪鑫, 范春节, 等. 广东省猴耳环遗传多样性研究[J]. *热带亚热带植物学报*, 2021, 29(5): 539–546.

在线阅读 View online: <https://doi.org/10.11926/jtsb.4337>

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

[云南莲瓣兰主栽品种SSR指纹图谱的构建和遗传差异分析](#)

Construction of SSR Fingerprint and Genetic Variance Analysis on *Cymbidium tortisepalum* Cultivars in Yunnan Province
热带亚热带植物学报. 2015(3): 236–244 <https://doi.org/10.11926/j.issn.1005-3395.2015.03.002>

[基于表型性状和SSR标记的57份辣椒种质遗传多样性分析](#)

Genetic Diversity Analysis of 57 Germplasms of *Capsicum annuum* Based on Phenotypic Traits and SSR Markers
热带亚热带植物学报. 2020, 28(4): 356–366 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4185>

[海南岛油茶种质资源遗传多样性的SRAP分析](#)

Genetic Diversity Analysis of *Camellia oleifera* Resources Based on SRAP Markers in Hainan Island
热带亚热带植物学报. 2019, 27(6): 659–668 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4027>

[云南木兰科48种野生植物资源的遗传多样性研究](#)

Studies on Genetic Diversity of 48 Wild Species of Magnoliaceae in Yunnan
热带亚热带植物学报. 2020, 28(3): 277–284 <https://doi.org/10.11926/jtsb.4161>

[硬核资源遗传多样性的AFLP分析\(英文\)](#)

Genetic Diversity of *Scleropyrum wallichianum* Based on AFLP Markers
热带亚热带植物学报. 2019, 27(1): 29–35 <https://doi.org/10.11926/jtsb.3908>

[向下翻页，浏览PDF全文](#)

广东省猴耳环遗传多样性研究

闫晶晶^{1,2}, 王雪鑫¹, 范春节¹, 陈祖旭¹, 李梅¹, 黄世能^{1*}

(1. 中国林业科学研究院热带林业研究所, 广东 广州 510520; 2. 南京林业大学, 江苏 南京 210037)

摘要: 为了解猴耳环(*Archidendron clypearia*)种质资源的遗传多样性, 以广东省 12 个野生猴耳环群体的 146 份种质资源为材料, 采用 SSR 分子标记技术对其遗传多样性和亲缘关系进行分析。结果表明, 21 对 SSR 引物共检测到 249 个等位基因, 平均每对 SSR 引物检测的等位基因数(N_a)为 11.857, 有效等位基因数(N_e)为 3.500, 期望杂合度(H_e)为 0.718, 多态信息含量(PIC)为 0.676; 12 个群体中博罗群体的 Shannon 多样性指数($I=0.528$)和有效等位基因数($N_e=0.716$)均最大, 是遗传多样性最丰富的群体; 群体间的遗传分化系数为 0.071, AMOVA 分析表明, 猴耳环的遗传变异主要在群体内(97%), 群体内的遗传分化大于群体间。聚类分析表明, 遗传系数在 0.16 时, 可将 12 个群体分为 6 大类, 与主坐标分析的结果大致相同。这为发掘、利用与保护猴耳环群体种质资源, 开展猴耳环优良品种的遗传育种提供重要的理论依据。

关键词: 猴耳环; SSR; 遗传多样性; 聚类分析

doi: 10.11926/jtsb.4337

Genetic Diversity of *Archidendron clypearia* in Guangdong Province

YAN Jingjing^{1,2}, WANG Xuexin¹, FAN Chunjie¹, CHEN Zuxu¹, LI Mei¹, HUANG Shineng^{1*}

(1. Research Institute of Tropical Forestry, Chinese Academy of Forestry, Guangzhou 510520, China; 2. Nanjing Forestry University, Nanjing 210037, China)

Abstract: In order to understand the genetic diversity of *Archidendron clypearia* germplasm resources, the genetic diversity and relatedness of 146 individuals from 12 wild populations in Guangdong Province were studied by using SSR molecular marker technology. The results showed that a total of 249 alleles were detected by 21 pairs of SSR primers with an average alleles (N_a) of 11.857, the effective number of alleles (N_e) of 3.500, as well as expected heterozygosity (H_e) of 0.718, and polymorphism information content (PIC) of 0.676. The Shannon diversity index ($I=0.528$) and effective number of alleles ($N_e=0.716$) of Boluo population were the highest among 12 populations, which is the most genetically diverse population. The coefficient of genetic differentiation among populations was 0.071, and the genetic variation of *A. clypearia* was mainly within populations (97%), and the genetic differentiation within populations was greater than that among populations. Meanwhile, the cluster analysis showed that the 12 populations could be divided into 6 types according to genetic coefficient of 0.16, which was similar to that of principal coordinate analysis. So, these would provide an important theoretical basis for the exploitation, utilization, and protection of *A. clypearia* germplasm resources, and genetic breeding of fine variety.

Key words: *Archidendron clypearia*; SSR; Genetic diversity; Cluster analysis

猴耳环 (*Archidendron clypearia*) 为含羞草科 (Mimosaceae) 猴耳环属植物, 常绿乔木, 是我国南方重要的中药材树种^[1-2], 其根、叶、果实、嫩枝均可入药, 功用相同。具有抗菌、消炎、抗病毒、

收稿日期: 2020-11-16 接受日期: 2021-01-08

基金项目: 广东省林业科技创新项目(2017KJCX004); 中国林业科学研究院基本科研业务费专项资金(CAFYBB2018SY019)资助

This work was supported by the Project for Forestry Science and Technology Innovation in Guangdong (Grant No. 2017KJCX004); and the Special Project for Basic Scientific Research of Chinese Academy of Forestry (Grant No. CAFYBB2018SY019).

作者简介: 闫晶晶, 研究方向为非木质林产品。E-mail: 770149131@qq.com

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

抗肿瘤等作用, 被现代医药界称为“绿色抗生素”^[3-5]。近年来, 人类活动的干扰对猴耳环天然资源及其生境造成了严重破坏, 大面积的砍伐和改造天然林使得猴耳环逐渐退化成劣势树种, 原有的一些分布区内已不见其踪影, 再加上气候的改变和环境的恶化, 野生种群资源不断减少, 严重威胁野生猴耳环的生存和生长^[6-7]。因此, 开展野生猴耳环遗传多样性研究对该植物的保护具有重要的理论和现实意义。

SSR (simple sequence repeats) 分子标记是近年来发展起来的一种以特异引物 PCR 为基础的分子标记技术, 具有重复性好、多态性高、稳定性强等优点, 是育种研究中重要的遗传标记方法之一^[8], 已广泛应用于药用植物品种图谱构建、种质资源评价与鉴定、种群遗传多样性分析、分子辅助育种等研究。胡文舜等^[9]对新育成的 19 个枇杷 (*Eriobotrya japonica*) 杂交品种 (系) 进行了 SSR 标记鉴定分析, 建立了 24 份枇杷品种的分子指纹图谱; 李洪果等^[10]对 868 份杜仲 (*Eucommia ulmoides*) 种质资源进行了 SSR 遗传多样性分析, 表明其群体具有较高的遗传多样性水平; 朱巧等^[11]对黄精属 (*Polygonatum*) 的 6 种植物进行了 SSR 遗传差异分析, 推测西部地区

可能是我国黄精属植物的起源中心。SSR 分子标记技术为中药资源的种质鉴定提供了新思路, 是快速有效的药用植物鉴定方法^[12]。目前, 采用分子标记技术对猴耳环属植物进行研究较少, 赵经华^[13]利用 DNA 条形码技术, 对不同产地的猴耳环、亮叶猴耳环 (*A. lucidum*) 和薄叶猴耳环 (*A. utile*) 进行了分类。

本研究首次利用开发的 SSR 引物对野生猴耳环遗传多样性进行研究, 以期全面揭示广东省天然猴耳环群体的遗传多样性及其群体间的遗传分化, 了解各群体之间的亲缘关系, 为猴耳环种质资源的保护及合理利用提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材料

于 2019 年 10 月开始对广东省野生猴耳环进行资源调查和样品采集, 共收集到 12 个野生猴耳环群体 (表 1)。每个群体采集嫩叶, 采用变色硅胶迅速脱水干燥, 装入自封袋中, 带回实验室, -20°C 低温冰箱保存, 用于 DNA 提取。群体内个体间隔不少于 50 m, 对于数量较少的群体, 采集全部个体。

表 1 野生猴耳环群体信息

Table 1 Information of *Archidendron clypearia* populations in Guangdong

编号 Code	产地 Location	纬度 (N) Latitude	经度 (E) Longitude	海拔 Altitude (m)	数量 Number
ZC	增城 Zengcheng	23°20'	113°44'	4~100	13
QX	清新 Qingxin	23°47'	113°02'	200~250	11
DYS	大瑶山区 Dayao Mountain	24°06'	113°17'	180~305	9
TS	台山 Taishan	22°01'	112°28'	10~60	5
DH	鼎湖山 Dinghu Mountain	23°10'	112°32'	30~140	26
FK	封开 Fengkai	23°28'	111°26'	35~85	9
XF	新丰 Xinfeng	24°05'	114°09'	380~460	11
LM	龙门 Longmen	23°29'	114°03'	80~300	10
BL	博罗 Boluo	23°18'	114°25'	20~270	24
HD	花都 Huadu	23°31'	113°11'	80~220	11
CA	潮安 Chaoan	23°52'	116°35'	480~560	7
LH	惠东 Huidong	23°11'	114°16'	188~277	10

1.2 DNA 提取和 PCR 的扩增

采用改良的 CTAB 法^[14]提取猴耳环叶片的 DNA, 用 1.2% 琼脂糖凝胶电泳对 DNA 进行检测, 选取条带清晰明亮的 DNA 样品置于 -20°C 冰箱保存备用。

利用课题组前期开发的 21 个标记 (待发表, 引物信息见表 2) 对所有个体进行 PCR 扩增和检测。

SSR 引物由北京擎科生物科技有限公司广州分公司合成。

PCR 反应体系为 10.0 μL , 包含模板 DNA 0.5 μL , 正反向引物各 0.5 μL , $2\times\text{Taq PCR Mix}$ 聚合酶 5 μL , ddH₂O 3.5 μL 。PCR 扩增程序为: 94°C 预变性 2 min; 然后 94°C 变性 30 s, 56°C 退火 30 s, 72°C 延伸 30 s,

共 30 个循环;最后 72℃ 延伸 10 min, 4℃ 保存。PCR 扩增产物由北京擎科生物科技有限公司通过 3730XL 自动测序仪(ABI Co., Foster, CA, USA)进行检测。

1.3 数据统计分析

采用 GeneMarker V.2.2.0 软件^[15]判读电泳结果并统计,用 CERVUS 3.0.7 软件^[16]计算各 SSR 位点的观测等位变异数(N_a)、观测杂合度(H_o)、期望杂

表 2 21 对 SSR 引物信息和遗传多样性参数

Table 2 Information and genetic diversity parameters of 21 SSR primers

SSR	引物序列 Primer sequence (5'~3')	N_a	N_e	H_o	H_e	I	PIC
ARCeSSR266	F: GGATCATAATGGAATGGAGCA R: CCCTTTCTGGTGGAAAGTTG	12	3.302	0.747	0.732	1.394	0.697
ARCeSSR438	F: CTCTTCCCTGCTTCTCTT R: GGTGTTTTGGGTCTTCTTCA	10	2.983	0.558	0.709	1.233	0.664
ARCeSSR288	F: GAGCGCGCAGAGACATACA R: TAGAAGGAACACGGGTTTG	8	1.875	0.469	0.49	0.771	0.417
ARCeSSR6	F: ATTGATGCTGCAGGAACAG R: CCAGTTTCATTTGGCTCCAT	7	3.597	0.740	0.747	1.374	0.703
ARCeSSR296	F: CTACGGACAGCAATCATGGA R: TTCGCAACAGGAAGGCTTAT	11	4.540	0.857	0.848	1.612	0.827
ARCeSSR285	F: GCCAATACCACTGACACCAA R: CTTTTACCATTAGGCCATGT	21	4.706	0.788	0.832	1.680	0.810
ARCeSSR304	F: CATCATGCTGGAGGTGAGAA R: CAGCAAAGAGGCCAACATTT	15	4.882	0.813	0.848	1.769	0.828
ARCeSSR447	F: GCTGGCCATCAAACCTAAT R: TATGGCATGGGAAGATGGT	12	4.406	0.753	0.818	1.593	0.791
ARCeSSR366	F: TGAATTCTGCACAAAACGA R: TAGCCGACCTCACCTAGTGG	11	4.458	0.808	0.806	1.600	0.775
ARCeSSR340	F: TCGGAGCAGTAAAGCACCTC R: CATGAGGTGTGGCTCAATGT	9	2.483	0.531	0.613	1.070	0.563
ARCeSSR387	F: TGGCAAGATCCCTTTCTTCA R: TTTTCGACAGAGCACAAATGG	10	2.452	0.287	0.620	1.090	0.579
ARCeSSR499	F: TTGGCACACTGCTCTTCTTC R: CCTACCAAGATTGACCAAGGA	5	2.639	0.600	0.660	1.017	0.589
ARCeSSR415	F: CACACCAGAGGGAGCAATCT R: GCCATCCCTTCTTCTTCA	6	1.857	0.607	0.478	0.714	0.401
ARCeSSR649	F: GCCATTCTGTCCAAGAAGGT R: TTCATCTTGGGAAGGCAATC	17	3.094	0.542	0.705	1.331	0.660
ARCeSSR425	F: CCCTTAAACAACATGGATTGG R: GTCAAGCGTTTTGGGTGAGT	15	2.443	0.583	0.613	1.125	0.587
ARCeSSR665	F: CTGAGCCATCTTCAACC R: TTGGCATGGTCCTTCTTAC	21	5.147	0.759	0.847	1.839	0.832
ARCeSSR141	F: GGAATGGAATCAGACCCTTG R: TGTTTCATGGAGAATGGCAAA	7	3.238	0.718	0.737	1.246	0.685
ARCeSSR474	F: TGCAATCCATGTAGCCAATC R: TGCACATCATCTATTCTGGA	14	2.262	0.542	0.630	0.959	0.559
ARCeSSR75	F: GGGACACCTTGAGTGTACTGC R: AGATCGAAATTTGCACATGG	6	2.718	0.639	0.686	1.108	0.622
ARCeSSR95	F: CACAATTGAGCAAGGAATGG R: GGGATACAGCAGGACAGGAA	23	7.298	0.845	0.920	2.106	0.911
ARCeSSR464	F: AACCTCCATCTTCTCTCTCT R: GCAGAGTTCTGAGGAGCTAGTTT	9	3.112	0.636	0.731	1.293	0.691

N_a : 等位基因数目; N_e : 有效等位基因数目; H_o : 观测杂合度; H_e : 期望杂合度; I : Shannon 多样性指数; PIC : 多态信息含量。下表同。

N_a : Number of alleles; N_e : Effective number of alleles; H_o : Observed heterozygosity; H_e : Expected heterozygosity; I : Shannon information index; PIC : Polymorphic information content. The same is following Tables.

合度(He)、多态信息含量(PIC),用 GenALEx 6.5.1^[17] 计算位点有效等位变异数(Ne)、Shannon 多样性指数(I)和群体的 Na 、 Ne 、 Ho 、 He 、 I 、固定指数(F)等,同时进行分子方差分析(analysis of molecular variance, AMOVA)、计算各群体遗传距离与地理距离,并进行 mantel 相关性检验。采用 NTSYS-PC 2.0 软件^[18]基于 Nei 氏遗传距离进行 UPGMA 聚类分析,构建树状聚类,基于遗传距离矩阵进行主坐标分析(principal coordinates analysis, PCoA),构建二维平面、三维空间分布图。

2 结果和分析

2.1 SSR 引物的多态性和群体遗传多样性分析

采用 SSR 标记对 146 份猴耳环种质资源的遗传多样性进行分析,21 对 SSR 引物共检测到 249 个等位基因(表 2),引物的等位基因数(Na)为 5~23 个,平均每对引物扩增出 11.86 个等位基因,有效等位基因数(Ne)为 1.857~5.147, Shannon 多样性指数(I)为 0.714~2.106,观测杂合度(Ho)为 0.287~0.857,期望杂合度(He)为 0.478~0.920,多态信息含量(PIC)为 0.401~0.911。

表 3 12 个猴耳环群体的遗传多样性参数

Table 3 Genetic diversity parameters of 12 *Archidendron clypearia* population

群体 Population	Na	Ne	I	Ho	He	固定化指数 Fixation index (F)
HD	5.143	3.403	1.273	0.635	0.639	0.000
DYS	4.714	3.165	1.240	0.619	0.639	0.026
CA	4.476	3.176	1.208	0.633	0.625	-0.023
QX	5.571	3.719	1.379	0.681	0.675	-0.020
TS	3.762	3.047	1.160	0.769	0.643	-0.210
LM	5.476	3.658	1.390	0.710	0.688	-0.036
XF	4.810	3.294	1.263	0.629	0.650	0.053
FK	4.905	3.144	1.246	0.709	0.633	-0.133
BL	7.238	4.167	1.528	0.676	0.716	0.053
LH	5.476	3.382	1.338	0.598	0.663	0.110
DH	7.571	4.021	1.520	0.652	0.703	0.077
ZC	6.190	3.817	1.414	0.638	0.674	0.058
平均 Mean	5.444	3.500	1.300	0.662	0.662	-0.004

2.2 猴耳环群体的遗传分化

基于 21 对 SSR 引物对猴耳环群体的分化系数和基因流(Nm)进行分析。结果表明,基因流在不同引物位点间差异较大, Nm 为 1.654~8.019,平均为 3.536,表明猴耳环群体间存在适度的基因交流,基因交流能够促进居群发生基因分化。猴耳环群体间

从表 3 可见,猴耳环群体的 Na 、 Ne 、 I 、 Ho 、 He 、 F 分别为 3.762~7.571、3.047~4.167、1.160~1.528、0.598~0.769、0.625~0.716 和 -0.210~0.110。

He 和 I 能较好地度量群体的变异程度与遗传多样性。12 个猴耳环群体的 He 为 BL>DH>LM>QX>ZC>LH>XF>TS>DYS≥HD>FK>CA; I 值为 BL>DH>ZC>LM>QX>LH>HD>XF>FK>DYS>CA>TS。总体来看,博罗群体的遗传多样性最高,潮安群体相对较低。不同猴耳环群体间的遗传多样性存在较大差异,鼎湖群体的猴耳环资源份数最多,但遗传多样性水平并不是最高,遗传多样性水平与样本数量无关^[19]。有效等位基因数(Ne)能够反映群体的遗传变异,当 Ne 值越接近等位基因数(Na)值时,等位基因在群体中的分布就越均匀^[20]。台山群体的有效等位基因数与等位基因数接近,说明等位基因在群体中分布较均匀,其余群体的差异较大,等位基因存在极端值。固定系数 F 是随机交配下群体内观测杂合度和期望杂合度的偏离值,当 $F>0$ 时,表示该群体在该位点杂合子不足; $F<0$ 时,表示杂合子过剩^[10]。潮安、清新、台山、龙门、封开 5 个群体的 $F<0$,表明杂合子过剩,大瑶山、新丰、博罗、惠东、鼎湖、增城群体的 $F>0$,表明杂合子不足。

的平均遗传分化系数(F_{st})为 0.071,平均近交系数(F_{it})为 0.069,表明群体间既存在一定程度的变异,群体内还存在一定程度的近交。AMOVA 分析表明(表 4),猴耳环群体内的遗传变异达 97%,群体间的遗传变异仅 3%,说明猴耳环群体内遗传分化大于群体间的分化。

表 4 基于 SSR 的猴耳环群体分子变异分析(AMOVA)

Table 4 AMOVA analysis on SSR loci of *Archidendron clypearia* populations

变异来源 Source of variation	自由度 Degree of freedom	离差平方和 Sum of squares	均方 Mean square	变异组成 Variation composition	%
群体间 Between population	11	253.445	23.04	0.561	3
群体内 Within population	134	2 193.541	16.37	16.370	97
总变异 Total	145	2 446.986		16.931	

2.3 聚类分析和主坐标分析

群体间的遗传一致度和遗传距离可以判断群体间的亲缘关系, 遗传一致度数值越大, 表明亲缘关系越近, 而遗传距离越小, 其亲缘关系越近。从表 5 可知, 遗传一致度最大是 TS 群体和 CA 群体, 为 0.380, 其遗传距离也最小, 为 0.684, 表明 TS 群体

与 CA 群体的亲缘关系较近。遗传一致度最小的是 DH 群体与 BL 群体, 仅 0.065, 其遗传距离也最大, 为 0.937, 表明 DH 群体与 BL 群体的亲缘关系较远。

对 12 个猴耳环群体间的遗传距离与地理距离矩阵进行 Mantel 检验, 结果表明遗传距离与地理距离的相关关系不显著($r=0.013, P=0.330$)。

表 5 猴耳环群体间的遗传一致度和遗传距离

Table 5 Genetic identity and genetic distance among populations of *Archidendron clypearia*

	HD	DYS	CA	QX	TS	LM	XF	FK	BL	LH	DH	ZC
HD		0.805	0.833	0.858	0.768	0.849	0.820	0.802	0.899	0.863	0.912	0.883
DYS	0.217		0.759	0.863	0.759	0.853	0.814	0.810	0.856	0.818	0.872	0.813
CA	0.183	0.276		0.834	0.684	0.818	0.791	0.802	0.871	0.830	0.837	0.819
QX	0.153	0.147	0.182		0.786	0.887	0.842	0.871	0.914	0.885	0.905	0.864
TS	0.264	0.276	0.380	0.241		0.809	0.775	0.746	0.827	0.778	0.826	0.785
LM	0.163	0.159	0.201	0.120	0.212		0.881	0.860	0.909	0.842	0.892	0.853
XF	0.198	0.206	0.235	0.172	0.255	0.126		0.814	0.882	0.815	0.882	0.819
FK	0.221	0.211	0.221	0.138	0.292	0.151	0.205		0.860	0.804	0.846	0.790
BL	0.107	0.155	0.138	0.090	0.191	0.096	0.125	0.151		0.909	0.937	0.919
LH	0.148	0.201	0.187	0.122	0.251	0.171	0.205	0.218	0.096		0.884	0.895
DH	0.092	0.137	0.178	0.100	0.191	0.114	0.125	0.168	0.065	0.124		0.916
ZC	0.124	0.207	0.200	0.146	0.242	0.159	0.200	0.236	0.085	0.111	0.088	

左上角为遗传一致度, 右下角为遗传距离; HD、DYS、CA、QX、TS、LM、XF、FK、BL、LH、DH 和 ZC 见表 1。以下图表同。

Above diagonal is genetic identity, below diagonal is genetic distance; HD, DYS, CA, QX, TS, LM, XF, FK, BL, LH, DH 和 ZC see Table 1. The same is followed Figures and Tables.

使用 NTSYS-PC 2.1 基于 Nei 氏遗传距离对猴耳环 12 个群体进行 UPGMA 聚类分析(图 1), 结果表明, 在遗传相似系数为 0.16 时, 可将猴耳环 12 个群体分为 6 个类群。第 1 类群包括花都、博罗、鼎湖、增城、惠东、清新、龙门 7 个群体, 在遗传系数为 0.13 时可将第 1 类群分为 2 个亚类, 花都、博罗、鼎湖、增城、惠东聚为第 1 亚类, 且博罗与鼎湖群体的遗传关系较近, 在系数为 0.07 时聚在一起, 清新、龙门聚为第 2 亚类。新丰、大瑶山、封开、潮安、台山分别聚为第 2、3、4、5、6 类群。台山群体在遗传系数为 0.25 时就最先与其他群体区分, 单独聚为一类, 说明台山群体与其他群体的亲缘关系较远。

使用 NTSYS-PC 2.1 对猴耳环群体遗传距离矩阵进行了中心化处理, 形成群体分布的三维、二维图(图 2)。主坐标分析结果表明, 12 个群体被明显的分为 4 个类群, 台山群体为第 1 类, 潮安群体为第 2 类, 惠东、花都、增城、鼎湖、博罗聚为第 3 类, 龙门、大瑶山、封开、清新、新丰聚为第 4 类。主坐标分析的分组趋势与 UPGMA 聚类大致相同, 鼎湖、博罗群体位于图形相对中心的区域, 表明其与各群体之间的遗传关系都不太远。

3 结论和讨论

本研究对广东省 12 个猴耳环群体 146 株个体

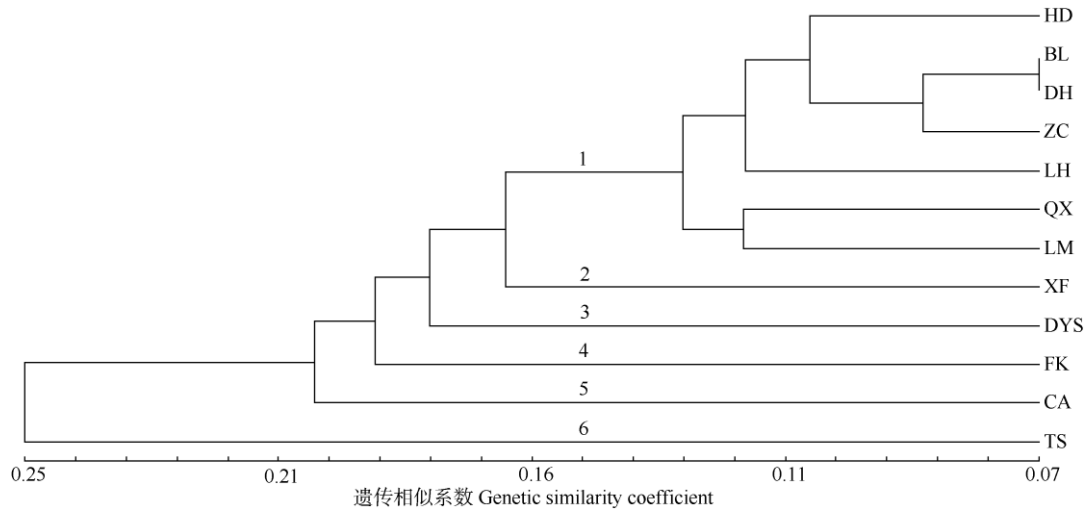


图1 猴耳环 12 个群体的 UPGMA 树

Fig. 1 UPGMA tree of 12 *Archidendron clypearia* populations

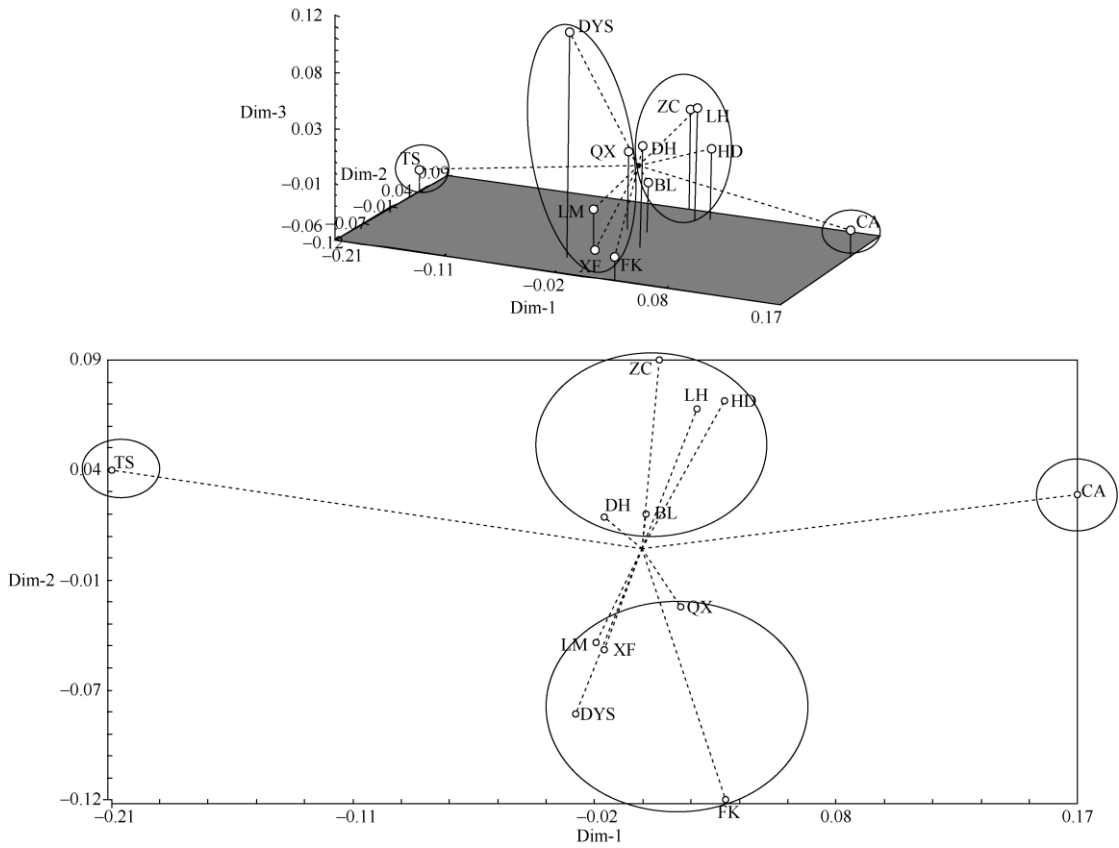


图2 猴耳环 12 个群体的主坐标二维、三维分析

Fig. 2 Two- and three-dimensions of PCoA for 12 *Archidendron clypearia* populations

进行遗传多样性分析，结果表明猴耳环群体的遗传多样性水平较高，12 个群体的平均期望杂合度为 0.662，与其他多年生植物的平均期望杂合度(0.68)相当，且高于 Nybom^[21]基于微卫星分析的期望杂合度平均值(0.61±0.22)，表明野生猴耳环群体有着丰

富的遗传多样性，含有较高的遗传多样性水平。

有研究表明，自交和混合育种的分类群多样性显著低于异交分类群，异交、广布的植物通常具有较高的遗传多样性^[22]。猴耳环作为乔木速生树种，虽可进行实生苗繁殖且种子的萌发力强，但萌发的

幼苗会在 1~2 a 内相继死亡, 林内极少发现幼树^[23], 使得其遗传关系并未发生改变, 仍然保存了其较高的遗传多样性。博罗群体与鼎湖群体的遗传多样性高, 台山群体与潮安群体的遗传多样性低, 这可能与台山群体与潮安群体林内有采伐现象有关, 而鼎湖群体与博罗群体因位于国家自然保护区内, 植被生境完好, 无采伐现象, 保存了较高的遗传多样性, 可见人为干扰也可对种质资源的遗传多样性产生影响^[24]。

本研究中野生猴耳环群体的 F_{st} 为 0.070, 表明群体间的遗传分化趋于稳定, 物种的群体间存在中等程度的遗传分化^[25]。这与 AMOVA 分析结果一致, 猴耳环 97% 的遗传变异发生在群体内, 群体间几乎没有遗传分化。猴耳环主要依靠水媒、虫媒传播, 流动的水源可以将其种子带到水源流经的任何地方, 猴耳环的种子是黑叶猴和白头叶猴的主要觅食食物之一, 当动物觅食行为发生, 就会产生传播, 促进了群体之间的基因交流^[26-28], 使群体间的遗传分化水平不显著。这种随机因素可能也是野生猴耳环群体的遗传距离和地理距离没有显著相关性的主要原因。

本研究基于 SSR 分子标记分析表明, 猴耳环群体的遗传多样性较高; 群体间的基因流动性较大, 遗传交流水平高; 群体间的遗传分化程度低, 遗传变异小, 短期内不会发生新的遗传分化; 遗传变异主要发生在群体内, 群体间仅占 3%, 在对其遗传多样性进行保护时, 可以保存其较大种群。但随着生境破坏和人为大量的砍伐, 保护野生猴耳环种质资源刻不容缓, 对猴耳环资源进行人工栽植和扩大繁殖, 将有利于保持野生猴耳环的遗传多样性和防止种群衰退, 为野生猴耳环种质资源的保存与利用奠定坚实的基础。

参考文献

- [1] WU D L. Flora of Guangdong, Vol. 5 [M]. Guangzhou: Guangdong Science and Technology Press, 2003: 60-80.
吴德邻. 广东植物志, 第 5 卷 [M]. 广东: 广东科技出版社, 2003: 60-80.
- [2] ZHENG W J. China Annals of Trees, Vol. 2 [M]. Beijing: China Forestry Publishing House, 1985: 2235-2337.
郑万钧. 中国树木志, 第 2 卷 [M]. 北京: 中国林业出版社, 1985: 2235-2337.
- [3] LI Y L, LI K M, SU M X, et al. Studies on antiviral constituents in stems and leaves of *Pithecellobium clypearia* [J]. China J Chin Mat Med, 2006, 31(5): 397-400. doi: 10.3321/j.issn:1001-5302.2006.05.013.
李药兰, 李克明, 苏妙贤, 等. 猴耳环抗病毒有效成分研究 [J]. 中国中药杂志, 2006, 31(5): 397-400. doi: 10.3321/j.issn:1001-5302.2006.05.013.
- [4] LI M H, YIN M Q, FENG J H, et al. Advances in antitumor effects of gallic acid [J]. Inform Trad Chin Med, 2011, 28(1): 109-111. doi: 10.3969/j.issn.1002-2406.2011.01.044.
李沐涵, 殷美琦, 冯靖涵, 等. 没食子酸抗肿瘤作用研究进展 [J]. 中医药信息, 2011, 28(1): 109-111. doi: 10.3969/j.issn.1002-2406.2011.01.044.
- [5] KANG J, LIU C, WANG H Q, et al. Studies on the bioactive flavonoids isolated from *Pithecellobium clypearia* Benth. [J]. Molecules, 2014, 19(4): 4479-4490. doi: 10.3390/molecules19044479.
- [6] CAI X A, PENG S L, CAO H L, et al. Community analysis of a secondary evergreen broadleaved forest at Luogang, Guangzhou [J]. Chin J Appl Environ Biol, 1998, 4(2): 107-114.
蔡锡安, 彭少麟, 曹洪麟, 等. 广州罗岗村边次生常绿阔叶林群落分析 [J]. 应用与环境生物学报, 1998, 4(2): 107-114.
- [7] LI M, HUANG S N, CHEN Z X, et al. The research status and utilization prospect of medicinal tree species of *Archidendron clypearia* [J]. Sci Silv Sin, 2018, 54(4): 142-154. doi: 10.11707/j.1001-7488.20180417.
李梅, 黄世能, 陈祖旭, 等. 药用乔木树种猴耳环研究现状及开发利用前景 [J]. 林业科学, 2018, 54(4): 142-154. doi: 10.11707/j.1001-7488.20180417.
- [8] 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.
- [9] HU W S, DENG C J, XU Q Z, et al. Identification and fingerprint construction of 19 new hybrid varieties (lines) of loquat by SSR [J]. J Trop Subtrop Bot, 2020, 28(2): 153-162. doi: 10.11926/jtsb.4131.
胡文舜, 邓朝军, 许奇志, 等. 19 个枇杷杂交新品种(系)的 SSR 鉴定和指纹图谱构建 [J]. 热带亚热带植物学报, 2020, 28(2): 153-162. doi: 10.11926/jtsb.4131.
- [10] WANG L, LI C R, LI F G, et al. Analysis of SSR marker diversity and population structure in *Eucalyptus cloeziana* [J]. Mol Plant Breed, 2019, 17(13): 4470-4478. doi: 10.13271/j.mpb.017.004470.
王莉, 李昌荣, 李发根, 等. 大花序按 SSR 位点多样性和群体结构分析 [J]. 分子植物育种, 2019, 17(13): 4470-4478. doi: 10.13271/j.mpb.017.004470.
- [11] ZHU Q, DENG X, ZHANG S B, et al. Genetic diversity of 6 species in *Polygonatum* by SSR marker [J]. China J Chin Mat Med, 2018, 43(14):

- 2935–2943. doi: 10.19540/j.cnki.cjcm.20180510.014.
- 朱巧, 邓欣, 张树冰, 等. 黄精属 6 种植物的 SSR 遗传差异分析 [J]. 中国中药杂志, 2018, 43(14): 2935–2943. doi: 10.19540/j.cnki.cjcm.20180510.014.
- [12] WANG G, CAO P, WEI X M, et al. Applications of molecular markers in study of germplasm resources of medicinal plants [J]. Mod Chin Med, 2019, 21(11): 1435–1444. doi: 10.13313/j.issn.1673-4890.20190830006.
- 王刚, 曹佩, 韦学敏, 等. 分子标记技术在药用植物种质资源研究中的应用 [J]. 中国现代中药, 2019, 21(11): 1435–1444. doi: 10.13313/j.issn.1673-4890.20190830006.
- [13] ZHAO J H. Molecular identification and chemical component analysis of *Archidendron dypearia* from different regions in China [D]. Guangzhou: Guangzhou University of Chinese Medicine, 2013: 16–30.
- 赵径华. 不同产地猴耳环分子鉴别及质量研究 [D]. 广州: 广州中医药大学, 2013: 16–30.
- [14] LI R H, XIA Y S, LIU S Z, et al. CTAB-improved method of DNA extraction in Plant [J]. Res Explor Lab, 2009, 28(9): 14–16. doi: 10.3969/j.issn.1006-7167.2009.09.005.
- 李荣华, 夏岩石, 刘顺枝, 等. 改进的 CTAB 提取植物 DNA 方法 [J]. 实验室研究与探索, 2009, 28(9): 14–16. doi: 10.3969/j.issn.1006-7167.2009.09.005.
- [15] HOLLAND M M, PARSON W. GeneMarker® HID: A reliable software tool for the analysis of forensic STR data [J]. J Forensic Sci, 2011, 56(1): 29–35. doi: 10.1111/j.1556-4029.2010.01565.x.
- [16] KALINOWSKI S T, TAPER M L, MARSHALL T C. Revising how the computer program cervus accommodates genotyping error increases success in paternity assignment [J]. Mol Ecol, 2007, 16(5): 1099–1106. doi: 10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x.
- [17] PEAKALL R, SMOUSE P E. GENALEX 6: Genetic analysis in Excel: Population genetic software for teaching and research [J]. Mol Ecol Notes, 2006, 6(1): 288–295. doi: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x.
- [18] ROHLF F J. NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1 [M]. New York: Exeter Publications, 2000: 236–239.
- [19] XU N, CHENG X Z, WANG L X, et al. Screening and application of SSR molecular markers for genetic diversity analysis of Chinese Adzuki bean germplasm resources [J]. Acta Agron Sin, 2009, 35(2): 219–227. doi: 10.3724/SP.J.1006.2009.00219.
- 徐宁, 程须珍, 王丽侠, 等. 用于中国小豆种质资源遗传多样性分析 SSR 分子标记筛选及应用 [J]. 作物学报, 2009, 35(2): 219–227. doi: 10.3724/SP.J.1006.2009.00219.
- [20] ZHANG X F, ZHANG S H, LI Y, et al. Genetic diversity analysis of chestnut germplasm in Yanshan region based on SSR markers [J]. J Chin Agric Univ, 2020, 25(4): 61–71. doi: 10.11841/j.issn.1007-4333.2020.04.07.
- 张馨方, 张树航, 李颖, 等. 基于 SSR 标记的燕山板栗种质资源遗传多样性分析 [J]. 中国农业大学学报, 2020, 25(4): 61–71. doi: 10.11841/j.issn.1007-4333.2020.04.07.
- [21] 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.
- [22] HAMRICK J L. Isozymes and the analysis of genetic structure in plant populations [M]// SOLTIS D E, SOLTIS P S. Isozymes in Plant Biology. London: Chapman and Hall, 1990: 87–105
- [23] LI H, HUANG S N, WANG W W, et al. Effects of different solar-shading treatments on growth performance of *Archidendron clypearia* seedlings [J]. J CS Univ For Technol, 2012, 32(10): 147–150, 197. doi: 10.14067/j.cnki.1673-923x.2012.10.018.
- 李浩, 黄世能, 王卫文, 等. 不同遮阳处理对猴耳环苗期生长的影响 [J]. 中南林业科技大学学报, 2012, 32(10): 147–150, 197. doi: 10.14067/j.cnki.1673-923x.2012.10.018.
- [24] HU W, LUO Y, YANG Y, et al. Genetic diversity and population genetic structure of wild sweet osmanthus revealed by microsatellite markers [J]. Acta Hort Sin, 2014, 41(7): 1427–1435. doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2014.07.018.
- 胡苑, 罗意, 阳亿, 等. 野生桂花的遗传多样性和遗传结构研究 [J]. 园艺学报, 2014, 41(7): 1427–1435. doi: 10.16420/j.issn.0513-353x.2014.07.018.
- [25] WRIGHT S. Evolution and the Genetics of Populations, Volume 4: Variability within and among Natural Populations [M]. Chicago: University of Chicago Press, 1978: 1191–1192.
- [26] HUANG Z H. Feeding ecology of Françoisi langurs (*Trachypithecus francoisi*) in Nonggang Nature Reserve, China [D]. Guilin: Guangxi Normal University, 2007: 13–32.
- 黄中豪. 弄岗黑叶猴(*Trachypithecus francoisi*)的觅食生态学 [D]. 桂林: 广西师范大学, 2007: 13–32.
- [27] ZHOU Q H, TANG Z, LI Y B, et al. Food diversity and choice of white-headed langur in fragmented limestone hill habitat in Guangxi, China [J]. Acta Ecol Sin, 2013, 33(2): 109–113. doi: 10.1016/j.chnaes.2013.01.007.
- [28] PETIT R J, AGUINAGALDE I, DE BEAULIEU J L, et al. Glacial refugia: Hotspots but not melting pots of genetic diversity [J]. Science, 2003, 300(5625): 1563–1565. doi: 10.1126/science.1083264.