

• 综述 •

我国药用植物遗传多样性研究进展

葛淑俊¹, 孟义江^{2*}, 李广敏³, 马峙英¹

(1. 河北农业大学农学院, 河北 保定 071001; 2. 河北农业大学生命科学学院, 河北 保定 071001;

3. 河北省农林科学院, 河北 石家庄 050051)

摘要:遗传多样性研究是保护和利用药用植物资源的前提和基础,也是研究物种起源和演化的依据。综述了用于该项研究的几种方法和近年来的研究进展,包括形态学标记、细胞学标记、生化标记和分子生物学技术,对所用方法的优缺点进行了比较,指出只有将几种方法有效地结合起来才能全面准确地了解某物种的遗传多样性并采取行之有效的保护和利用措施,最后对药用植物遗传多样性保护的重要性以及取样策略对研究结果的影响等进行了讨论。

关键词:药用植物;遗传多样性;取样策略

中图分类号:R282.2

文献标识码:A

文章编号:0253-2670(2006)10-1584-06

Research progress on genetic diversity in Chinese medicinal plants

GE Shu-jun¹, MENG Yi-jiang², LI Guang-min³, MA Zhi-ying¹

(1. College of Agronomy, Agricultural University of Hebei, Baoding 071001, China; 2. College of Life Science,

Agricultural University of Hebei, Baoding 071001, China; 3. Hebei Academy

of Agricultural and Forestry Sciences, Shijiazhuang 050051, China)

Key words: medicinal plants; genetic diversity; sampling strategy

作为最早开发的自然资源之一,药用植物资源目前面临着两个危机:一是野生植物资源蕴藏量和产量普遍存在着下降趋势;二是随着世界对植物药的逐渐认可,药用植物需求量不断增加,造成了对中药资源的超量采收,一些常用的植物类型日趋紧张,珍稀药用植物资源到了濒临灭绝的地步。目前全国甘草资源的蕴藏量较 20 世纪 50 年代减少了 60%;厚朴、杜仲、黄柏等资源量下降了约 86%。

药用植物基因资源保护和利用具有两层含义:一是药用植物丰富的基因资源及其多样性是持续发展的基础,对其多样性的保护应给予特别的重视;二是基因资源作为一种不同于常规意义的资源已经成为可争夺的又一重要战略资源。遗传多样性是用以衡量一个种、亚种或种群内基因变异性的概念,是生物多样性的基础。包括物种内多样性、物种间多样性、生态系统的多样性 3 个方面。在一个自然群体内,没有两个个体具有完全一致的遗传背景,高度的遗传多样性是维持物种长期生存的基础。研究发现,很多濒临灭绝的或受到严重威胁的物种具有非常高的遗传纯合性,在相当程度上,其灭绝是遗传多样性的减少或丢失引起的。因此对野生植物尤其是濒危植物进行遗传多样性研究,明确居群内及居群间的遗传变异水平,从而开展种质资源的鉴定、亲缘关系的划分、

挽救有限的资源类型、保存完整的基因型是生命科学研究的一个重点课题。

1 遗传多样性的研究方法及其在药用植物研究中的应用

从遗传多样性研究的历史看,早期的研究主要集中在形态学标记和细胞学标记上,从 20 世纪 60 年代起,等位酶、同工酶技术逐渐用于物种遗传多样性的研究,DNA 的多样性标记用于药用植物研究虽然只有五六年,但成绩斐然,为中药材的研究注入了新鲜活力,在中药鉴定、保护药用植物生物多样性、分析中药材的道地性及推进中药现代化等诸多方面展示了广阔的应用前景。

1.1 形态学标记:根据植物体的外部特征,如株高、叶形、叶色、果实颜色、形状、种子性状、抗病抗虫性等形态学标记对供试材料进行多样性研究。斯金平^[1,2]研究了厚朴 13 个种源的生长性状变异情况,发现不同种源的材料在树高、胸径、皮厚等方面存在着显著的变异性;葛颂等^[3~5]的研究表明,裂叶沙参 *Adenophora lobophylla* Hong 和 泡沙参 *A. potaninii* Korsh. 在茎叶性状、花部性状和果实、种子等 12 个形态学方面存在着非常广泛的遗传变异,其中以茎叶性状在群体中的变异性最高;曹瑞等^[6]发现肉苁蓉 *Cistanche deserticola* Y. C. Ma 在茎、鳞片叶、小苞片、花萼、花冠裂片、花冠上突起、

收稿日期:2006-01-13

基金项目:河北省自然科学基金资助(C204000318);河北省教育厅资助项目

作者简介:葛淑俊(1970—),女,河北滦县人,副教授,博士,从事植物组织培养和作物育种学的教学和科研工作。

Tel: (0312) 7528126 E-mail: augheshj@yahoo.com.cn.

* 通讯作者 孟义江 E-mail: meycjang@163.com

花色等性状上具有丰富的多样性,反映了原植物间的高度遗传杂合性以及对外界环境广泛适应的发育灵活性;对毛茛属 *Dendranthema vestitum* (Hemsl.) Ling^[7]、扶芳藤 *Euonymus fortunei* (Turcz.) Hand.-Mazz.^[8]、通江百合 *Lilium sargentiae* Wilson^[9]等的形态学研究均发现了丰富的遗传多样性的存在。

由于形态学标记受环境影响较大,在目前的研究中往往作为多样性鉴定的粗略估计或初步指标,要确切了解物种的遗传多样性,必须多方面综合研究才能完善,才能为保护生

物学提供可靠的依据。

1.2 细胞学标记:分析染色体的核型和带型以及染色体结构变异,如缺失、易位、非整倍体等特定的细胞学特征可以作为一种细胞学标记。细胞学标记应用范围较广,但其作为众多基因的“大包装”,很难看到其内部每个基因的变化细节,对染色体数目一样和形态都相似的种,或同一个居群内的不同个体来说,单纯用形态学和细胞学手段研究遗传多样性就失去了分辨能力。表 1 列出了近年来利用该技术研究药用植物遗传多样性的进展情况。

表 1 细胞学技术用于药用植物遗传多样性的研究进展(部分)

Table 1 Research progress on cytological technique used to genetic diversity of Chinese medicinal plants (part)

植物名称	材料来源	研究结果	文献
葱蒜属植物	12 个省区 18 个居群	我国的葱蒜属植物变异类型丰富,可以划分为 3 种 4 变种,并提出可能的演化关系	10
贝母属 (<i>Fritillaria</i> L.)	米贝母、瓦布贝母、浓密贝母、槽鳞贝母(四川彭州市、茂县)均为野生群体	米贝母的核型差异较大;染色体实际长度差异均较大,各个种之间具有明显区别,米贝母与瓦布贝母的核型均为 2B 型,浓密贝母为 3A 型,槽鳞贝母为更不对称的 3B 型	11
柴胡属植物	北柴胡、狭叶柴胡、柞柴胡、锥叶柴胡、大叶柴胡、五里木居群(辽宁千山、内蒙古海拉尔、满州里、黑龙江密山、加格达奇、肇东县)	柴胡属植物染色体数目变化较大,具有基数 4、6、8 的类群,其中基数 6 和 8 较为常见;多倍性现象普遍存在,发现了新的核型	12
西番莲属植物	紫果西番莲和变型黄果西番莲(福建)	紫果西番莲和变型黄果西番莲的核型之间并无明显差异,均是较原始的类型	13
百合属植物	东北产 8 种 2 变种	种内个体及不同居群间的染色体数目存在丰富的遗传多样性,变化为非整倍性	14
明党参 <i>Changiu smyrnioides</i> Wolff	南京紫金山野生居群和湖北咸宁居群	两个居群的核型不对称程度,并探讨了其演化路线	15
沪定百合 <i>Lilium sargentiae</i> Wilson	浙江杭州高峰、江苏南京老山、安徽滁州琅琊山、安庆大龙山、江西九江珠岭山	4 个居群间存在核型多型性,主要是染色体的杂合性及随体染色体位置的变化	16
毛茛属 (<i>Ranunculus</i> L.)	贵州遵义和云南沪定 2 个居群	居群间的差异是稳定的,而染色体的变异主要来自于居群的个体和细胞间	9
毛茛属 (<i>Ranunculus</i> L.)	高原毛茛、西南毛茛、石龙芮、毛茛、云生毛茛、卷喙毛茛(康定、峨眉山、成都)	6 种毛茛植物在染色体数目和核型上存在较大差异,并以此可以分析种属间的亲缘关系和进化顺序,毛茛组是该属内较进化的类群	17
野葛 <i>Pueraria lobata</i> (Willd.) Ohwi	江西上饶、抚州、吉安、九江	染色体数 $2n=22,2,3,5,7,11$ 号染色体属 2B 核型,未发现非整倍性变异和多倍现象	18

1.3 生化标记:在植物遗传多样性研究中,蛋白质尤其等位酶和同工酶是较常用的两种生化标记。等位酶是由同一基因位点的不同等位基因所编码的同一种酶的不同形式。同工酶是具有同一底物专一性的不同分子形式的酶,具有组织、发育及物种的特异性,是反映生物遗传变异的主要形式。这两种标记在药用植物遗传多样性研究中的应用见表 2。

由于两种酶都受到生物在发育过程中基因表达的时序控制,所以同一生物的不同发育期会表现出不同的酶谱,这给物种间关系的研究造成了一定的干扰。因此在分析研究中特别强调取材的一致性。另外,尽管等位酶的表现型与基因型有较好的关联,但其只能反映一部分功能基因(外显子)的情况,而对大部分功能基因和大量非功能基因无法表现,在应用范围上有一定的局限性。

1.4 分子标记技术:也称 DNA 分子诊断技术,是基于研究 DNA 分子由于缺失、插入、易位、倒位、重排或重复序列等机制而产生的多态性。DNA 分子标记技术大致可分为 3 类,其代表性技术及多态性水平见表 3。由于该标记所具有的明显的优点,如直接以 DNA 的形式出现,不受环境和其他因素的影响;多态性几乎遍及整个基因组;中性标记;有许多分子标记为共显性等,在药用植物研究中的情况见表 4。从研究结果看,RAPD 技术在药用植物研究中应用较多,而多态性较高、

稳定性较好的 AFLP 技术等则处于发展阶段,而且研究的植物种类有限,对于许多濒危、继续开展资源保护的类型还没有开始相应的研究工作,因此有待继续扩大研究范围,加强有关技术体系的建立和试验。

随着分子生物学的发展,已经有越来越多的分子标记技术用于遗传多样性研究,而且必将还会有新的标记技术出现。目前在其他植物或动物类型多样性研究中使用的标记技术:序列标记位点(sequence tagget site,STS)、测序扩增区段(sequence characterized amplified region,SCAR)、DNA 扩增产物指纹分析(DNA amplified fringerprinting,DAF)、小卫星 DNA (minisatellite)、差异显示(differential display)、逆转录 PCR (revert transcription RCR, RT-PCR)。

2 讨论

2.1 遗传多样性研究中的取样策略:尽管许多物种内存在着大量的遗传变异和不同的基因型,但由于人力和物力的限制,在资源的采集和研究中只能选取其中的一部分,因此存在着如何使一定数量的样本包含尽可能多的有用变异的问题。对此 1970 年 Allard 提出了最佳取样策略的概念,这一理念同样适用于生物多样性的研究。遗传多样性的取样策略是指对一定地理分布范围内的生物个体取样时,使样本具有代

表 2 生化标记用于药用植物遗传多样性的研究进展(部分)

Table 2 Research progress on biochemical markers used to genetic diveristy of Chinese medicinal plant (part)

植物名称	材料来源	标记性状	研究结果	文献
甘草属长莢果系 (<i>SerII. Longileyumata</i> X. Y. Li)	8 个种 12 个种群	EST	所研究的每个种都有明显的酶谱差异, 分别具有特征性谱带, 可以作为种群鉴别的依据	19
苍术 <i>Atractylodes lancea</i> (Thunb.) DC.	江苏金坛县薛埠、安徽太平县游山、湖北随州市草店乡和罗店共 4 个种源	MDH、GDH、PPO、SOD、PER	群体内遗传多样性丰富, 群体间分化的效果明显, 种内变异很大	20
川滇高山栎 <i>Quercus aquifolioides</i> Rehd. et Wils.	叶片, 沿雅鲁藏布江和尼洋河采集	AMP、PGD、PGM、SKD、MDH、PGI、EST、PER	该植物遗传变异水平随着海拔高度变化而不同; 在海拔 2 400~3 300 m 群体遗传变异水平较高, 而海拔 3 800 m 及 2 200 m 群体的遗传变异水平均有降低的趋势	21
杭州石芥 <i>Mosla hangchowensis</i> Matsuda 和石香薷 <i>M. chinensis</i> Maxim.	7 个居群(江苏连云港、浙江江山贺村、湖北利川和浙江杭州葛岭、普陀山千步沙、临海中山公园、天台华顶山、椒江中山公园、建德梅城祖师殿)	AMP、AAT、DIA、FBA、G6PD、GPI、GDH、IDH、MDH、ME、PGM、PGD、SKD、SOD、TPI	居群遗传多样性水平均较低, 杭州石芥的遗传多样性主要存在于居群之内, 石香薷的遗传多样性主要存在于居群之间	22
长白红景天 <i>Rhodiola angusta</i> Nakai	5 个居群, 黑龙江省大海林的平顶山和吉林省长白山的 4 个不同海拔群体	PGM、AAT、EST、PGI、DIA、ACP、IDH、PGD、ADH、LAP	天然种群中存在一定的遗传变异; 长白山 4 个居群的遗传变异随海拔的升高而上升, 居群间遗传分化很小; 5 个居群间存在明显的遗传分化	23
薏苡属植物	薏苡 6 居群、念慈薏苡 3 居群和慈米 2 居群来自黑龙江、南京、安徽滁县、杭州、南宁、海南詹县、浙江缙云	AAT、DIA、GDH、PPO、SOD	薏苡属遗传多样性水平普遍较低, 不能从遗传上将以上材料区分开	24
刺五加 <i>Eleutherococcus senticosus</i> Maxim.	3 个类群, 每类群 60 个芽, 取自东北林业大学帽儿山实验林场森林生态观测站	IDH、MDH、POD、CCO、ACP	种群的遗传变异和分化非常明显, 类群内和类群间基因多样性较高	25
金荞麦 <i>Fagopyrum dibotrys</i> (D. Don) Hara	云南省和四川西南共 5 个县 5 个天然居群	DIA、IDH、MDH、PGD、PGI、PGM、SKD	居群内维持有较高的遗传多样性, 多态位点比率为 56.7%, 遗传变异水平高于栽培荞麦	26
明党参 <i>Changium smyrnioides</i> Wolff	浙江杭州南高峰、江苏南京老山、安徽滁州琅琊山、安庆大龙山、江西九江珠岭山	PGI、DIA、ADH、SKD、MDH、IDH、ME、PGD、AAT、TPI	居群的遗传变异水平较低, 58% 的总基因位点变异来自于居群间, 42% 的变异存在于居群内	16
菘蓝 <i>Isatis indigotica</i> Fort.	二倍体栽培居群, 来自全国各地	PGM、PGI、PGD、HEX、IDH、MDH、LAP、AAT	不同栽培居群的等位酶谱有明显差别, 种内存在遗传变异	27
红豆杉 <i>Taxus yunnanensis</i> Cheng et L. K. Fu	云南金沙江流域 4 个小群体分单株采样	AAT、IDH、MDH、ME、PGD、PGI、PGM、SKD	天然群体遗传变异水平较高, 但群体间分化较小	28
柚 <i>Citrus grandis</i> (L.) Osbeck	重庆、广东、广西等 48 个品种	EST、PGI、PGM、SKD、SOD	品种间具有较为丰富的遗传多样性, 但种质资源群体总的遗传多样性水平偏低	29
缙云黄芩 <i>Scutellaria tsinyunensis</i> C. Y. Wu et S. Chow	重庆北碚缙云山 7 个居群 70 个个体	POD、CYT、SOD、AMY、EST	居群内个体间表现出较大的遗传同质性; 来源于不同居群的个体酶谱则明显的趋异性, 不同居群间遗传分化较明显	30
巴东木莲 <i>Manglietia patungensis</i> Hu	6 个野生居群, 63 个单株来自湖北巴东县、利川市、咸丰县和湖南张家界市、桑植县、石门县	ACP、 α -AMY、DIA、EST、GAL、PGI、PGM、PRX	具有较高的遗传多样性, 水平多态位点的百分数 (P_s) 为 66.7, 平均预期杂合度 (H_e) 为 0.178; 遗传变异的 89.3% 来自于居群内	31

表性和包含尽可能多的遗传变异的最佳取样方法, 包括了取样数目(一个给定区域的居群数和一个居群的个体数)以及取样方式。在哈迪温伯格平衡定律的指导下, 可以对居群内的取样个体数及应获取的居群数进行理论计算, 同时还可以根据物种居群的遗传结构特点和环境条件的异质性来决定取样的方式^[51]。李昂等^[52]研究了不同采样策略对细距堇菜 *Viola tenuicornis* W. Beck. 遗传多样性的影响, 结果表明从空间分布式样来看, 样本所覆盖的面积对遗传参数的估算有相当重要的影响, 样本覆盖面积占整个群体面积的比例越小, 遗传参数估算产生偏差的可能性越大; 样本在群体中所

处的空间位置对遗传参数的估算也有影响, 根据来自面积相同而位置不同的样本估算出的遗传参数会有很大差异; 从样本数量看, 每群体取 30 株时有较充分的代表性, 小于 20 个个体的取样可能引起遗传多样性估测出现大的偏差。

物种自身的生物学特性在很大程度上影响整个基因组的进化和遗传变异的格局, 因此在对居群的遗传多样性的保护研究方面, 不同类型植物的取样策略不同, 在不知道物种生物学特性和遗传背景的情况下, 对一个居群进行资源保护的随机取样数目可以确定在 30 个左右^[53]。Beck 对约旦野生大麦 16 个居群, 每个居群选取 13~20 个基因型用 SSR 进行

表 3 几种代表性的分子标记种类
Table 3 Several representative molecular markers

类别	核心技术	代表性技术	特点	多态性	创立者及年代
I	电泳技术和分子杂交技术	RFLP (restricted fragment length polymorphism)	以低拷贝序列为探针进行分子杂交,所需 DNA 量较大,检测方法繁琐,周期长,多态性频率较低	中	Grodzicker 等,1974
I	电泳技术和 PCR 技术	DNA 指纹技术	以重复序列为探针进行分子杂交	较高	Jeffrey 等,1985
		RAPD (random amplified polymorphism DNA)	利用一个随机序列的寡核苷酸(通常 10 个核苷酸)作引物,显性标记,不能有效鉴别杂合子,稳定性差	较高	William 等, 1990; Welsh 和 Mccl-ellard,1990
		SSP (simple sequence repeat)	利用某微卫星 DNA 两端的保守序列设计一对特异引物扩增该位点的微卫星序列,为共显性标记	高	Moore 等, 1991; Sollotterer 等,1991
		AFLP (amplified fragment length polymorphism)	根据限制性内切酶设计带有选择性碱基的引物,所需 DNA 样品量少,重复性强,多态性强	高	Zabeau 与 Vos,1993
II	DNA 序列分析	ITS (internal transcribed spacers)	根据 5.8 S,18 S 和 28 S 序列设计通用引物或特异引物	中	Gonzalez 等,1990

表 4 分子标记技术在药用植物遗传多样性研究中的应用(部分)
Table 4 Application in research of molecular markers used to genetic diversity of Chinese medicinal plant (part)

标记方法	植物名称	材料来源	研究结果	文献
RAPD	矮牡丹 <i>Paeonia suffruticosa</i> Andr. var. <i>spontanea</i> Rehd.	山西稷山、永济和陕西铜川、华山 4 个居群	铜川居群与其他居群分化较大,居群内遗传多样性处于中等水平,永济居群内个体间差异较高	32
	茶组植物	张宏达系统 24 种变种茶组植物	利用 RAPD 标记的 Nei&Li 氏系数和 UPGMA 法构建了茶组植物分子系统树,并进行 SHMM	33
	大血藤 <i>Sargentodoxa cuneata</i> (Oliv.) Rehd. et Wils.	浙江天台山	建立了大血藤 DNA 提取和 RAPD 标记的分析程序	34
	枸杞 <i>Lycium chinense</i> Mill.	宁夏和内蒙	从 DNA 水平能找出宁夏与内蒙枸杞的遗传差异,可用于枸杞道地品种鉴别	35
	木麻黄	粗枝木麻黄、普通木麻黄、细枝木麻黄、滨海木麻黄	4 种木麻黄之间的亲缘关系与血清学和化学分类学的结果一致	36
	桑树 <i>Morus alba</i> L.	新疆 9 个栽培群体	与传统划分结果基本一致	37
RAPD 和 ISSR	石斛	重庆南川 15 种石斛属植物	能有效鉴别所试石斛属植物,其多态位点百分率为 84.85%,表现出丰富的遗传多样性	38
	甘草	内蒙古、甘肃、新疆等地的 15 组甘草	得出 15 组甘草植物之间的亲缘关系	39
	地黄 <i>Rehmannia glutinosa</i> (Gaertn.) Libosch. ex Fisch. et Mey.	河南温县的 8 个品种和 2 个脱毒品系	RAPD 和 ISSR 标记均适合于地黄种质遗传多样性的分析,ISSR 较优于 RAPD 技术	40
ISSR	黄麻	非洲和中国 15 份野生种,中国、印度、越南、日本等地 12 份栽培种	两种标记均可揭示种间与种内的遗传多样性及其进化的亲缘关系	41
	银杏 <i>Ginkgo biloba</i> L.	13 个品种(江苏省国家林业局银杏种质资源收集圃)	可用于分析我国银杏主要栽培品种 ISSR 标记的多态性并寻找这些品种的鉴定指纹	42
		美国栽培群体和中国 3 个野生自然群体(浙江西天目山、贵州务川、湖北大洪山)	检测到了丰富的遗传变异,其中贵州务川群体的遗传多样性水平最高,江苏泰兴栽培群体较差	43
	鱼腥草 <i>Houttuynia cordata</i> Thunb.	四川、重庆、江苏、贵州等地 70 份材料	遗传差异较大,多态性带占 93.5%	44
DALP	人参 <i>Panax ginseng</i> C. A. Mey.	集安、敦化等地 10 个野山参和 5 个栽培品种	野山参的遗传多样性远高于栽培人参,野山参与栽培人参各自存在一条特异性条带	45
RFLP	柑桔	宜昌橙、遂川金桔等 5 种柑桔	pTA71—EcoR1、pTA71—Pst1、pTA71—BamH1、pTAT1—Bgl 1 4 种探针—酶组合在所研究的材料中均检测到分子水平的差异	46
ITS	黄草石斛 <i>D. drysanthum</i> Wall ex. Lindl.	14 个类群	ITS1 和 ITS2 在石斛种内保守,在种间有较大的差异,与外类群的差异最大,可作为中药黄草石斛分子鉴定的标记	47
AFLP	参类植物	人参、西洋参、引种西洋参	采用该技术提取干燥根的总 DNA,首次成功构建出多态性丰富和重复性好的 DNA 指纹图谱	48
	桑树	药用桑树	可鉴定品种指纹,检测品种的质量和纯度,辨别真伪;可用于建立各品种的指纹档案	49
	枳属植物	枳、富民枳和飞龙枳共 36 个种	7 对引物,在 539 条带中多态性带有 146 条;各种质间的遗传相似性在 0.23~0.98,聚类结果与地理来源没有明显的联系	50

了生态遗传多样性分析。Turpeinen^[27]对以色列10个野生大麦居群,每个居群取8~10个基因型采用 AFLP 进行了遗传多样性研究。Zhou^[19]用 SSR 对野生水稻12个居群每个居群19~25个基因型进行了遗传多样性和居群遗传结构研究,结果发现代表性较好。Angus^[6]以每个居群15个个体对12个冰草属居群亲缘关系进行了研究。Jin^[54]用 ISSR 对野生大豆自交一年生居群的居群遗传学研究和多次随机抽样的结果表明,35~45个样本能基本包含该居群100个样本中绝大部分的遗传变异。

2.2 药用植物遗传多样性保护的重要性及策略:从现有的研究结果看,药用植物不论是在种间还是在种内都存在着巨大的遗传多样性。这种多样性为人们研究物种间亲缘关系的远近、生物型的演化、自然居群的保护策略等具有重要的参考价值。尤其是对作为药用植物质量评价的有效成分或者说次生代谢产物的研究,由于其种类及其质量分数也存在着巨大的遗传变异,更有助于优质药源的选择与开发。这种变异虽然已为进化生物学者所熟知,但还尚未引起药物开发研究者的重视。如自然产生的三倍体欧苣草 *Achillea millefolium* L. 在生长季节可生成有毒害作用的甘菊色素,而相应的六倍体在同一季节的任何器官中都不存在该物质^[55];不同种源的厚朴,其厚朴酚量具有显著或极显著差异^[1];不同产地或同一产地不同甘草个体间甘草酸量不同。这种现象从本质上来讲是基因表达的结果。因此在强调环境因素(如温度、光照、营养等)变化对植物生长及次生代谢产物的重要性的同时,不能忽视遗传对生长及次生代谢产物的影响,即要充分认识到遗传多样性是物种的最基本的特性之一。这也是研究药材道地性的一个基本出发点。

在了解和掌握了所研究对象的遗传多样性结构状况后,可以制定相应的保护策略。对于居群间遗传多样性程度高于居群内的,如明党参,在就地保护时应该选择遗传多样性程度高的居群,而且由于遗传多样性主要保持在各居群之间,因此要保护较多居群或在迁地保护时尽量在较多居群取样,而每个居群可以少取样本。而对于居群内遗传多样性高于居群间的类型,如泸定百合,在进行遗传多样性保护时则可以在居群内多取样本,从而达到保护较多遗传类型的目的。当然还需要综合考虑原植物的现存数量、分布范围以及对生长环境条件的要求,从而制定相适应的保护措施。如濒危植物木根麦冬,现存状况是分布范围小,个体数量少,种群呈现衰退趋势。但由于该植物是一种热带雨林下的阴生植物,作为这个最复杂的生态系统的一个组分,迁地保护对其并不适合,一切保护措施必须在原生境进行,同时由于该植物的居群内与居群间都存在较高的遗传变异性,也要求只有就地保护才能保存最大的遗传多样性^[56]。

3 结语

从传统的形态学标记到蛋白质尤其是同工酶和等位酶技术的应用以及分子标记技术的发展,对药用植物从居群、种甚至到属水平的遗传变异研究逐渐深入,获得的信息也越来越丰富。然而,要认识复杂的生命现象,任何一种方法都不

是绝对的、万能的,各种技术应该是互相补充而决不是可以完全取代的。只有将形态学、地理学、古植物学、生态学、细胞学和 DNA 等各个方面的资料综合考虑,以细胞遗传学、数量遗传学、群体遗传学、现代生物技术理论等为指导,提高研究中的科学性和准确性,才能使人们的认识逐渐接近复杂的、不断变化着的生物界的客观实际,推动药用植物遗传多样性研究取得更大的进步。

References:

- [1] Tong Z K, Si J P, Liu R. Study on variation and inheritance of phenolic compound concentrations in *Magnolia officinalis* of different seed sources [J]. *Forest Res* (林业科学研究), 2000, 13(3): 257-261.
- [2] Si J P, Liu R, Cai T A, et al. Preliminary studies on heteromorphy of *Magnolia officinalis* from different provenances [J]. *J Zhejiang Forest Sci Technol* (浙江林业科技), 1998, 18(3): 13-17.
- [3] Ge S, Hong D Y. Biosystematic studies on *Adenophora potaninii* Korsh. Complex (campanulaceae) I. morphological plasticity [J]. *Acta Phytotax Sin* (植物分类学报), 1994(32): 489-503.
- [4] Ge S, Hong D Y. Biosystematic studies on *Adenophora potaninii* Korsh. Complex (campanulaceae) II. Genetic variation and taxonomic value of morphological characters [J]. *Acta Phytotax Sin* (植物分类学报), 1995(33): 433-443.
- [5] Ge S, Hong D Y. Studies of morphological and allozyme variation of the endangered *Adenophora lobophylla* and its widespread congener *A. potaninii* [J]. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 1999, 26(4): 410-417.
- [6] Cao R, Ma H, Wang Y C. Morphotype diversity of *Cistanche deserticola* [J]. *China J Chin Mater Med* (中国中药杂志), 2004, 29(1): 35-37.
- [7] Wang W K, Zhou C L, Dai S L. Flower morphological Variations of *Dendranthema vestitum* [J]. *J Beijing Forest Univ* (北京林业大学学报), 1999, 21(3): 92-95.
- [8] Pan Q H. Study on genetic diversity and stress-resistance selection in *Euonymus fortunei* [A]. *Dissertation of Doctor Degree in Beijing Forestry University* (北京林业大学博士论文) [D]. Beijing: Beijing Forestry University 2003.
- [9] Jia L, Lu Q L, Yu H. A study on genetic diversity of Zunyi population and mouding population of *Lilium sargentiae* Wilson [J]. *J Yunnan Univ: Nat Sci* (云南大学学报:自然科学版), 2003, 25(Suppl): 84-90.
- [10] Zhuang Y D, Pan Z H, Yao X M. Genetic variation and karyotypic evolution of *Coix* L. in China [J]. *J Plant Resour Environ* (植物资源与环境学报), 1994, 3(2): 16-21.
- [11] Wang S F, Song T Y. Report on the karyotypes of 4 species of the fritillaria [J]. *J Sichuan Normal Univ: Nat Sci* (四川师范大学学报:自然科学版), 1994, 17(6): 93-98.
- [12] Jiang C M, Xu N, Wang H Y, et al. Cytotaxonomical study on *Bupleurum* L. in northeast China I: karyology analysis of six taxa and their significance of taxonomy [J]. *Bull Bot Res* (植物研究), 1994, 14(3): 267-271.
- [13] Chen X J, Liu L X. Karyotype analysis of two major cultivated forms of *Passiflora* L. [J]. *J Fujian Agric Univ: Nat Sci* (福建农业大学学报:自然科学版), 1994, 23(1): 30-33.
- [14] Yang L P, Ding B, Liu X H, et al. Cytogenetic diversity in *Lilium* L. in northeast China [J]. *J Northeast Forest Univ* (东北林业大学学报), 1996, 24(5): 19-23.
- [15] Pan Z H, She M L, Liu X T, et al. On karyotypes and geographical distribution of endemic genera in Umbelliferae from China [J]. *J Plant Resour Environ* (植物资源与环境学报), 1995, 4(3): 1-8.
- [16] Qiu Y X, Huang A J, Fu C X. Studies on genetic diversity in *Changium smyrnioides* Wolff (Umbelliferae) [J]. *Acta*

- Phytotax Sin* (植物分类学报), 2000, 38(2): 111-120.
- [17] Luo H X. Study on karyotypes of six *Ranunculus* species in Sichuan [J]. *J Southwest Jiaotong Univ* (西南交通大学学报), 2004, 39(3): 411-414.
- [18] Fan S Y, Wu C J, Dong D K. The karyotype analysis of *Pueraria lobata* (Willd.) Ohwi from Jiangxi [J]. *Acta Agric Univ Jiangxi* (江西农业大学学报), 2004, 26(2): 239-241.
- [19] Pan D Y, Zhang Y X, Li X Y. A study on relationship of different species of *Glycyrrhiza longilegumata* through esterase isozyme [J]. *Bull Bot Res* (植物研究), 1994, 15(4): 477-484.
- [20] Zhu X Q, He S A. Genetic diversity in populations of *Atractylodes lancea* (Thunb.) DC. [J]. *J Plant Resour Environ* (植物资源与环境学报), 1995, 4(2): 1-6.
- [21] Li J, Chen K Y, Li B S. The variation of genetic diversity of *Quercus aquifoides* in different elevations [J]. *Acta Bot Sin* (植物学报), 1998, 40(8): 761-767.
- [22] Zhou S L, Zhang F, Wang Z R, et al. Genetic diversity of *Mosla hangchouensis* and *M. chinensis* (Labiatae) [J]. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 1998, 25(2): 173-180.
- [23] Yan T F, Zhou F J, Yan X F, et al. Genetic diversity and population differentiation of *Rhodiola angusta* [J]. *Bull Bot Res* (木本植物研究), 1999, 19(2): 184-194.
- [24] Ma J X, Pan Z H, Liu X T, et al. Analysis of genetic diversity and taxonomic relations among two species and one variety of *Coxi* L. [J]. *J Plant Resour Environ* (植物资源与环境学报), 1998, 8(4): 11-16.
- [25] Sun Z W, Zhou N, Yang C H. The isozyme and genetic differentiation of *Eleutherococcus senticosus*; genetic diversity of *Eleutherococcus senticosus* populations with different filament length [J]. *J Northeast Forest Univ* (东北林业大学学报), 1999, 27(3): 40-43.
- [26] Luo D Z, Hou X, Zhao Z C. Study on genetic diversity of *Fagopyrum dibotrys* population in southwest China [J]. *J Sichuan Normal Univ: Nat Sci* (四川师范大学学报: 自然科学版), 2000, 23(4): 421-424.
- [27] Wang Y, Qiao C Z, Wang Z R, et al. Allozyme analysis in different cultivated populations of *Isatis indigotica* Fort. [J]. *Acad J Second Mil Med Univ* (第二军医大学学报), 2000, 21(3): 209-212.
- [28] Wu L Y, Chen S Y. Genetic diversity and population differentiation of *Taxus yunnanensis* in the Jingsha river valley [J]. *J Cent South Forest Univ* (中南林学院学报), 2001, 21(3): 37-40.
- [29] Zhang T P, Peng S L, Wang Z F, et al. Allozyme variation in pomelo (*Citrus grandis* (L.) Osbeck) [J]. *J Trop Subtrop Bot* (热带亚热带植物学报), 2001, 9(1): 55-62.
- [30] Lin C S, He P, Deng H P. Studies on allozymic differentiation of *Scutellaria tsinyuensis* which is endemic to Mt. Jingpun of Chongqing [J]. *J Southwest China Normal Univ: Nat Sci* (西南师范大学学报: 自然科学版), 2002, 27(2): 219-225.
- [31] He J S, Huang H W. The allozyme diversity in *Manglietia patungensis* Hu [J]. *J Wuhan Bot Res* (武汉植物学研究), 2003, 21(6): 544-546.
- [32] Zou Y P, Cai M L, Zhang X Z. The genetic diversity and protection of *Paeonia suffruticosa* subsp. *spontanea* [J]. *Prog Nat Sci* (自然科学进展), 1999, 9(5): 468-472.
- [33] Chen L, Satoshi Y, Wang P S. Genetic polymorphism and molecular phylogeny analysis of Section *Thea* based on RAPD markers [J]. *J Tea Sci* (茶叶科学), 2002, 22(1): 19-24.
- [34] Li J M, Jin Z X, Bian C M, et al. DNA extraction and RAPD analysis of *Sarcoendoxa cuneata* [J]. *Bull Bot Res* (植物研究), 2002, 10(4): 12-15.
- [35] Li J, Guo Y H, Qin X M. Application of RAPD on identification of *Lycium barbarum* L. [J]. *Res Tradit Chin Med* (中医药研究), 2002, (3): 48-49.
- [36] Guo Q R, Lin Y M, Zhou H T, et al. Relationship analysis among four plants of Casuarinaceae by RAPD [J]. *J Xiamen Univ: Nat Sci* (厦门大学学报: 自然科学版), 2003, 5(3): 379-383.
- [37] Fu D X, Zhang H, Chen W, et al. RAPD analysis of nine populations of medicinal mulberry cultivated in Xinjiang [J]. *Chin Tradit Herb Drugs* (中草药), 2004, 35(9): 1053-1057.
- [38] Peng R, Li Q S, Li L Y. RAPD-based molecular identification of *Dendrobium* species [J]. *J Southwest Agric Univ: Nat Sci* (西南农业大学学报: 自然科学版), 2004, 26(4): 437-440.
- [39] Wang M G, Ge Y S, Chen L, et al. Relationship analysis of *Glycyrrhiza* by RAPD [J]. *J Wuhan Bot Res* (武汉植物学研究), 2004, 22(4): 289-293.
- [40] Zhou Y Q, Jiang J Z, Li Z Y, et al. Assessment of genetic diversity of *rehmannia glutinosa* germplasm detected by RAPDs and ISSRs [J]. *Hereditas* (遗传), 2004, 26(6): 922-928.
- [41] Qi J M, Zhou D X, Wu W R, et al. A comparison between RAPD and ISSR technology in detection of genetic diversity of Jute [J]. *Scientia Agric Sin* (中国农业科学), 2004, 37(12): 2006-2011.
- [42] Shen Y B, Shi J S, Zhao H L, et al. Identification of the main cultivated varieties of *Ginkgo biloba* using ISSR DNA marker [J]. *Scientia Silve Sin* (林业科学), 2005, 41(1): 202-204.
- [43] Ge Y Q, Qiu Y X, Ding B Y, et al. An ISSR analysis on population genetic diversity of the relict plant *Ginkgo biloba* [J]. *Chin Biodiv* (生物多样性), 2003, 11(04): 276-287.
- [44] Wu W, Zheng Y L, Chen L, et al. Analysis on genetic diversity of germplasm resources of *Cordate houttuynia* by ISSR marker [J]. *World Sci Technol—Modern Tradit Chin Mater Med* (世界科学技术—中医药现代化), 2003, 5(1): 69-86.
- [45] Wang Q, Cheng Z, Zhang L, et al. Distinguishing wild *Panax ginseng* from cultivated *Panax ginseng* based on direct amplification of length polymorphism (DALP) analysis [J]. *J Fudan Univ: Nat Sci* (复旦学报: 自然科学版), 2004, 43(6): 1030-1034.
- [46] Xiao S X, Zhang W C. Study on the application of RFLP markers in assessing *Citrus* genetic diversity [J]. *J Frut Sci* (果树科学), 1995, 12(1): 1-4.
- [47] Xu H, Li X B, Ding X Y, et al. rDNA ITS sequencing of herba *Dendrobii* (Huangcao) [J]. *Acta Pharm Sin* (药学报), 2001, 36(10): 777-783.
- [48] Luo Z Y, Zhou G, Zhou S Q, et al. Construction of genomic DNA fingerprinting in *Panax ginseng* and *P. quinquefolium* by AFLP [J]. *Acta Pharm Sin* (药学报), 2000, 35(8): 626-629.
- [49] Wang Z W, Yu M D, Lu C. AFLP molecular marker technique and its application in the study of *Mulberry* genetics and breeding [J]. *Canye Kexue* (蚕业科学), 2000, 26(Suppl): 20-25.
- [50] Pang X M, Deng X X, Hu C G. Construction of AFLP fingerprint of 36 *Poncirus* accessions [J]. *Acta Horti Sinica* (园艺学报), 2003, 30(4): 394-398.
- [51] Jin Y, Lu B R. Sampling strategy for genetic diversity [J]. *Biodiv Sci* (生物多样性), 2003, 11(2): 155-161.
- [52] Li A, Wang K Q, Ge S. Genetic diversity within and among populations of *Viola tenuicornis* with reference to sampling strategies [J]. *Acta Bot Sin* (植物学报), 2000, 42(10): 1069-1074.
- [53] Yu L Q, Wang Z L, Sa R, et al. Study on genetic diversity of wild populations of *medicago falcate* [J]. *Grassland China* (中国草地), 2001, 23(1): 23-25.
- [54] Li Y J, Su J K. Study on the genetic diversity of the alfalfa local varieties (*Medicago sativa* L.) based on RAPD markers [J]. *Acta Agrest Sin* (草地学报), 1998, 6(2): 105-114.
- [55] Spurna V, Plchova S, Karpfel Z. Study of some biotypes in the genus *Achillea* [J]. *Naturwissenschaften*, 1970, 57: 196-197.
- [56] He T H, Rao G Y, You R L. Study on protecting biology of the endangered *Ophiopogon xyloanthus* [J]. *Nat Sci Prog* (自然科学进展), 1999, 9(10): 874-879.