

# 云南长尖叶蔷薇自然居群遗传多样性分析

邱显钦<sup>1,2</sup>, 唐开学<sup>1</sup>, 王其刚<sup>1</sup>, 蹇洪英<sup>1</sup>, 李树发<sup>1</sup>, 邵珠华<sup>1</sup>, 张 颢<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup>云南省农业科学院花卉研究所/云南省花卉育种重点实验室/云南花卉技术工程研究中心, 昆明 650205;

<sup>2</sup>华中农业大学园艺林学学院/教育部园艺植物生物学重点实验室, 武汉 430070)

**摘要:**采用 SSR 标记对云南地区的 8 个长尖叶蔷薇天然居群进行了遗传多样性分析。结果显示:所选用的 14 对 SSR 引物,共检测到 77 个等位位点;在物种水平上,总居群的 Nei's 基因多样性指数( $H_e$ )和香农指数( $I$ )分别为 0.3139 和 0.4747;该居群内遗传变异(65.47%)大于居群间遗传变异(34.53%),说明居群内变异是其居群的主要变异来源;利用 Popgene 计算出两两居群间的 Nei's 遗传一致度( $I$ )和遗传距离( $D$ ),其范围分别为 0.7879~0.8986 和 0.1070~0.2384,依据遗传距离可将 8 个居群分为 3 组,8 个居群并没有严格依据地理距离的远近而聚类;海拔与 Nei's 基因多样性的相关系数为 0.8771 ( $P < 0.01$ ),呈显著正相关。研究结果表明,云南地区的长尖叶蔷薇居群遗传多样性较高,居群间遗传变异存在中度的遗传分化。基于得到的居群遗传信息,建议采取就地保护为主的保护策略,但当个别居群野外的生存环境被自然或者人为因素破坏时,建议采取迁地保护的策略。

**关键词:**长尖叶蔷薇;居群;遗传多样性;SSR

## Genetic Diversity Analysis of Populations of *Rosa longicuspis* in Yunnan

QIU Xian-qin<sup>1,2</sup>, TANG Kai-xue<sup>1</sup>, WANG Qi-gang<sup>1</sup>, JIAN Hong-ying<sup>1</sup>,  
LI Shu-fa<sup>1</sup>, SHAO Zhu-hua<sup>1</sup>, ZHANG Hao<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Yunnan Flower Breeding Key Lab/ Yunnan Flower Research and Development Center/ Flower Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205; <sup>2</sup> College of Horticulture and Forestry, Huazhong Agricultural University/ Key Laboratory of Horticultural Plant Biology, Ministry of Education, Wuhan 430070)

**Abstract:** We analyzed the genetic diversity of eight natural populations of *Rosa longicuspis* Bertoloni in Yunnan by simple sequence repeats (SSR) markers. The result showed that 77 alleles were detected by 14 polymorphic SSR primers. At the species level, the Nei's genetic diversity ( $H_e$ ) was 0.3139 and the Shannon information index ( $I$ ) was 0.4747 abundant. It was 65.47% of genetic variation within populations, and 34.53% of genetic variation among populations. So the genetic variation within populations was the main cause of the genetic variation. The Nei's pairwise genetic identity was 0.7879–0.8986, and genetic distance was 0.1070–0.2384. The eight populations were clustered into 3 groups based on genetic distance, showing that the genetic distance was not significantly affected by the geographic distance. The elevation of population growth was positively correlated with  $H_e$ , with the correlation coefficient 0.8771 ( $P < 0.01$ ). The results reveal that the genetic diversity of the populations of *Rosa longicuspis* Bertoloni in Yunnan is abundant and the genetic variation among populations has medium genetic differentiation. Conservation strategy should be included *in situ* conservation and *ex situ* conservation based on the observed genetic information of populations.

收稿日期: 2012-01-11 修回日期: 2012-05-07 网络出版日期:

URL:

基金项目: 公益性行业(农业)科研专项(200903020); 云南省重点新产品开发(2011BB013); 云南省科技创新强省计划(2007C0004Z); 国家自然科学基金(30660117); 国家“863”计划(2006AA100109)

作者简介: 邱显钦, 博士研究生, 主要从事月季遗传资源研究。E-mail: xianqin711@hotmail.com

通讯作者: 张颢, 研究员, 主要从事月季遗传育种研究, E-mail: zhanghao7898@sina.com

**Key words:** *Rosa longicuspis* Bertoloni; population; genetic diversity; SSR

长尖叶蔷薇(*Rosa longicuspis* Bertoloni)又名粉棠果,为蔷薇科(Rosaceae)蔷薇属(*Rosa* L.)高大藤本植物<sup>[1]</sup>。该种具有花相壮观、开花期长、叶片光亮、四季常绿、抗病性强等优良性状,是藤本和聚花类型重要的种质资源,具有良好的园林花木绿化应用前景<sup>[2]</sup>。该种广泛分布于我国西南地区,产于云南、四川、贵州<sup>[1]</sup>等地。据中医药研究表明,该种有收敛固涩的功能,主要用于痢疾、尿频、淋症等,具有较高的药用价值<sup>[3]</sup>。但近年来,随着云南省旅游业的发展和耕地的减少,长尖叶蔷薇种质资源受到不同程度的影响和破坏,与标本馆记录和资料记载相比,滇中和滇西北分布范围显著缩小,居群数量也逐年减少<sup>[4-5]</sup>。因此,对该种天然居群进行搜集和遗传多样性研究势在必行。

近年来,长尖叶蔷薇的研究主要集中在种子发芽率<sup>[2]</sup>、染色体倍性<sup>[6]</sup>和分子标记等<sup>[7-8]</sup>方面,而关于区系地理、居群遗传多样性等方面的研究在国内鲜见报道。本研究应用SSR分子标记技术,对分布于滇中和滇西地区的8个长尖叶蔷薇自然居群的遗传多样性进行研究,可了解该地区长尖叶蔷薇居群遗传变异和遗传分化状况,揭示生态环境因素与遗传分化的相关联系,进而为长尖叶蔷薇遗传资源的保护和保存、引种驯化以及开发利用等提供基础资料和理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

遵循居群生态学的原理和方法<sup>[9]</sup>,选取8个长尖叶蔷薇天然居群(表1),每个居群选取20株生长状况良好的植株,每株之间的水平距离或垂直距离不小于30 m。采摘其健康幼嫩叶片,用硅胶干燥处理,置于-20℃冰箱保存。

### 1.2 SSR分析

基因组DNA提取方法参照CTAB法<sup>[10]</sup>。从荷兰瓦格林根大学引进14对SSR引物,这些引物分布在蔷薇属不同染色体上(表2),在一定水平上代表全基因组水平,由Tiangen公司合成。PCR反应体系总体积为10 μl,其中1.2 μl 25 mmol 10×buffer, 1.2 μl 2.5 mmol dNTPs, 0.8 μl 25 mmol Mg<sup>2+</sup>, 0.5 μl 10 μm primer F, 0.5 μl 10 μm primer R, 0.5 U *Taq* DNA聚合酶, 80 ng DNA模板。反应程序为:94℃预

表1 长尖叶蔷薇采样居群原产地的地理因子<sup>1</sup>

Table 1 The geography factors of populations of *Rosa longicuspis* Bertol.

居群	北纬	东经	海拔/m
Population	North Latitude	East Longitude	Altitude
弥勒(红河)ML	24°34'12"	103°23'30"	1966
团结乡(昆明)TJX	25°06'06"	102°31'14"	2263
小哨(昆明)XS	25°11'05"	102°56'04"	2076
松花坝(昆明)SHB	25°11'25"	102°48'32"	2119
鸡街乡(昆明)JJX	25°38'23"	102°50'59"	2553
大丽线(大理)DLX	26°06'02"	100°10'27"	2563
文笔山(丽江)WBS	26°47'39"	100°10'30"	3089
玉峰寺(丽江)YFS	26°59'49"	100°11'57"	2679

表中的地理坐标和海拔高度均为各个居群的中心位置。ML: Mile (Honghe); TJX: Tuanjiexiang (Kunming); XS: Xiaoshao (Kunming); SHB: Songhuaba (Kunming); JJX: Jijiexiang (Kunming); DLX: Dalixian (Dali); WBS: Wenbishan (Lijiang); YFS: Yufengsi (Lijiang)。Geographical coordinates and altitudes in the table are the central location of the each population.

变性5 min后,94℃DNA变性45 s,退火温度30 s,72℃延伸1 min,30个循环,最后72℃延伸10 min。扩增产物的电泳和染色方法参照文献<sup>[7]</sup>。

### 1.3 数据分析

根据每个个体电泳结果显示的条带位置的不同分型。应用Popgene 1.32软件<sup>[11]</sup>进行分析,统计下列参数:多态位点百分率(PPB)、香农指数(*I*)、Nei's基因多样性指数(*He*)、总的基因多样性(*Ht*)、居群内的基因多样性(*Hs*)、平均每个位点观察等位基因数(*Na*)、平均每个位点的有效等位基因数(*Ne*)、遗传分化系数(*Gst*)、基因流强度(*Nm*) (即居群间每一个世代迁移的个体数)。据Popgene计算得到的Nei's遗传距离(*D*)和遗传一致度(*I*)进行聚类,分析各居群之间的遗传关系。用SAS 9.0计算海拔与Nei's基因多样性的相关性。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR的扩增结果

利用14对引进的SSR引物对8个居群160份个体基因组进行PCR扩增,共检测到77个等位位点,平均每对引物为5.5个位点(表2,图1)。

表 2 14 对 SSR 引物的扩增结果

Table 2 14 SSR primers selected and their amplification results

引物 Primers	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	染色体分布 Linkage group	退火温度(°C) Annealing temperature	等位位点数 No. of alleles
RhAB22	F:GCATCACCACATAATCATATAGTGC R:GTTTCTTCAATCCGGCAATTTGTTCAA	1	55	5
RhB303	F:CACTGCAACAACCCAATAGC R:GTTTCTTGTCTTCAGCTTAGACTGTGCTG	2	55	6
RhP519	F:GGCGGTGTCAATAAGTGAAGAGG R:GTTTCTTACTTCTCTCCACATCCTCAGTTTCA	3	56	5
RhE0506	F:GAAGCCTCAGCAGCATCTCAAAT R:GTTTCTTCAAGTCCAACAAGCCCATTTGG	4	55	7
RhP507	F:GCATTGAACCTATTATTAGCCCTCA R:GTTTCTTTGGATGAAGTCTCCCAAATT	5	58	5
RhAB40	F:AATTTGTGTCAATGCCAAACAC R:GTTTCTTGTCTCCAACCCATCGAGGTTTG	6	61	4
RhE2b	F:CTTTGCATCAGAATCTGCTGCATT R:GTTTCTTGCAGACACAGTTCATTAAGCAG	7	56	6
RhP518	F:TTCGATCTCCATCTGCAAGA R:GTTTCTTCTTATAATCTATTACGAAGGCTGG	1	55	7
RhBK4	F:TTCGATCTCCATCTGCAAGA R:GTTTCTTCTTATAATCTATTACGAAGGCTGG	2	55	6
RhD206	F:TTCGATCTCCATCTGCAAGA R:GTTTCTTCTTATAATCTATTACGAAGGCTGG	3	56	5
RhE2a	F:CATGCA ATTCCA AATTCTACCCG R:GTTTCTTCTGGTCTCTTTACCTGAAAATGC	4	55	5
RhE3	F:AGATACCCCTTACTTGCATGAATGC R:GTTTCTTGGTTACCTCCAA AACCAGAAACC	5	58	6
RhI402	F:TCCCATCTTGCTAAGTGCTT R:GTTTCTTCAAGGTAAGTACTGAGCCGATT	6	61	4
RhJ404	F:AGGAATCATCCACATTTCAAGTGAAGC R:GTTTCTTCCCACCAA AGTTGCCCGCTAA	7	61	6
合计 Total				77
平均 Mean				5.5

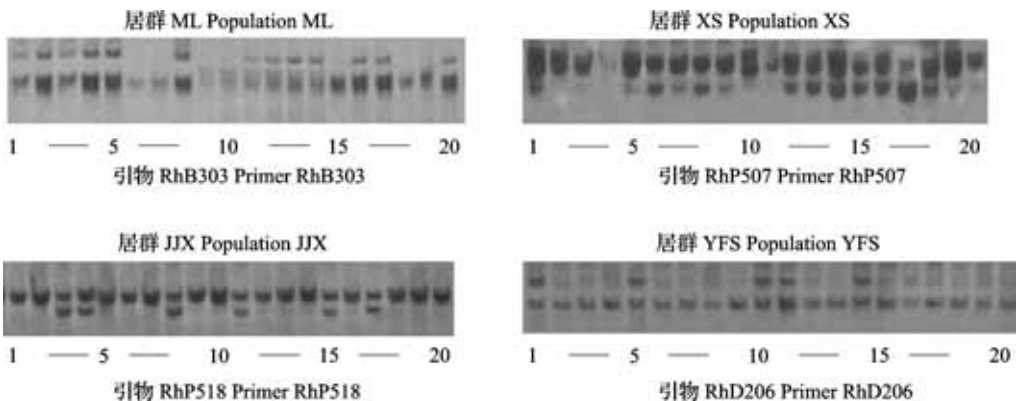


图 1 部分 SSR 引物对部分居群样本的 PCR 扩增结果

Fig. 1 The results of PCR amplification with SSR primers in populations

## 2.2 居群遗传多样性分析

应用 Popgene 1.32 软件对长尖叶蔷薇 8 个居群的遗传多样性进行统计分析,结果如表 3 所示。在物种水平上,多态位点百分率为 97.56%,*Nei's* 基因多样性指数为  $0.3139 \pm 0.1554$ ,香农指数  $0.4747 \pm 0.2003$ 。在居群水平上,8 个居群的平均多态位点百分率为 54.57%,平均 *Nei's* 基因多样性指数为

$0.2055 \pm 0.2065$ ,平均香农指数为  $0.3032 \pm 0.2934$ 。在 8 个居群中,各居群间的遗传多样性差别较大,各居群的遗传变异由高到低依次为 WBS 居群 > YFS 居群 > DLX 居群 > JJX 居群 > TJX 居群 > SHB 居群 > XS 居群 > ML 居群,其中 WBS 居群的遗传多样性水平最高,ML 居群的遗传多样性水平最低。

表 3 8 个长尖叶蔷薇居群的遗传多样性分析

Table 3 The genetic diversity among 8 populations of *R. longicuspis*

居群 Population	NPL	PPB(%)	<i>N<sub>a</sub></i>	<i>N<sub>e</sub></i>	<i>H<sub>e</sub></i>	<i>I</i>
弥勒 ML	34	41.46	1.4146 ± 0.4957	1.2493 ± 0.3511	0.1468 ± 0.1924	0.2200 ± 0.2787
团结乡 TJX	43	52.44	1.5244 ± 0.5025	1.3635 ± 0.4072	0.2040 ± 0.2143	0.2988 ± 0.3040
小哨 XS	38	46.34	1.4634 ± 0.5017	1.2869 ± 0.3685	0.1671 ± 0.1997	0.2492 ± 0.2874
松花坝 SHB	39	47.56	1.4756 ± 0.5025	1.3113 ± 0.3849	0.1780 ± 0.2067	0.2630 ± 0.2955
鸡街乡 JJX	45	54.88	1.5488 ± 0.5007	1.3830 ± 0.4049	0.2156 ± 0.2141	0.3156 ± 0.3041
大丽线 DLX	50	60.98	1.6098 ± 0.4908	1.3895 ± 0.3949	0.2229 ± 0.2068	0.3307 ± 0.2922
文笔山 WBS	57	69.51	1.6951 ± 0.4632	1.4436 ± 0.3841	0.2559 ± 0.1987	0.3800 ± 0.2795
玉峰寺 YFS	52	63.41	1.6341 ± 0.4846	1.4639 ± 0.4294	0.2538 ± 0.2195	0.3684 ± 0.3060
平均 Mean	44.75	54.57	1.5457 ± 0.4927	1.3614 ± 0.3906	0.2055 ± 0.2065	0.3032 ± 0.2934
物种水平 Species level	80	97.56	1.9756 ± 0.1552	1.5287 ± 0.3241	0.3139 ± 0.1554	0.4747 ± 0.2003

NPL:多态位点数;PPB:多态位点百分率;*N<sub>a</sub>*:观察的等位基因数;*N<sub>e</sub>*:有效等位基因数;*H<sub>e</sub>*:基因多样性;*I*:香农指数

NPL:Numbers polymorphic loci;PPB:Percentage of polymorphic loci;*N<sub>a</sub>*:Observed number of alleles;*N<sub>e</sub>*:Effective number of alleles;*H<sub>e</sub>*:*Nei's* gene diversity *Nei's*; *I*:Shannon's Information index

## 2.3 居群遗传结构分析

通过对长尖叶蔷薇 8 个自然居群的结构分析,其总的基因多样性(*H<sub>t</sub>*)为  $0.3139 \pm 0.0241$ ,居群内的基因多样性(*H<sub>s</sub>*)为  $0.2055 \pm 0.0127$ ,居群间的遗传分化系数(*G<sub>st</sub>*)为 0.3453。这表明在物种水平上,有 34.53% 的遗传变异存在于居群间,65.47% 的遗传变异存在于居群内,居群内的遗传分化大于居群间的遗传分化,居群内变异是其居群的主要变异来源。居群间的基因流(*N<sub>m</sub>*)为 0.7479,表明居

群间基因流较弱。

## 2.4 遗传距离和聚类分析

为了进一步比较长尖叶蔷薇各居群间的遗传关系,本试验根据 *Nei*<sup>[12]</sup> 计算出不同居群间的遗传距离和遗传一致度(表 4)。居群间遗传一致度范围为 0.7879 ~ 0.8986,遗传距离范围为 0.1070 ~ 0.2384。WBS 和 YFS 居群之间一致度较高达到 0.8986,而 TJX 和 YFS 居群之间的遗传一致度较低,为 0.7879。

表 4 长尖叶蔷薇 8 个居群间 *Nei's*(1972) 遗传一致度(对角线上方)和遗传距离(对角线下方)

Table 4 *Nei's* pairwise genetic identity (above diagonal) and genetic distance (below diagonal) between populations of *R. longicuspis*

	ML	TJX	XS	SHB	JJX	DLX	WBS	YFS
弥勒 ML	—	0.8187	0.8134	0.8599	0.8171	0.8757	0.8502	0.8707
团结乡 TJX	0.2000	—	0.8919	0.8107	0.8000	0.8586	0.8278	0.7879
小哨 XS	0.2066	0.1144	—	0.8395	0.8285	0.8851	0.8740	0.8572
松花坝 SHB	0.1509	0.2098	0.1749	—	0.8354	0.8509	0.8623	0.8727
鸡街乡 JJX	0.2020	0.2232	0.1881	0.1798	—	0.8039	0.7905	0.8151
大丽线 DLX	0.1328	0.1525	0.1221	0.1615	0.2183	—	0.8894	0.8771
文笔山 WBS	0.1623	0.1890	0.1347	0.1482	0.2351	0.1172	—	0.8986
玉峰寺 YFS	0.1385	0.2384	0.1540	0.1361	0.2045	0.1311	0.1070	—



根据两两居群间的遗传距离进行聚类(图 2),在遗传距离为 0.21 时 8 个居群大致可分为 3 组:来自昆明的 XS、TJX 和 SHB 居群聚为一组;来自丽江的 WBS、YFS,来自大理的 DLX,与来自红河的 ML 分别聚为一组;来自昆明的 JJX 单独为一组。这说明云南省分布的 8 个长尖叶蔷薇居群并没有严格依据地理距离的远近而聚类,遗传距离与地理位置的相关性不太显著。

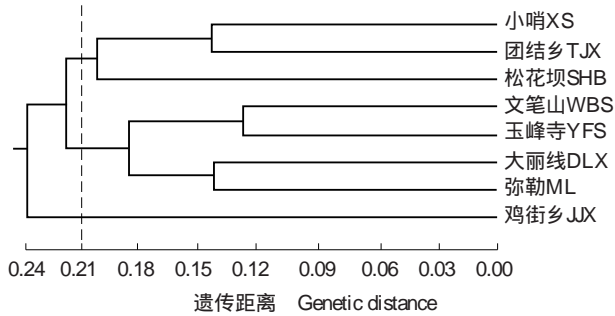


图 2 基于长尖叶蔷薇 Nei's 遗传距离的聚类图

Fig 2 The dendrogram of 8 populations of *Rosa longicuspis* Bertol. based on Nei's genetic distance

## 2.5 海拔与居群遗传多样性的关系

云南地区长尖叶蔷薇各采集点海拔差异较大,海拔与 Nei's 基因多样性显著正相关,相关系数为 0.8771 ( $P < 0.01$ )。WBS 和 YFS 海拔最高,其遗传多样性最为丰富,而海拔相对较低的居群 ML、XS 和 SHB,其遗传多样性也较低。

## 3 讨论

### 3.1 长尖叶蔷薇的遗传多样性

Karron<sup>[13]</sup>指出,比较同属种具有相似系统发育史和生态特征的广布种和狭域种的遗传多样性会很有意义。Nei's 指数和香农指数既能反映条带的丰富程度,又能反映其均匀程度,丰富度与均匀度是衡量遗传多样性的 2 个重要指标<sup>[11]</sup>。Nei's 指数计算的各居群遗传多样性比香农指数计算的值偏低,但二者估计的各居群内平均遗传多样性的变化趋势一致。本研究的 8 个长尖叶蔷薇居群,其物种水平的 Nei's 基因多样性指数和香农信息指数分别为 0.3139 和 0.4747,与蔷薇属其他种相比较,不仅高于广布种的峨眉蔷薇 (*Rosa omeiensis* Rolfe) ( $He = 0.1960, I = 0.3166$ ) 和绢毛蔷薇 (*Rosa sericea* Lindley) ( $He = 0.1425, I = 0.2296$ )<sup>[14]</sup>,还高于狭域种的大花香水月季 (*Rosa odorata* Sweet var. *gigantea* Rehd. et Wils.) ( $He = 0.3012, I = 0.4600$ )<sup>[15]</sup>。

该种居群遗传多样性相对较高,其原因可有以下几种解释:(1) 云南是蔷薇属的起源中心和分布中心<sup>[4]</sup>;(2) 该种 8 个天然居群的伴生植物中均有蔷薇属其他植物存在,因此这些同属不同种植物可能对长尖叶的高遗传多样性贡献了部分的遗传因子。

### 3.2 长尖叶蔷薇的遗传分化

植物居群间的遗传分化是长期进化的结果,包括分布范围的改变、生境的片断化和居群的隔离等,是基因突变、遗传漂变、交配系统、基因流以及自然选择等因素的综合反映<sup>[16]</sup>。长尖叶蔷薇居群在 SSR 分子水平上,其遗传分化系数为 0.3453,高于双子叶植物 ( $Gst = 0.2730$ ) 和木本植物 ( $Gst = 0.2280$ ) 遗传分化系数的平均值<sup>[17]</sup>,说明其居群间均已产生较高水平的遗传分化。基于  $Gst$  值,利用 McDermott 和 McDonald 的方法检测到长尖叶蔷薇居群间的基因流大小为  $Nm = 0.7479, Nm < 1$ ,居群间的基因流交流匮乏。长尖叶蔷薇不同居群间地理距离较大,导致各居群的开花期不同,即使具有较为接近开花期的居群其间高大山脊的阻隔也使花粉的传播受到极大的阻碍。此外,种子散布机制对居群间  $Gst$  值具有显著影响,靠重力散布种子的植物具有相当强的居群趋异特征<sup>[18]</sup>,而长尖叶蔷薇的果实正是依靠重力传播,种子需要经较长期的休眠后才能萌发。因此分析认为上述因素的综合作用是导致长尖叶蔷薇居群间较低水平基因流的主要原因。

### 3.3 长尖叶蔷薇的传播模式和保护建议

确定长尖叶蔷薇的传播模式对该种的起源与保护具有十分重要的作用。云南地区的 8 个长尖叶蔷薇居群的遗传距离与地理位置存在显著正相关,由此可以推测其基因流的传播模式为邻里模式<sup>[19]</sup>,即各居群间并非彼此孤立,最早可能是彼此相连的一个大群体,由于生境断裂而分离。从 8 个长尖叶蔷薇居群海拔与遗传多样性之间的关系分析发现,居群海拔越高,其遗传多样性越丰富,表明长尖叶蔷薇最初分布在海拔较高的地区,在雨水、重力和风力的作用下,其种子向四周传播,从而形成了高海拔较低海拔遗传多样性丰富的现象。但因所采集居群数量有限,故上述假设还需在密集采样地点分析居群关系的基础上进行验证。

生物多样性是具有巨大经济价值的重要自然资源<sup>[20]</sup>。云南拥有非常丰富的蔷薇野生种质资源,与栽培品种相比,野生种具有显著的抗逆性<sup>[4]</sup>。但因长尖叶蔷薇多分布于路旁、溪边,受人类活动的影响较大,开山修路和修建各种水利设施均会对该种的

遗传多样性造成毁灭性的破坏。因此,加强长尖叶蔷薇野生资源的保护和利用势在必行。物种保护的主要目的是通过保护尽可能多的遗传多样性以保护物种进化的最大潜能<sup>[21]</sup>。考虑到长尖叶蔷薇居群存在中度的遗传分化,单独保护其中一个居群对保护整个物种的遗传变异是不够的。因此,在对该种资源进行就地保护时,应设立多个保护点,保护自然居群及其周围生境,让其进行自然更新,扩大该居群的规模;在迁地保护时,应通过加大居群间种子和幼苗的交流,人为创造基因交流和重组的条件,保存该种植物的遗传多样性<sup>[18,22]</sup>。长尖叶蔷薇是中国西南地区重要的植物资源之一,保护和利用好该种质资源,对今后培育抗逆性的大型聚花类园林观赏植物具有重要的现实意义。

#### 参考文献

- [1] Gu C Z, Robertson K R. Flora of China (Vol. 9) [M]. Beijing: Science Press, 2003: 339-381
- [2] 李卉, 张启翔, 潘会堂, 等. 短期冷藏对蔷薇属植物种子发芽率的影响[J]. 种子, 2009, 28(9): 1-4
- [3] 云南卫生局. 云南中草药集[M]. 昆明: 云南人民出版社, 1975
- [4] 唐开学. 云南蔷薇属种质资源研究[D]. 昆明: 云南大学, 2009
- [5] 蹇洪英, 张颢, 张婷, 等. 香水月季不同变种的染色体及核型分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(4): 457-461
- [6] Morisot A, Ricci P. Second International Symposium on Roses [C]. Netherland: International Society for Horticultural Science Press, 1995
- [7] 邱显钦, 张颢, 李树发, 等. 基于 SSR 分子标记分析云南月季种质资源亲缘关系[J]. 西北植物学报, 2009, 29(9): 1764-1771
- [8] 许凤. 90 份蔷薇属 (*Rosa* L.) 种质资源的 SSR 遗传多样性研究[D]. 重庆: 西南大学, 2009
- [9] 杜荣骞. 生物统计学[M]. 北京: 高等教育出版社, 1990: 10-23
- [10] Doyle J J, Doyle J L. Isolation of plant DNA from fresh tissue[J]. Focus, 1990, 12: 13-15
- [11] Yen F J, Yang R C, Boyle T B J. Popgene, the User-friendly Shareware for Population Genetic Analysis[M]. Canada: Molecular Biology and Biotechnology Centre Press, 1997
- [12] Nei M. Genetic distance between populations[J]. Am Nat, 1972, 106: 283-292
- [13] Karron J D. A comparison of levels of genetic polymorphism and self-compatibility in geographically restricted and widespread plant congeners[J]. Ecology, 1987, 1: 47-58
- [14] 周宁宁. 峨眉蔷薇和绢毛蔷薇的居群遗传多样性研究[D]. 昆明: 云南农业大学, 2010
- [15] 邱显钦, 唐开学, 蹇洪英, 等. 云南大花香月季居群遗传多样性的 SSR 分析[J]. 华中农业大学学报, 2011, 30(3): 300-304
- [16] Schaal B A, Hayworth D A, Olsen K M. Phylogeographic studies in plants: problems and prospects [J]. Mol Ecol, 1998, 7: 465-475
- [17] Hamrick J L, Godt M J M, Sherman-broyles S L. Factors influencing levels of genetic in woody plant species[J]. New Forests, 1992, 6: 95-124
- [18] 李珊, 钱增强, 蔡宇良, 等. 金钱槭和云南金钱槭遗传多样性比较研究[J]. 植物生态学报, 2005, 29(5): 785-792
- [19] 曲若竹, 侯林, 吕红丽, 等. 群体遗传结构中的基因流[J]. 遗传, 2004, 26(3): 377-382
- [20] 钱迎倩, 马克平. 生物多样性研究的原理和方法[M]. 北京: 中国科学技术出版社, 1994: 123-140”中查看您添加的引用通知列表, 并且配置获取通知的方式。
- [21] Milligan B G, Leebens-Mack J, Strand A E. Conservation genetics: beyond the maintenance of marker diversity [J]. Mol Ecol, 1994, 12: 844-855
- [22] 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