

在第一类中,所有白芷样品的聚类没有表现出明显规律性,即不同产地栽培白芷间遗传差异较小,这与前人研究认为四大栽培白芷不应做类的区分相一致^[1-3]。

参考文献:

- [1] 黄璐琦,王敏,付桂芳,等. 中药的白芷种质资源的 RAPD 分析 [J]. 中国中药杂志, 1999, 24(8): 457.
- [2] 杨滨,王敏,曹春雨,等. 中药白芷的分子遗传及其原植物分析 [J]. 中国药学杂志, 2004, 39(9): 654.
- [3] 黄璐琦. 中药白芷种质资源的系统研究 [J]. 江西中医学院学报, 2004, 16(6): 5-7.
- [4] Ziekiewicz E, Rafalski A, Labuda D. Genome fingerprint by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain re-

action amplification [J]. *Genomics*, 1994, 20(2): 176-183.

- [5] 倪开诚, 闵芳, 郭卫东, 等. 采用 ISSR 分子标记进行珊瑚礁 8 个种源的遗传多样性分析 [J]. 中草药, 2008, 39(9): 1392-1396.
- [6] 周延涛. DNA 分子标记技术在植物研究中的应用 [M]. 北京: 化学工业出版社, 2005.
- [7] 彭帅, 伍贤进. 17 份鱼腥草种质亲缘关系的 ISSR 分析 [J]. 安徽农业科学, 2007, 35(12): 3484-3486.
- [8] 张春平, 何平, 王瑞波, 等. 三角叶黄连 ISSR 反应体系的建立与优化 [J]. 中草药, 2009, 40(2): 280-284.
- [9] 余艳, 陈海山. 简单重复序列区间 (ISSR) 引物反应条件优化与筛选 [J]. 热带亚热带植物学报, 2003, 11(1): 15-19.
- [10] 邹喻萍, 葛颂, 王晓东. 系统与进化植物学中的分子标记 [M]. 北京: 科学出版社, 2001.

黄连遗传多样性的 ISSR 分析

张春平¹, 何平^{1*}, 胡世俊², 王瑞波¹, 张益锋¹, 刘长坤¹, 高珊¹

(1. 西南大学生命科学学院 三峡库区生态环境教育部重点实验室, 重庆市三峡库区植物生态与资源重点实验室, 重庆 400715; 2. 中国科学院昆明植物研究所, 云南 昆明 650204)

摘要: 目的 对野生黄连进行遗传多样性研究。方法 通过 ISSR 技术对 7 个野生黄连居群共 78 个个体进行遗传多样性分析。结果 用 12 个随机引物共扩增出 106 条清晰条带, 其中 72 条具多态性, 平均多态性位点比率为 67.92%, Nei's 基因多样性指数 $H = 0.1803$, Shannon 多样性指数 $I = 0.2832$, 遗传分化指数 $G_{st} = 0.6815$, 遗传距离和遗传一致度分别为: $0.0894 \sim 0.1846$ 和 $0.8321 \sim 0.9127$ 。结论 黄连种水平上具有较高的遗传多样性, 遗传变异主要存在于居群间, 遗传多样性与地理关系表现出明显的相关性, ISSR 可以作为研究遗传多样性及遗传分化的有效标记。

关键词: 黄连; 遗传多样性; ISSR; 聚类分析; 遗传分化

中图分类号: R282.7 文献标识码: A 文章编号: 0253-2670(2009)10-1630-05

ISSR Analysis for genetic diversity of *Coptis chinensis*

ZHANG Chunping¹, HE Ping¹, HU Shijun², WANG Ruibo¹, ZHANG Yifeng¹,
LIU Changkun¹, GAO Shan¹

(1. Key Laboratory (Ministry of Education) of Ecological environments of Three Gorges Reservoir Region, Chongqing Key Laboratory of Plant Ecology and Resources Research for Three Gorges Reservoir Region, School of Life Sciences, Southwest University, Chongqing 400715, China; 2. Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Kunming 650204, China)

Abstract: Objective To discuss the genetic diversity of *Coptis chinensis*. **Methods** The genetic diversity of 78 individuals from seven populations was analyzed by inter-simple sequence repeat (ISSR). **Results** Twelve primers were selected to produce highly reproducible ISSR bands. Among 106 amplified bands, 72 showed polymorphism, the percentage of polymorphic bands reached to 67.92%. Nei's gene diversity index (H) was 0.1803, Shannon information index (I) was 0.2832, G_{st} was 0.6815. The genetic distance coefficient and genetic similarity were $0.0894 \sim 0.1846$ and $0.8321 \sim 0.9127$, respectively. **Conclusion** *C. chinensis* holds high genetic diversity and the majority of genetic variation occurs among the popular

* 收稿日期: 2008-11-08

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (30070080)

作者简介: 张春平 (1982-), 男, 山东潍坊人, 博士, 主要从事植物资源学与植物分子生物学方面的研究。

Tel: 13667652727 E-mail: chunpingzhang520@163.com

* 通讯作者 何平 Tel: (023) 68254122 E-mail: heping196373@126.com

tions. By cluster analysis, the geographical distribution is very obvious. The ISSR marker could be used for the analysis of the genetic diversity and genetic variation of *C. chinensis*.

Key words: *Coptis chinensis* Franch.; genetic diversity; ISSR; cluster analysis; genetic variation

黄连 *Coptis chinensis* Franch. 又名味连、川黄连、鸡爪连,为毛茛科黄连属多年生草本植物,三级濒危种^[1]。野生黄连大多分布于四川、重庆、湖南、湖北、陕西、贵州等省市海拔 1 200~ 1 700 m 的山谷密林之中。黄连性寒、味苦,根茎入药,具有清热燥湿、泻火解毒等作用^[2,3],临床上还用于细菌性痢疾、局部化脓性感染、心律失常、胃炎及十二指肠溃疡等病的治疗^[4]。由于黄连根茎中有效成分小檗碱的独特药效,使得黄连极具有资源保护与利用价值,但是现在野生黄连居群数及个体数濒危稀少,野生资源相当匮乏。

目前,对黄连的研究主要集中在化学成分、药理作用和临床应用等方面^[5],陈大霞等^[6]运用 RAPD 技术分析了 15 份人工种植黄连的遗传关系,但对于野生黄连的遗传多样性研究未见报道。ISSR(inter-simple sequence repeat)是一种由 Zietkiewicz 等于 1994 年创建^[7],建立在 PCR 反应基础上的 DNA 分子标记。近年来,ISSR-PCR 已成功用于植物遗传多样性分析、基因图谱绘制、分子生态学研究^[8~10]、品种鉴定和种质资源的遗传多样性研究等领域^[11]。该技术无需预知受试基因组序列,具有成本低、操作简单、灵敏性高且重复性好等优点,被认为是非常理想的分子标记。本实验首次运用 ISSR-PCR 技术对 7 个野生黄连居群的 78 个个体进行分析,旨在揭示黄连的遗传多样性及其遗传结构,了解其种内变异,为黄连这一重要药用资源的保护和育种奠定理论基础。

1 材料和方法

1.1 材料:实验所用材料采自重庆野生黄连的主要分布区:城口厚坪、龙田,巫溪白果,巫山当阳,南川金佛山,石柱黄水和黔江五里共 7 个居群。各居群随机选取 10~ 12 个样本,收集当年生嫩叶,低温条件下带回实验室洗净、晾干,冻于 - 80 ℃ 的超低温冰箱中备用。居群的产地、样本数、编号及居群生长状况见表 1。

1.2 仪器与试剂:扩增仪、核酸蛋白分析仪、电泳仪、凝胶成像系统均为 Bio-Rad 公司,引物(上海生工生物工程有限公司),dNTP(Promega 公司),*Taq* DNA 聚合酶(Promega 公司), Mg^{2+} (上海生工生物工程有限公司),Buffer(上海生工生物工程有

表 1 用 ISSR 分析的不同居群的金黄莲

Table 1 Analysis of *C. chinensis* in different populations by ISSR

编号	产地	样本数	居群状况
CKHP	城口厚坪	10	野生
CKLT	城口龙田	12	野生
WXBG	巫溪白果	10	野生
WXDY	巫山当阳	12	野生
NCJF	南川金佛山	12	野生
SZHS	石柱黄水	10	野生
QJWL	黔江五里	12	野生
总计		78	

限公司), DNA Marker (TakaRa), PVP、 β 巯基乙醇、CTAB(Sigma),其余为国产分析纯试剂。

1.3 基因组 DNA 的提取:本实验中采用改良后的 CTAB 法^[12]提取黄连的基因组 DNA,所提 DNA 先用 1.0% 琼脂糖凝胶进行电泳,染色后拍照,选择带型清晰、无拖尾的作为备用,然后再在核酸蛋白分析仪上测其原始浓度,最后统一稀释至 40 ng/ μ L,供 ISSR-PCR 实验所用。

1.4 ISSR 引物的筛选:ISSR-PCR 反应所用的引物由上海生工生物工程有限公司合成。共从 58 个随机引物(17~ 18 bp)中筛选出 12 个(表 2)扩增条带清晰、多态性明显、反应稳定的引物用于 7 个居群的 78 个个体的扩增,每个选定的引物至少重复扩增 2 次。每条引物退火温度都进行单独摸索,实际退火温度一般在其 T_m 值 1~ 3 ℃ 附近变动。

表 2 实验中所用 12 个引物的序列

Table 2 Sequence of 12 primers in experiment

编号	序列	实际退火温度/℃
UBC810	(GA) ₈ T	54.0
UBC811	(GA) ₈ C	53.5
UBC823	(TG) ₈ C	54.5
UBC824	(TC) ₈ G	54.5
UBC826	(AC) ₈ C	54.0
UBC834	(AG) ₈ YT	55.0
UBC835	(AG) ₈ YC	54.5
UBC840	(GA) ₈ YT	53.5
UBC842	(GA) ₈ YG	56.0
UBC847	(CA) ₈ RC	57.5
UBC855	(CA) ₈ YT	57.0
UBC857	(AC) ₈ YG	58.5

1.5 PCR 扩增及产物检测:ISSR-PCR 反应在 25 μ L 的 PCR 反应体系中进行,内含 1 \times PCR Buffer, 1.5 mmol/L Mg^{2+} , 200 μ mol/L dNTP, 0.3

μmol/L 引物, 40 ng 模板, 1.0 U *Taq* DNA 聚合酶。扩增程序为 94 °C 预变性 5 min, 然后进行 35 个循环: 94 °C 变性 30 s, (据不同引物退火温度) 复性 60 s, 72 °C 延伸 90 s 循环结束后 72 °C 延伸 7 min, 4 °C 保存。扩增产物在含 goldview (1%) 的 1.5% 的琼脂糖凝胶中电泳分离 1.5 h, 电压 5 V/cm。用 DL 2 000 的 DNA marker (100~ 2 000 bp) 作为标记, 电泳结束后在 Bio-Rad Gel Doc 2000 凝胶成像系统下观察并拍照记录。

1.6 统计分析与数据处理: 每个引物经过重复扩增、电泳两次, 选取稳定清晰的条带进行统计分析。电泳图谱的每条带 (DNA 片段) 均为一个分子标记, 代表一个引物的结合位点。根据分子标记的迁移率及有无来统计所有的二元数据, 有带 (显性) 记为 1, 无带 (隐性) 记为 0, 强带和弱带的赋值均为 1。采用 POPGEN32 软件, 计算各居群的多态位点百分率 (PPL), *Nei's* 基因多样性指数 (*H*), Shannon's 多态性信息指数 (*I*), 基因分化系数 (*Gst*), 居群总基因多样性 (*Ht*), 居群内基因多样性 (*Hs*), *Nei's* 遗传一致度 (*I*) 和遗传距离 (*D*), 并根据 *Nei's* 遗传距离进行 UPGMA 聚类分析, 构建系统树状图。

2 结果与分析

2.1 黄连的遗传多样性: 通过 12 个引物对黄连 7 个居群的 78 个个体进行了 ISSR 分析, 共检测到 106 个位点, 相对分子质量均在 100~ 2 000 bp (图 1), 其中多态性位点 72 个, 多态性位点比率为 67.92%。平均每条引物扩出条带 8.8 条, 多态性带为 6.0 条。*Nei's* 基因多样性指数 $H = 0.1803$, Shannon's 多态性信息指数 $I = 0.2832$ 。黄连不同群体的多态位点百分率在 42.35%~ 52.21%, 其中最高的是石柱黄水居群 (SZHS), 为 52.21%, 南川金佛山居群 (NCJF) 次之, 为 50.65%, 最低的是黔江五里居群 (QJWL), 为 42.35%, *Nei's* 基因多样性指数 (*H*) 范围为 0.1619~ 0.2486, Shannon's 多态性信息指数范围 (*I*) 为 0.2647~ 0.3021 (表 3)。*Nei's* 基因多样性指数和 Shannon's 多态性指数的大小与各居群多态位点百分率的高低趋势基本一致, 各项系数是石柱黄水居群 (SZHS) 最高, 黔江五里居群 (QJWL) 最低。

2.2 黄连不同居群的遗传分化分析: 根据总的基因多样性 (*Ht*) 和居群内遗传多样性 (*Hs*) 来计算居群间遗传差异在总遗传变异中所占的比例 (*Gst*)。黄连各居群的总基因多样性 (*Ht*) 为 0.2832, 居群内遗传多样性 (*Hs*) 为 0.1074, 居群间的遗传分化指

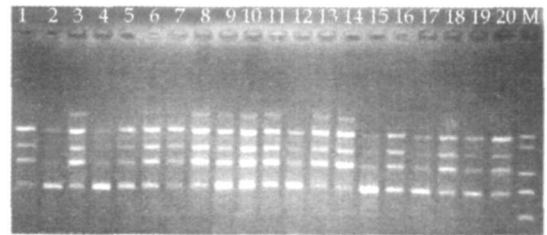


图 1 引物 UBC855 对部分个体的扩增结果 (图上所标数字为个体的编号)

Fig 1 ISSR Amplified products generated by UBC855 to different samples of *C. chinensis* (numerals in figure are No. of samples)

表 3 黄连的遗传多样性

Table 3 Genetic diversity of *C. chinensis*

居群	个体数	多态位点 点数	多态位点 百分率/%	<i>Nei's</i> 指数 (<i>H</i>)	Shannon's 指数 (<i>I</i>)
CKHP	10	41	48.68	0.1867	0.2786
CKLT	12	47	46.06	0.1715	0.2643
WXBG	10	42	43.53	0.1683	0.2571
WSDY	12	51	45.89	0.1732	0.2728
NCJF	12	49	50.65	0.2218	0.2864
SZHS	10	52	52.21	0.2486	0.3021
QJWL	12	43	42.35	0.1619	0.2647
总计	78	72	67.92	0.1803	0.2832

数 (*Gst*) 为 0.6815。这表明有 68.15% 的变异是存在于居群间的, 而 31.85% 的变异是存在于居群内的。居群的遗传分化表明, 黄连居群内部具有较低的遗传分化, 绝大部分的遗传分化存在于居群间。

2.3 黄连居群间的遗传距离和聚类分析: 黄连 7 个居群的 *Nei's* 遗传一致度 (*I*) 为 0.8321~ 0.9127, 遗传距离 (*D*) 为 0.0894~ 0.1846 (表 4)。其中黔江五里居群 (QJWL) 与南川金佛山居群 (NCJF) 之间的遗传距离最大, 为 0.1846, 这也表明两者之间的遗传差异性最大。同样, 两者的遗传一致度也是最低的, 为 0.8321。城口厚坪 (CKHP) 和城口龙田 (CKLT) 两个居群之间的遗传距离最小, 为 0.0894。同样, 两者的遗传一致度是最高的, 为 0.9127。

表 4 黄连 7 个居群遗传一致度 (*I* (对角线以上) 和遗传距离 *D* (对角线以下))

Table 4 Genetic similarity coefficient *I* (above diagonal) and genetic distance *D* (below diagonal) in seven populations of *C. chinensis*

居群	CKHP	CKLT	WXBG	WSDY	NCJF	SZHS	QJWL
CKHP	***	0.9127	0.8460	0.8734	0.8416	0.8521	0.8507
CKLT	0.0894	***	0.8324	0.8623	0.8396	0.8537	0.8516
WXBG	0.1640	0.1806	***	0.8603	0.8592	0.8417	0.8403
WSDY	0.1386	0.1407	0.1503	***	0.8517	0.8427	0.8418
NCJF	0.1728	0.1773	0.1532	0.1576	***	0.8346	0.8321
SZHS	0.1564	0.1521	0.1726	0.1684	0.1792	***	0.9146
QJWL	0.1583	0.1572	0.1730	0.1724	0.1846	0.0974	***

黄连的UPGMA聚类图(图2)显示:7个野生居群中城口的两个居群(CKHP和CKLT)首先聚在一起,这也正说明了两个居群之间的遗传距离最近,遗传相似度最大。随后进行聚类的是石柱黄水居群(SZHS)和黔江五里居群(QJWL)。巫山当阳居群(WSDY)又与城口的两个居群进行聚类,这说明巫山居群与当阳居群的遗传距离较近,相似性较高,亲缘关系较近。随后巫溪白果(WXBG)居群又与巫山和城口聚在一起,这说明巫山、巫溪和城口3个地区的4个居群之间的亲缘关系较近。最后进行聚类的是南川金佛山居群(NCJF),这说明南川金佛山居群与其他的6个居群的遗传距离最远,亲缘关系也最远。总的来看,地理分布相近的居群都聚在了一起,聚类结果显示出与地理分布较为明显的一致性。

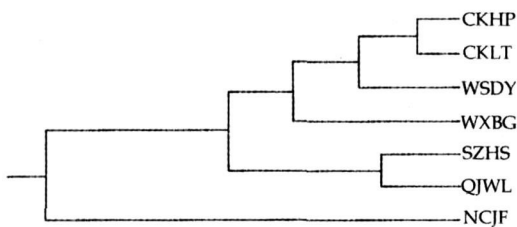


图2 黄连7个居群的UPGMA聚类图

Fig 2 Dendrogram of UPGMA cluster analysis for seven populations of *C. chinensis*

3 讨论

3.1 黄连的遗传多样性: 黄连物种水平的多态位点为67.92%, 这表明黄连具有较高的遗传多样性, 并且各居群间的遗传多样性明显低于种水平的遗传多样性, 最低的为42.53%, 最高的为52.21%。野生黄连($PPB = 67.92\%$, $H = 0.1803$)比其他野生的多年生濒危草本植物如延龄草^[13]($PPB = 34.07\%$, $H = 0.0337$)的遗传多样性要高得多。另外, 陈大霞^[14]对栽培黄连的SRAP-PCR进行了研究, 结果表明栽培种黄连的 $PPB = 43.48\%$, 这明显低于本研究结果67.92%, 其遗传相似性系数为0.8770~0.9519, 而本研究的遗传相似性系数0.8321~0.9127, 这说明野生黄连比栽培黄连具有较大的遗传距离, 这都符合栽培种在长期的栽培驯化和近亲繁殖中遗传多样性低于野生种的现象。从上面的分析来看黄连具有较高的遗传多样性。另外, 遗传多样性不仅存在于居群内, 也存在于居群间, 实验结果表明黄连居群间的遗传多样性较高, 而居群内的遗传多样性则相对较低。由于黄连喜阴凉爽湿润的环境, 常分布在海拔1200~1700 m的高山林下, 居

群之间有不适应生境的阻隔, 野外所见的黄连居群基本上都是成岛屿状分布, 这就使得基因之间的交流变得困难, 造成近交程度加深。此外, 野外观察黄连的传粉方式大部分是自花传粉, 近交或自交都可以导致杂合度的降低从而影响个体的适合度, 进而导致遗传多样性的丧失, 从而使得居群内的遗传多样性降低。并且黄连种子自然条件下萌发率特别低, 黄连亦会采用营养繁殖的方式生长, 这都造成了居群内遗传多样性的降低。

3.2 黄连的遗传分化: 根据Nei's遗传分化指数估算的7个居群间的遗传分化系数0.6815, 说明居群间的遗传变异占总的基因多样性的68.15%, 居群内只占31.85%。遗传分化的分析结果显示, 大量的变异主要存在于居群之间, 只有少量的变异存在于居群内部。居群遗传结构在很大程度上依赖于生存环境空间上的异质性, 黄连居群较为严格地按照空间距离之间的联系聚在了一起, 这可能与生境有关。地理距离近的居群生境相似, 地理距离远的居群生境差异相对较大。在环境选择压力的作用下, 不同居群之间的分子变异可能与地理位置联系比较大。金佛山居群的独特的地理生态环境可能是导致了变异基因型个体的产生, 从而使得金佛山居群与其他居群形成很大的差异。城口、巫溪和巫山3个地区的4个居群聚在一起, 所产黄连通常称为北岸连, 而石柱和黔江的2个居群则聚在一起, 所产黄连通常称为南岸连, 这充分反映了黄连品质划分与地理上的相关性。综合黄连生境片状分布的分析, 黄连邻近居群相似的基因频率, 可能是由于生境选择压力所致。

3.3 黄连的保护策略分析: 遗传多样性是物种避免灭绝而长期生存的前提, 遗传多样性的减少会降低居群短期和长期两方面适应环境变化的能力^[15]。因此, 保护黄连遗传多样性对于保护其药用资源具有重要的意义。黄连由于其独特的药用价值, 导致了大量而无节制的采挖和野生黄连生境的人为破坏, 这使得野生黄连的遗传多样性大大降低。根据野外观察的实际情况, 寻找到野生黄连居群已经比较困难, 大规模的黄连居群几乎不可见。为切实保护好野生黄连优质的种质资源和药用资源, 实现资源的可持续利用, 笔者提出以下保护策略及措施。

首先, 基于黄连本身的生物学习性, 可对其实施就地保护和迁地保护^[16]。在就地保护时除了对所有种群进行必要的保护外, 应选择遗传多样性程度高的居群进行重点保护, 如石柱黄水和南川金佛山

居群。同时由于黄连的遗传多样性主要保持在居群之间,在迁地保护时应尽量在较多的居群中取样,而不是每个居群取很多样品。综合这两方面,才能全面保护黄连的遗传多样性。

其次,保护和重建黄连居群的适宜生境,黄连本身对生长环境要求特殊,一般生长在海拔 1 200 m 以上的低温潮湿环境,要求有林木庇荫的环境,要求肥沃富含氮的土壤。保护好生境,就能保证它正常生长、繁育,从而保护其遗传多样性,为其适应自然选择打下基础。

再次,针对黄连种子具有后熟性,需经过长期的胚后熟和低温休眠才能出土成苗^[7],而且结实率低等繁殖生物学特性。一方面,可提供其种子正常萌发生长的生境;另一方面,可研究人为加速其种子萌发的措施,即在果实成熟期获取种子,通过人工处理缩短种子休眠期^[8],播种于适宜的生长环境,以增加种群中实生苗的数目。

最后,建议在人为活动较强的地区加大宣传力度,有效控制对黄连的采挖,并且可以尝试人为创造居群的基因交流和重组条件,更好地维持其遗传多样性水平。

参考文献:

- [1] 傅立国. 中国植物红皮书—稀有濒危植物[M]. 第一册. 北京: 科学出版社, 1991.
- [2] 中国药典[S]. 一部. 2005
- [3] 赵中振, 肖培根. 当代药用植物学[M]. 第一册. 上海: 世界图书出版社, 2007.

- [4] 马伏英. 黄连等中药抗实验性小鼠柯萨奇 B3 病毒性心肌炎的实验研究[J]. 武警医学, 1998, 9(4): 187-190.
- [5] 郭志刚, 赵琳, 孙瑞强, 等. 利川黄连小檗碱含量[J]. 中国医学科学院学报, 2004, 26(6): 618-621.
- [6] 陈大霞, 瞿显友, 钱敏, 等. 中药材黄连的 RAPD 分析初探[J]. 重庆中草药研究, 2006, 56(1): 8-11.
- [7] Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeats (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification [J]. *Genomics*, 1994, 20(2): 176-183.
- [8] 金燕, 张文驹, 傅大煦, 等. 利用 ISSR 标记研究野大豆居群内遗传变异及其取样策略[J]. 植物学报, 2003, 45(8): 995-998.
- [9] 李海生, 陈桂珠. 中国杯萼海桑遗传多样性的 ISSR 研究[J]. 植物学报, 2004, 46(5): 515-517.
- [10] 倪开诚, 闵芳, 郭卫东, 等. 采用 ISSR 分子标记进行草珊瑚 8 个种源遗传多样性分析[J]. 中草药, 2008, 39(9): 1392-1399.
- [11] 钱韦, 葛颂, 洪德元. 采用 RAPD 和 ISSR 标记探讨中国疣粒野水稻的遗传多样性[J]. 植物学报, 2000, 42(7): 741-743.
- [12] 邹喻萍, 葛颂, 王晓东. 系统与进化植物学中的分子标记[M]. 北京: 科学出版社, 2001.
- [13] 李群, 肖猛, 郭亮, 等. 四川省珍稀濒危植物延龄草遗传多样性分析[J]. 北京林业大学学报, 2005, 27(4): 1-6.
- [14] 陈大霞, 李隆云, 瞿显友, 等. 栽培黄连群体遗传关系的 SRAP 研究[J]. 中草药, 2008, 39(10): 1552-1556.
- [15] Ellstrand N C, Elam D R. Population genetics consequences of small population size: Implications for plant conservation [J]. *Ann Review Ecol Systemat*, 1993, 34: 217.
- [16] 何平. 珍稀濒危植物保护生物学[M]. 重庆: 西南师范大学出版社, 2005.
- [17] 中国医学科学院药用植物资源开发研究所. 中国药用植物栽培学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1991.
- [18] 张春平, 何平, 何俊星, 等. 药用保护植物黄连种子萌发特性研究[J]. 西南大学学报, 2008, 30(9): 89-93.

北柴胡移植试管植株与种子植株植物学性状分析

李博, 郝贵茹, 常琦, 李晨龙, 王丽荣, 郝建平*

(山西大学生命科学与技术学院, 山西太原 030006)

摘要: 目的 通过对移植试管植株与种子植株植物学性状的对比分析, 为优质北柴胡快速繁育方法的建立和推广提供科学依据。方法 选取有效药用成分高、遗传稳定性好的北柴胡栽培类型进行快速繁殖, 比较移植试管植株与种子植株的植物学性状。结果 北柴胡移植试管植株在分蘖数、分枝数、有效花序数以及根质量等方面明显优于种子植株。结论 通过快速繁殖和试管苗的规模化种植, 在保持北柴胡优良性状的同时, 可以收获多于种子植株的根器官和种子。

关键词: 北柴胡; 快速繁殖; 移植试管植株; 种子植株; 植物学性状

中图分类号: R282.2 文献标识码: A 文章编号: 0253-2670(2009)10-1634-04

* 收稿日期: 2009-01-11

基金项目: 国家级大学生创新性实验计划项目(081010802); 山西省科技攻关项目(051077-2)

作者简介: 李博(1987-), 男, 山西省绛县人, 山西大学 2005 级生物科学专业本科生, 主要从事植物细胞工程方面的研究工作。

* 通讯作者 郝建平 E-mail: jphao@sxu.edu.cn