

# 三七栽培居群遗传多样性的 EST-SSR 分析

张金渝<sup>1,3</sup>, 杨维泽<sup>1</sup>, 崔秀明<sup>2</sup>, 金航<sup>1</sup>, 虞泓<sup>3</sup>, 陈中坚<sup>2</sup>, 沈涛<sup>1,3</sup>, 杨涛<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>云南省农业科学院药用植物研究所, 昆明 650223; <sup>2</sup>文山三七科学院, 云南文山 663000;

<sup>3</sup>云南大学生命科学学院生态遗传实验室, 昆明 650091)

**摘要:**利用 EST-SSR 标记分析比较 6 个文山三七居群的遗传多样性和遗传结构, 并以 2 个近缘种为对照进行聚类分析。17 对人参属 EST-SSR 引物在 8 个居群中共检测到 205 个多态位点。在居群水平上, 6 个三七栽培居群的平均多态性信息量为 0.729, Nei's 基因多样性为 0.1568, Shannon 多样性指数为 0.2466, 居群间的遗传分化系数为 0.2350。研究显示三七具有丰富的遗传多样性, 但彼此间具有较高的基因交流, 居群间遗传分化水平低, 遗传差异主要存在于居群内; 另外, 遗传相似度和聚类分析显示, 三七及其近缘种被划分为 3 个大类群, 6 个三七栽培居群被分为 3 个小类群, 三七与珠子参有较近的遗传关系, 而与屏边三七的遗传距离较远。

**关键词:**三七; EST-SSR 标记; 遗传多样性; 遗传结构

## Genetic Diversity Analysis of Populations of *Panax notoginseng* Using EST-SSR Markers

ZHANG Jin-Yu<sup>1,3</sup>, YANG Wei-Ze<sup>1</sup>, CUI Xiu-ming<sup>2</sup>, JIN Hang<sup>1</sup>, YU Hong<sup>3</sup>,  
CHEN Zhong-Jian<sup>2</sup>, SHEN Tao<sup>3</sup>, YANG Tao<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Medicinal Plant, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223; <sup>2</sup>SanQi Academy of Wenshan, Yunnan Wenshan 663000; <sup>3</sup>Laboratory of Ecologica Genetica, College of Life Science, Yunnan University, Kunming 650091)

**Abstract:** The genetic diversity and genetic structure of 6 populations of *Panax notoginseng* and its two related species were analyzed by using 17 pairs of EST-SSR molecular markers in this research. As a result, a total of 205 EST-SSR polymorphic loci were detected in 8 populations. The polymorphism information content of six cultivated populations of *P. notoginseng* was 0.729, Gene diversity within population was 0.1568, Shannon's information index was 0.2466, and the coefficient of gene differentiation was 0.2350 among populations of *P. notoginseng*. The coefficient of gene differentiation was 0.4597 between *P. notoginseng* and its related species. The results revealed abundant genetic diversity but low level of genetic differentiation in *P. notoginseng* and confirmed that the genetic difference among the species existed mainly within population. In addition, genetic similarity and cluster analysis showed that 8 populations of *P. notoginseng* and its related species were classified into three groups, 6 populations of *P. notoginseng* were classified into three subgroups. Genetic distance was closer between *P. notoginseng* and *P. japonicus* var. major than that between *P. notoginseng* and *P. stipuleanatus*.

**Key words:** *Panax notoginseng*; EST-SSR markers; Genetic structure; Genetic diversity

三七 (*Panax notoginseng*) 为五加科人参属多年生药用植物, 是我国传统名贵中药材, 有“金不换”、

收稿日期: 2010-04-07 修回日期: 2010-08-23

基金项目: 国家“十一五”科技支撑项目 (2006BAI06A12-13); 国家“十二五”科技支撑项目 (2011BAI13B01); 云南省自然科学基金项目 (2007C136M)

作者简介: 张金渝, 副研究员, 在读博士, 从事药用植物资源研究。E-mail: zjy\_wb740921@sina.com

通讯作者: 金航, 研究员。E-mail: jinhang1516@sina.com; 虞泓, 教授。E-mail: hongyu@ynu.edu.cn

“南国神草”等美誉。具有止血散瘀、消肿定痛等功效,目前主要用于心血管疾病治疗,是云南白药、片仔癀、丹参滴丸、血塞通等国家著名中成药的主要原料。三七主要分布于我国北回归线附近云南、广西的高海拔地区。云南东南部,尤其是文山及周边地区是三七的主产区 and 地道产区,种植面积和产量均占全国的98%<sup>[1]</sup>。

以往对三七的研究,更多集中于其药理、植化、栽培等方面,有关三七居群的遗传多样性和遗传结构的报道较少见。崔秀明等<sup>[2]</sup>及段承俐等<sup>[3]</sup>通过SSR及RAPD标记对不同居群的不同类型进行了聚类分析或分子鉴定;张金渝等<sup>[4]</sup>对三七栽培居群间表型变异式样进行了研究,得到三七不同栽培居群间具有较大的遗传差异,地区间的遗传差异相对较小。

分子标记是研究植物资源遗传多样性,揭示其遗传结构的快速、简便、有效的方法。而SSR标记为共显性标记,具有稳定性好、等位基因多态性高、数量丰富和对基因组有很好的覆盖性等优点,已被广泛运用在野生稻<sup>[5-6]</sup>和大豆<sup>[7]</sup>、玉米<sup>[8]</sup>等作物的遗传多样性研究中。袁力行等<sup>[9]</sup>曾对RFLP、SSR、AFLP和RAPD 4种分子标记系统进行比较,也证实SSR标记与其他分子标记相比,较适合于

作物遗传多样性的研究。但传统基因组SSR引物开发费时、费力、成本高。目前,大量快速增长的EST数据成为SSR引物的重要来源,利用EST数据能高效、快捷地合成EST-SSR引物。另外EST-SSR来源于表达基因,将其用于三七遗传多样性检测,可直接反映群体中相关基因的多样性。本研究拟利用EST-SSR标记,对三七主产区不同地理栽培居群及其近缘种进行遗传多样性和遗传分化的研究,为三七种质资源的利用和保护提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

试验材料采自文山三七道地产区丘北腻脚、丘北舍得、广南杨柳井、广南董堡、文山马塘以及砚山城郊等6个不同地区的栽培居群,均为三七种植世家自留种,居群间距离在10km以上,随机取样,取样量为整个居群的1/1000左右(样本数见表1);对照材料三七近缘种屏边三七(*Panax. stipuleanatus*)和珠子参(*Panax. japonicus* var. *major*)采自马关古林箐和兰坪雪盘山,为随机取样,单株之间间隔5m,所有样品经文山三七研究院崔秀明研究员鉴定,见表1。

表1 试验材料

Table 1 The localities of materials

物种 Specie	产地来源 Origin	居群编号 Population code	经度(°) Longitude	纬度(°) Latitude	海拔(m) Altitude	样本数 No. of sample
三七 <i>P. notoginseng</i>	丘北腻脚	Q1	103.85	24.03	1992	30
	丘北舍得	Q2	103.87	24.24	2034	30
	广南杨柳井	G1	105.26	23.91	1780	30
	广南董堡	G2	105.14	23.89	1703	30
	文山马塘	M	104.06	23.49	1470	30
	砚山城郊	Y	104.31	23.53	1510	20
珠子参 <i>P. japonicus</i> var. <i>major</i>	兰坪雪盘山	ZZS	99.17	26.29	2600	10
屏边三七 <i>P. stipuleanatus</i>	马关古林箐	PBS	103.93	22.78	1500	10

### 1.2 方法

**1.2.1 DNA提取** 样品总DNA提取参照邹喻苹等<sup>[10]</sup>的CTAB法,稍有改动,即在加CTAB前用提取缓冲液(100ml/L Tris-HCl, 50mmol/L EDTA, 750mmol/L NaCl),洗去多糖和次生代谢物。电泳检测其浓度并标定DNA浓度为20ng/ $\mu$ l,备用。

**1.2.2 引物筛选** 在NCBI([www.ncbi.nlm.nih.gov/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/)

projects/dbEST)等公共数据库中下载公布的三七、人参及西洋参的EST序列,建立人参属EST信息数据库。应用SSR搜索软件和引物设计软件Primer5.0设计三七EST-SSR引物,并由上海生工生物技术公司合成,从合成的64条引物中筛选出17对条带清晰、稳定性好、多态性高的引物用于SSR分析。引物序列见表2。

表 2 17 对 EST-SSR 引物的相关信息

Table 2 Information of 17 pairs EST-SSR primer

引物编号 Primer code	重复基元 Repeat motif	引物序列 Primer sequence	产物大小(bp) Product size	退火温度(°C) T <sub>m</sub>	多态性信息量 PIC
P2	(TA)10	ACTACCGGAGTCAAGCCTCA ACGGCCATCATTAAATCCAAA	209	53.5	0.730
RS2	(TA)10	TGGCGGAGACAGTGGTTGC ATTCCGCTCACCGCGCTTC	367	63.9	0.719
RS7	(GAA)7	ATAGGGCAGCGCGCTTGTG TGGTACGTCGCCGACCTGGA	223	63.9	0.815
P21	(CA)18(AT)22	TTCCTTTCTCCCTCCCTCTC GATGATGGTGTGACGACGAC	224	59.8	0.902
P22	(AC)8	AGTGCCAGAGAAGCAACCAT ATGTTACACACACACATGGA	219	57.8	0.850
RS10	(ATC)	GGCCCGCACAGTGAGGAAGA GCCGGCTTCTTGTCTGCGCT	240	63.9	0.772
P26	(GTA)11(CAG)5	GGGAAATCAAATAAAGGAG GAGTGATTGCAGAGCAGGTT	146	53.7	0.788
P27	(AAG)5(CAG)4	TACTAGCCACGATCACCACC AATAATGCTCCGCTCTCCCT	330	57.8	0.732
XS5	(CGC)10	CCTCGCCCAACGCACCAACA AGCGGAAGAGCGGACCTCGT	231	63.9	0.858
XS6	(CTA)7	ATTGGAAGGCAGGCAGCCCC GGTCCGCGCCGAGTACTTT	171	63.9	0.891
P34	(ATC)8	CGCACAGTGAGGAAGAAGAA CCATAATCTCCGCTTCTGCT	183	57.8	0.480
P35	(GCT)9	AAAGCAGGGTGTGCTCACTT AGGGAGACCGGACATTATT	198	57.8	0.802
SQ4	(GCA)5	CTCGGAACCTGGGCTCGGCT CGCGGGGATTTCTTGGGGGC	150	60.4	0.840
P42	(ATC)8	CGCACAGTGAGGAAGAAGAA CGTTCCTTAGCCTTGATTGCC	202	57.8	0.679
P55	(AAG)52	TACCTAATTGCCAGCGGTTTC TGGAAAGTTGGAGAGGATTG	242	57.8	0.839
SQ5	(CTC)8	TCTATCTGTTGGGCTCGAGGG TGCTGGGATCTCGCGGACA	208	57.8	0.754
SQ2	(TCT)10	CGGCACAGAGGTCTCCTCTTCCT TTCGGAGCCCGAGCCCAACT	211	63.4	0.732

P 编号为杨成君等<sup>[11]</sup>设计引物,其余为笔者自行设计

No. P2-55 of the primers were designed by Yang C J, et al<sup>[11]</sup>, and other primers were designed by us

**1.2.3 PCR 扩增** PCR 反应在 BIO-RAD 公司生产的 iCycler170-8720 PCR 扩增仪上进行。经过优化后的反应体系为:PCR 缓冲液 10 × PCR Buffer 2.5 μl, 25 mmol/L MgCl<sub>2</sub> 2 μl, 2.5 mmol/L dNTP (Promegar 公司) 2 μl, 0.4 U Taq 酶 (0.1 U/μl 4 μl) (Promegar 公司), 上下游引物 (33 ng/μl) (上海生工合成) 各 2 μl, 模板 DNA (20 ng/μl) 1 μl, ddH<sub>2</sub>O 11.5 μl, 加 1 滴石蜡油防止蒸发。扩增程序为:94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 45 s, 最适退火温度 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 36 次循环; 72℃ 延伸 7 min, 4℃ 保存。

**1.2.4 电泳检测** 反应产物用 5% 聚丙烯酰胺凝胶 200 V 恒压电泳 2 h 后, 将胶放入 125 ml 乙醇与 375 ml 水的混合液固洗 3 min; 蒸馏水洗 1 min; 60%

HNO<sub>3</sub> 8 ml 和 500 ml 水混合液消化 3 ~ 10 min; 蒸馏水洗 1 min; 用 0.2% AgNO<sub>3</sub> 500 ml 染色 20 min; 蒸馏水洗 1 min; 加 30% 的无水碳酸钠 1 L 显色 (加入 200 μl Na<sub>2</sub>SSO<sub>3</sub> 硫代硫酸钠和 4 ml 甲醛混匀); 再用 10% 冰醋酸 1 L 固定; 最后水洗, 干燥, 用扫描仪扫描后保存图片, 用 DNA Marker 估计扩增产物片段长度。

**1.2.5 数据分析** 用 POPGENE1.32 软件计算出等位基因数, Shannon 多样性指数, Nei's 基因多样性指数、基因分化系数以及遗传相似度和遗传距离, 并对各居群进行 UPGMA 聚类分析。同时结合 Treeview 软件对得到的遗传距离矩阵进行非加权配对算术平均法 (UPGMA) 聚类分析, 构建聚类图。标记位点的多态性信息量 (polymorphism information content, PIC)

按公式  $PIC = 1 - \sum f_i^2$  计算,  $f_i^2$  表示  $i$  位点的基因频率。应用软件 GenAlEx6.3 (Peakall and Smouse, 2006)

对三七居群间、居群内以及地区间的分子变异进行分析 (analysis of molecular variance, AMOVA)。

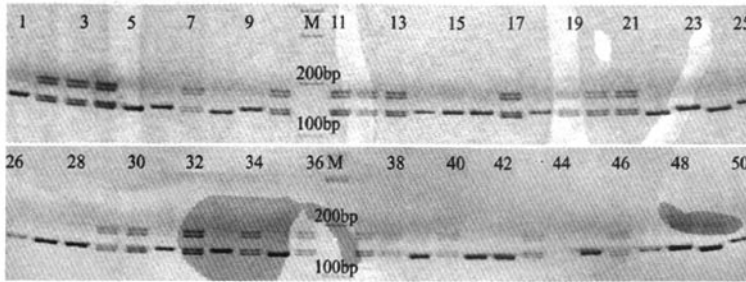


图1 引物 P26 对三七栽培居群及其近缘种的扩增结果

Fig.1 The amplification result of primer P26 for populations of *P. notoginseng* and its related species

编号 1 ~ 10, 11 ~ 20, 21 ~ 25, 26 ~ 30, 31 ~ 35, 36 ~ 40, 41 ~ 45, 46 ~ 50 分别为居群 Y, ZZS, PBS, G1, G2, Q1, Q2 和 M 部分样品的扩增结果

The lanes 1 - 10, 11 - 20, 21 - 25, 26 - 30, 31 - 35, 36 - 40, 41 - 45, 46 - 50 respectively

represent the amplified results of population Y, ZZS, PBS, G1, G2, Q1, Q2 and M

## 2 结果与分析

### 2.1 遗传多样性分析

通过对不同产地来源比较, 丘北的遗传多样性比文山马塘的高, 而广南居群的等位基因数与丘北的一致, 均为 1.5493, 但有效等位基因数、Nei's 基因多样性、Shannon 指数以及多态信息量均高于丘北, 说明广南的居群遗传多样性比丘北的丰富。

不同居群的遗传变异程度也有差异, 等位基因数 1.4038 ~ 1.4930, Nei's 基因多样性 0.1043 ~ 0.1387, Shannon 指数 0.1638 ~ 0.2083, 多态性信息量 0.693 ~ 0.741。在来自丘北、广南、文山以及砚山的 6 个居群中, 砚山居群的遗传变异相对较丰富, 文山马塘的遗传变异最少 (表 3)。这也说明经过 400 多年人工栽培, 三七的遗传变异依旧较为丰富, 没有形成所谓的品种, 仍为混杂群体。

表3 三七栽培居群的遗传变异

Table 3 Genetic variation of 6 cultivated populations of *P. notoginseng*

居群代号 Code	等位基因数 $A$	有效等位基因数 $A_e$	Nei's 基因多样性 $H$	Shannon 指数 $I$	多态性信息量 $PIC$
Q1	1.4695 ± 0.5002	1.1908 ± 0.2989	0.1189 ± 0.1676	0.1871 ± 0.2451	0.725
Q2	1.4789 ± 0.5007	1.1952 ± 0.3019	0.1221 ± 0.1667	0.1930 ± 0.2437	0.736
丘北	1.5493 ± 0.4987	1.2109 ± 0.3095	0.1315 ± 0.1702	0.2082 ± 0.2469	0.750
G1	1.4883 ± 0.5010	1.2045 ± 0.3067	0.1271 ± 0.1706	0.1997 ± 0.2485	0.710
G2	1.4930 ± 0.5011	1.1984 ± 0.3105	0.1224 ± 0.1696	0.1931 ± 0.2458	0.724
广南	1.5493 ± 0.4987	1.2205 ± 0.3154	0.1367 ± 0.1732	0.2154 ± 0.2505	0.730
M	1.4038 ± 0.4918	1.1670 ± 0.2847	0.1043 ± 0.1618	0.1638 ± 0.2380	0.693
Y	1.4272 ± 0.4958	1.2414 ± 0.3638	0.1387 ± 0.1930	0.2083 ± 0.2753	0.741
三七	1.6244 ± 0.4854	1.2524 ± 0.3230	0.1568 ± 0.1767	0.2466 ± 0.2540	0.729

$A$ : allele number;  $A_e$ : effective allele number;  $H$ : Nei's gene diversity;  $I$ : Shannon's diversity index;  $PIC$ : Polymorphism information content

### 2.2 遗传分化及遗传结构

通过 POPGENE 分析表明, 三七栽培居群间的基因分化系数 ( $G_{st}$ ) 为 0.2350, 表明 6 个居群内均存在一定的遗传分化。对三七栽培居群的分子方差分析 (表 4) 显示, 在总的遗传变异中, 72.54% 的遗传变异存在于居群内个体间, 而地区间的遗传变异为

15.14%, 居群之间的遗传变异占 12.31%。

2.4.3 遗传关系 三七栽培居群和珠子参、屏边三七野生居群首先被划分为 3 组, 三七居群首先聚在一起, 其次与珠子参聚在一起, 最后才与屏边三七聚在一起。其中三七居群与珠子参的遗传一致度在 0.8200 ~ 0.8489 之间 (表 5), 平均为

表 4 不同三七栽培居群的分子方差分析

Table 4 Analysis of molecular variance (AMOVA) of six populations in *P. notoginseng*

变异来源 Source of variance	自由度 <i>df</i>	离差平方和 SS	方差分量 Variance components	方差分量比例(%) Rate of total variance	<i>P</i> 值 <i>P</i> -value
地区间 Among regions	3	625.613	3.122	15.14	<0.001
居群间 Among populations	5	182.217	2.538	12.31	<0.001
居群内 Within populations	169	2452.700	14.955	72.54	<0.001

表 5 不同居群间的 Nei's 遗传一致度(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)

Table 5 Nei's genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) among populations

居群代号 Code	Q1	Q2	G1	G2	M	Y	ZZS	PBS
Q1	****	0.9755	0.9659	0.9422	0.9487	0.9367	0.8376	0.8028
Q2	0.0248	****	0.9578	0.9417	0.9552	0.9321	0.8351	0.8142
G1	0.0347	0.0431	****	0.9795	0.9694	0.9398	0.8433	0.8020
G2	0.0595	0.0601	0.0207	****	0.9624	0.9319	0.8200	0.7979
M	0.0526	0.0458	0.0311	0.0383	****	0.9302	0.8489	0.7795
Y	0.0654	0.1802	0.0621	0.0705	0.0724	****	0.8217	0.7975
ZZS	0.1772	0.2055	0.1704	0.1985	0.1638	0.1964	****	0.7016
PBS	0.2196	0.0703	0.2207	0.2258	0.2491	0.2262	0.3543	****

0.8344;三七居群与屏边三七的遗传一致度在 0.7795~0.8142 之间,平均为 0.7990;珠子参和屏边三七的遗传一致度为 0.7016。相对于屏边三七而言,三七与珠子参的遗传距离更近。

6 个三七居群间的遗传一致度在 0.9302~0.9795 之间,平均为 0.9513,其中来自广南和文山马塘的 3 个居群间遗传关系较近,遗传一致度平均为 0.9704;来自砚山的居群与其他居群遗传距离相

对较远,遗传一致度平均为 0.9341。

从图 2 可以看出,6 个三七居群聚在一起,与珠子参、屏边三七完全分开。相对于屏边三七而言,三七与珠子参的遗传距离更近。而供试的 6 个三七居群被分为 3 个类群,丘北的 2 个居群分为第 1 类群;马塘居群和广南杨柳井的 2 个居群划为第 2 类群;砚山居群被单独分为一个类群。

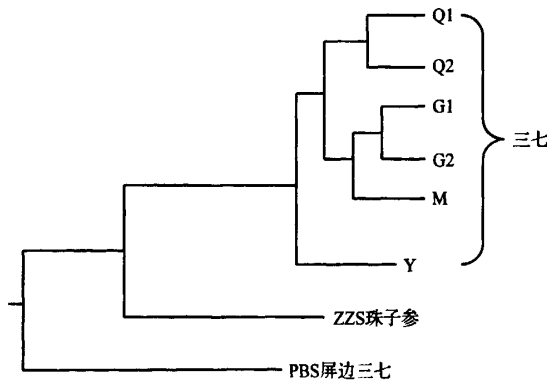


图 2 基于 EST-SSR 标记的不同居群的 UPGMA 聚类图

Fig. 2 Dendrogram of UPGMA among populations on EST-SSR markers

### 3 讨论

#### 3.1 三七栽培居群的遗传多样性

种内遗传多样性或变异愈丰富,物种对环境变化的适应能力就愈强,其进化的潜力就越大<sup>[10]</sup>。

遗传多样性是物种自身生存和未来进化的资源,它不仅能给种群带来适合度方面的优势,同样有利于人工育种。因为许多基因对于提高物种或种群内其他成员的生产力具有潜在价值<sup>[12]</sup>。通过对文山三七栽培居群及其近缘种遗传多样性的 EST-

SSR 研究发现,云南文山三七栽培居群具有丰富的遗传多样性,这一方面可能由于物种为了适应复杂的地理生态环境有关,不同的生态环境形成了丰富多样的生态类型。另一方面由于三七的连作障碍致使三七种植户不断更换种植地点,造成不同居群间频繁的基因交流从而增大了居群内基因的杂合度。这些丰富的遗传变异为三七的遗传育种提供丰富的材料,对保持三七的生态适应性和三七种源不退化具有重要的意义。

### 3.2 三七居群及其近缘种的遗传分化和亲缘关系

根据三七栽培群体的遗传分化和遗传距离分析显示,三七不同栽培居群的遗传距离总体较近,即使砚山居群距离其他居群相对较远,但与其他居群的遗传一致度也为 0.9341,各居群间的遗传分化不大,居群间、地区间的差异并不明显。一方面可能是由于农户为了克服连作障碍,在三七的生长适宜区内(即整个文山地区内)不断更换种植地点从而减小了居群间和地区间的遗传差异。另一方面可能与三七的耕作制度有关。三七种子种苗一般在海拔 1300~1600m 区域繁育,然后移植到海拔 1600~2000m 区域生产商品三七,农产间的种子交流较为频繁,造成整个地区栽培居群间遗传一致度较高,很难形成遗传分化较大、较为纯合的品种或居群,这可能也是三七驯化 400 多年依旧是一个混合群体,没有形成农学意义上的品种的主要原因。

通过对三七与其近缘种的遗传分化和遗传距离分析显示,尽管三七与屏边三七分布区域重合,但三七与珠子参的遗传距离较其与屏边三七的近。这与崔秀明等<sup>[2]</sup>通过对三七、珠子参、屏边三七等人参属 6 个种 1 个变种的 5S-rRNA 基因序列分析,所得到三七与珠子参的遗传距离最近的研究结果一致。同样,Wen 等<sup>[13]</sup>通过对人参属 12 个种或变种的核糖体 ITS 测序得到序列差异也显示,在人参属植物中与三七 ITS 序列差异最小的是珠子参,ITS 序列差异百分率仅为 2.78%;而三七与屏边三七的 ITS 序列差异百分率相对较大,为 5.18%;同时聚类分析也显示三七与珠子参具有较近的亲缘关系。

## 4 结论

本文通过对文山三七遗传多样性和遗传结构的研究表明:(1)文山三七栽培居群具有丰富的遗传多样性,并且其遗传变异主要存在于居群内个体间;(2)在滇东南地区内不断轮换种植地点致使三七在地区间和居群间的基因交流频繁,遗传分化减小;(3)聚类分析显示,三七和珠子参有较近的遗传关系,而与屏边三七遗传距离较远。

致谢:文山三七研究院孙玉琴女士在采样过程中提供了无私帮助,云南大学生命科学院生态遗传实验室左诗梅、谢云峰等同学在分子实验过程中给予了热心帮助。

### 参考文献

- [1] 崔秀明,朱艳,刁勇,等.三七的核心竞争力研究[M].昆明:云南民族出版社,2008
- [2] 崔秀明,陈中坚.三七药材的道地性研究[M].昆明:云南科技出版社,2007
- [3] 段承俐,萧凤回,文国松,等.文山三七栽培群体变异类型的分子鉴定[J].现代中药研究与实践,2003(增刊):13-16
- [4] 张金渝,肖慧,金航,等.三七栽培居群间表型变异式样研究[J].中国中药杂志,2009,34(24):3295-3298
- [5] 李小湘,王淑红,段永红,等.普通野生稻保护和未保护居群遗传多样性的比较[J].植物遗传资源学报,2007,8(4):379-386
- [6] 杨庆文,戴陆园,时津霞,等.云南元江普通野生稻遗传多样性分析及保护策略研究[J].植物遗传资源学报,2004,5(1):1-5
- [7] 周晓霞,庄炳昌,王玉民,等.利用 RAPD 与 SSR 技术进行野生大豆种群内分化的研究[J].中国生态农业学报,2002,10(4):6-9
- [8] 田孟良,黄玉碧,刘水建,等.SSR 标记揭示的云南省、贵州省糯玉米与普通玉米种质资源的遗传差异[J].四川农业大学学报,2003,21(3):213-216
- [9] 袁力行,傅骏骅,Warburton M,等.利用 RFLP、SSR、AFLP 和 RAPD 标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究[J].遗传学报,2000,27(8):725-733
- [10] 邹喻苹,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,1998:16-25
- [11] 杨成君,王军,穆立蕾,等.人参 EST-SSR 标记的建立[J].农业生物技术学报,2008,16(1):114-120
- [12] K V 克里施纳默西.生物多样性教程[M].张正旺译.北京:化学工业出版社,2006:33-42
- [13] Wen J, Elizabeth A Z. Phylogeny and biogeography of *Panax* L. (the Ginseng genus, araliaceae): inferences from its sequences of nuclear ribosomal DNA [J]. Mol Phylogen Evol, 1996, 6(2): 167-177

## 三七栽培居群遗传多样性的EST-SSR分析

作者: [张金渝](#), [杨维泽](#), [崔秀明](#), [金航](#), [虞泓](#), [陈中坚](#), [沈涛](#), [杨涛](#), [ZHANG Jin-Yu](#), [YANG Wei-Ze](#), [CUI Xiu-ming](#), [JIN Hang](#), [YU Hong](#), [CHEN Zhong-Jian](#), [SHEN Tao](#), [YANG Tao](#)

作者单位: [张金渝, 沈涛, ZHANG Jin-Yu, SHEN Tao \(云南省农业科学院药用植物研究所, 昆明, 650223; 云南大学生命科学学院生态遗传实验室, 昆明, 650091\)](#), [杨维泽, 金航, 杨涛, YANG Wei-Ze, JIN Hang, YANG Tao \(云南省农业科学院药用植物研究所, 昆明, 650223\)](#), [崔秀明, 陈中坚, CUI Xiu-ming, CHEN Zhong-Jian \(文山三七科学院, 云南文山, 663000\)](#), [虞泓, YU Hong \(云南大学生命科学学院生态遗传实验室, 昆明, 650091\)](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) **ISTIC|PKU**

英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年, 卷(期): 2011, 12 (2)

### 参考文献(13条)

1. Wen J; Elizabeth A Z [Phylogeny and biogeography of Panax L. \(the Ginseng genus, araliaceae\): inferences from its sequences of nuclear ribosomal DNA](#) [外文期刊] 1996 (02)
2. K V 克里施纳默西; 张正旺 [生物多样性教程](#) 2006
3. 杨成君; 王军; 穆立蕾 [人参EST-SSR标记的建立](#) [期刊论文] - [农业生物技术学报](#) 2008 (01)
4. 邹喻苹; 葛颂; 王晓东 [系统与进化植物学中的分子标记](#) 1998
5. 袁力行; 傅骏骅; Warburton M [利用RFLP、SSR、AFLP和RAPD标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究](#) [期刊论文] - [遗传学报](#) 2000 (08)
6. 李小湘; 王淑红; 段永红 [普通野生稻保护和未保护居群遗传多样性的比较](#) [期刊论文] - [植物遗传资源学报](#) 2007 (04)
7. 张金渝; 肖慧; 金航 [三七栽培居群间表型变异式样研究](#) [期刊论文] - [中国中药杂志](#) 2009 (24)
8. 段承俐; 萧凤回; 文国松 [文山三七栽培群体变异类型的分子鉴定](#) [期刊论文] - [现代中药研究与实践](#) 2003 (增刊)
9. 崔秀明; 朱艳; 刁勇 [三七的核心竞争力研究](#) 2008
10. 田孟良; 黄玉碧; 刘永建 [SSR标记揭示的云南省、贵州省糯玉米与普通玉米种质资源的遗传差异](#) [期刊论文] - [四川农业大学学报](#) 2003 (03)
11. 周晓馥; 庄炳昌; 王玉民 [利用RAPD与SSR技术进行野生大豆种群内分化的研究](#) [期刊论文] - [中国生态农业学报](#) 2002 (04)
12. 杨庆文; 戴陆园; 时津霞 [云南元江普通野生稻遗传多样性分析及保护策略研究](#) [期刊论文] - [植物遗传资源学报](#) 2004 (01)
13. 崔秀明; 陈中坚 [三七药材的道地性研究](#) 2007

本文链接: [http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical\\_zwyczyxb201102013.aspx](http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201102013.aspx)