

· 药材与资源 ·

基于 rDNA ITS 序列探讨我国冬虫夏草的遗传分化及分布格局

郝剑瑾¹, 程舟^{1*}, 梁洪卉¹, 杨晓伶¹, 李珊¹, 周铜水², 张文驹², 陈家宽²(1. 同济大学生命科学与技术学院, 上海 200092; 2. 复旦大学生命科学学院生物多样性科学研究所
生物多样性与生态工程教育部重点实验室, 上海 200433)

摘要:目的 探讨我国冬虫夏草的遗传分化及分布格局。方法 分析冬虫夏草 rDNA ITS 序列差异及构建分子系统树。结果 冬虫夏草 ITS1-5.8S-ITS2 序列在我国主要冬虫夏草产地 21 个居群间的差异较小, 遗传距离仅为 0~0.018。ITS1 和 ITS2 序列中的 GC 的量与冬虫夏草居群的纬度呈极显著正相关, 与居群的经度和海拔相关不显著。基于 ITS 序列的碱基变异将我国主要产地冬虫夏草分成 4 支, 其地理位置与纬度有关, 分别是环青海湖地区、青海中南部-甘肃-四川-西藏东北部区域、云南、西藏林芝米林地区。结论 基于 rDNA ITS 序列微小差异更能反映我国冬虫夏草资源在大尺度地理范围的分布格局, 进一步证实了冬虫夏草的遗传分化主要发生于不同纬度间。

关键词: 冬虫夏草; rDNA-ITS 序列; 遗传分化; 分布格局

中图分类号: R282.7 文献标识码: A 文章编号: 0253-2670(2009)01-0112-05

Genetic differentiation and distributing pattern of *Cordyceps sinensis* in China revealed by rDNA ITS sequencesHAO Jian-jin¹, CHENG Zhou¹, LIANG Hong-hui¹, YANG Xiao-ling¹, LI Shan¹, ZHOU Tong-shui², ZHANG Wen-ju², CHEN Jia-kuan²

(1. School of Life Science and Technology, Tongji University, Shanghai 200092, China; 2. Key Laboratory of Biodiversity Science and Ecological Engineering, Ministry of Education, Institute of Biodiversity Science, School of Life Science, Fudan University, Shanghai 200433, China)

Abstract : Objective To investigate the genetic differentiation and distributing pattern of *Cordyceps sinensis* in China. **Methods** Molecular phylogenetic tree was constructed by neighbour-joining analysis for the difference of ribosomal DNA internal transcribed spacers (rDNA ITS) of *C. sinensis*. **Results** Little difference in the ITS1-5.8S-ITS2 sequences were detected among the 21 populations of *C. sinensis* collected from the main producing areas in China. Their genetic distances just ranged from 0 to 0.018. The GC contents of ITS1 and ITS2 sequences showed extremely significant positive correlation with the latitudes of each *C. sinensis* populations, and no significant correlation with the longitudes and altitudes. Based on the ITS sequences, the *C. sinensis* from the main producing areas in China should be divided into four groups, which seems to match with the geographic distribution along latitudinal gradient, i. e. area around Qinghai Lake, area including Mid-southern of Qinghai-Gansu-Sichuan-Northeastern of Tibet, Yunnan, and Linzhi and Milin of Tibet, respectively. **Conclusion** The tiny difference of rDNA ITS sequences are more suitable for revealing the distributing pattern of *C. sinensis* resources with large geographic ranges in China. The results farther confirm that the genetic differentiation of *C. sinensis* exists among different latitudes.

Key words: *Cordyceps sinensis* (Berk.) Sacc.; rDNA ITS; genetic differentiation; distributing pattern

冬虫夏草 *Cordyceps sinensis* (Berk.) Sacc. 系 虫上所形成的子座及幼虫尸体的复合体, 是我国珍稀名贵中药材之一^[1,2]。由于冬虫夏草的分布区域

收稿日期: 2008-05-07

基金项目: 国家重点基础研究发展计划资助项目(2007CB411600); 上海市科委中药现代化专项(03DZ19547)

作者简介: 郝剑瑾(1983—), 女, 汉族, 山西省太原市人, 同济大学生命科学与技术学院生物医学工程专业硕士研究生, 研究方向为中药材资源保护及利用。 Tel: 13764658126 E-mail: jolinhao@gmail.com

*通讯作者 程舟 Tel: (021) 65985185 E-mail: chengzhou@tongji.edu.cn

特定,天然产量非常有限,加上生态环境的破坏和长期过度采挖,冬虫夏草野生资源的居群规律锐减,分布范围和发生数量已经出现明显的萎缩趋势,资源已濒临枯竭,亟需对其遗传特性及分布格局进行深入系统的研究,以便制定冬虫夏草资源的保护策略^[3]。基于形态性状和 ISSR 标记数据表明青海省的冬虫夏草在分布上表现出明显的地域性^[4]。陈永久等^[5,6]用 RAPD 标记研究了青藏高原部分地区冬虫夏草的遗传分化,但对我国主要产地的冬虫夏草资源的遗传多样性及分布格局尚未完全明了。

高等植物的核糖体 DNA (rDNA) 是由串联重复排列的单位组成,每个单位包括编码区和内转录间隔区,编码区包括 18S、5.8S 和 25S 基因,基因序列进化缓慢且相对保守;编码区之间为内转录间隔区 (internal transcribed spacer, ITS),依顺序分为第一转录间隔区 (ITS1) 和第二转录间隔区 (ITS2)。ITS 区序列进化速度较快,长度适中,可广泛用于真菌的系统学研究^[7]。迄今利用 ITS 序列证明中国被毛孢是冬虫夏草的无性型^[8,9],探讨了冬虫夏草及其相关类群的分子系统学问题^[10]及提供了虫草属的多元起源的分子生物学证据^[11]。用 ITS 序列分别分析了我国部分地区冬虫夏草的遗传变异及系统发育关系,但所获得的结果存在较大的差异^[12-14]。基于 ITS 序列探讨了冬虫夏草菌与虫草属真菌的系统发育关系,认为冬虫夏草菌与金针虫草 *C. agriota* Kaw. 的遗传关系较近,与虫草属其他真菌的关系较远^[15]。本研究基于 rDNA-ITS 序列对广泛采集于我国冬虫夏草主要产地青海、西藏、四川、云南和甘肃等 5 省区的 21 个冬虫夏草居群的遗传关系进行分析,探讨我国冬虫夏草资源的遗传分化及分布格局,对冬虫夏草的资源保护及可持续利用具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 材料:用于本实验的 21 个居群为 2004 年 5 月至 2007 年 6 月分别来自青海、西藏、四川、云南和甘肃 5 省区,基本包括了我国冬虫夏草主要产区。样品由青海省畜牧兽医科学院徐海峰先生鉴定为冬虫夏草 *Cordyceps sinensis* (Berk.) Sacc.。样品采集地的海拔及经纬度见表 1。

1.2 DNA 提取:在预实验中,从冬虫夏草玉树居群与共和居群中分别选取 5 个虫草,取冬虫夏草的子座部分,提取 DNA,用于扩增冬虫夏草菌 rDNA ITS 序列,结果显示该序列在冬虫夏草居群内没有差异。因此,本研究从每个冬虫夏草居群中随机选取 1 个虫草,取虫草子座约 10 mg,采用 CTAB 法提取 DNA,

并用 0.7% 的琼脂糖凝胶检测 DNA 质量^[4]。

1.3 PCR 扩增及序列测定:采用真核生物 rDNA ITS 序列扩增引物 ITS Primer A: 5'-CGTAGGT-GAACCTGC GGAA GGA TCA-3' 和 ITS Primer B: 5'-TTCCCTGTTCACTCGCCGTTACT-3',对冬虫夏草 rDNA ITS 序列进行 PCR 扩增^[8]。反应体系 50 μ L 含 2 mmol/L MgCl₂、0.25 mmol/L dNTPs、0.2 μ mol/L 引物、50 ng 模板、1 \times buffer 和 2 U Ex Taq DNA 聚合酶 (TaKaRa)。使用 Eppendorf Mastercycler Gradient PCR 仪进行扩增反应,扩增条件为 94 预变性 5 min;30 个循环:94 变性 1 min,55 退火 0.5 min,72 延伸 1 min;最后 72 延伸 10 min。将 PCR 扩增产物经电泳检测纯化后由上海基康生物技术有限公司测序。

1.4 ITS 序列分析:应用 Clustal X 软件进行 DNA 序列的对位排列并人工校正。运用一元线性回归分析法对冬虫夏草菌 rDNA ITS 序列中碱基 G 和 C 的百分比 (即 GC 的量) 与各冬虫夏草居群的纬度、经度和海拔进行相关性分析,计算相关系数 (r),并进行显著性检验。使用 MEGA3.1 软件,由全部排列位点的序列变异经成对删除后计算 Kimura 双参数距离,用邻接法 (neighbour-joining, NJ) 对 21 个居群的冬虫夏草构建分子系统树。将本实验测得的 21 个居群冬虫夏草 ITS1-5.8S-ITS2 序列登录 GenBank,登录号见表 1,并和 GenBank 中有代表性的相关同源序列进行冬虫夏草菌的系统发育分析,以蛹虫草 *C. militaris* L. Link 和中国拟青霉 *Paecilomyces sinensis* sp. nov. 作为外类群。遗传距离模型选择 Kimura 双参数模型,并采用重复抽样分析 1 000 次检验分子系统树各分支的置信度。

2 结果

2.1 ITS 序列分析:经对位排列,获得我国主要冬虫夏草产地 21 个居群的冬虫夏草 ITS1-5.8S-ITS2 序列,碱基序列长度均为 492 bp,其中 ITS1、5.8S 和 ITS2 的长度分别为 160、157 和 175 bp。5.8S 区段十分保守,在 157 个碱基中有 1 个碱基存在变异,变异率为 0.64%。在 ITS1 区间的 160 个碱基中有 3 个碱基存在变异,变异率为 1.88%。ITS2 区间变异较大,在 175 个碱基中有 9 个碱基存在变异,变异率达到 5.14%,表明不同产地的冬虫夏草的 ITS 序列存在一定的序列变异。一般采集地较近的居群,其序列基本一致,即使有变异也非常小,而地理分布较远的居群其序列变异相对较大。但也有采集地分布较远的居群其序列完全一致,如甘肃的玛曲居群 (MA)、碌曲居

表 1 21 个冬虫夏草居群的经度、纬度、海拔及 ITS 序列的 GC 的量

Table 1 Longitudes, latitudes, altitudes, and GC contents of ITS sequences in 21 populations of *C. sinensis*

居群及编号	采集地	经度/°	纬度/°	海拔/m	GC 量 [*] /%	登录号
祁连 QL	青海祁连县	100.22	38.02	2 700	72.24	EU545160
刚察 GC	青海刚察县	100.17	37.32	3 200	72.24	EU545161
天峻 TJ	青海天峻县	99.03	37.28	3 200	72.24	EU545162
湟中 HZ	青海湟中县	101.57	36.49	2 260	71.64	EU545163
共和 GH	青海共和县	100.61	36.27	3 200	72.24	EU545164
贵南 GN	青海贵南县	100.75	35.57	3 100	71.64	EU545165
兴海 XH	青海兴海县	99.99	35.06	4 300	71.64	EU545166
河南 HN	青海河南县	101.62	34.75	3 600	71.64	EU545167
碌曲 LQ	甘肃碌曲县	102.50	34.60	3 106	71.64	EU545168
玛沁 MQ	青海玛沁县	100.26	34.49	4 200	71.64	EU545169
玛曲 MA	甘肃玛曲县	102.04	33.97	3 473	71.64	EU545170
玉树 YS	青海玉树县	96.97	33.03	4 500	71.64	EU545171
石渠 SQ	四川石渠县	98.06	33.01	4 200	71.64	EU545172
杂多 ZD	青海杂多县	95.03	32.92	4 300	71.64	EU545173
比如 NQ	西藏比如县	93.68	31.53	4 000	71.64	EU545174
丁青 DQ	西藏丁青县	95.63	31.42	4 300	71.64	EU545175
康定 KD	四川康定县	101.95	30.03	4 200	71.64	EU545176
林芝 LZ	西藏林芝县	94.25	29.58	3 000	70.75	EU545177
米林 ML	西藏米林县	94.13	29.18	3 700	70.75	EU545178
德钦 TQ	云南德钦县	98.56	28.29	3 559	71.64	EU545179
云南 SG	云南香格里拉县	98.72	27.78	4 500	71.34	EU545180

* GC 的量为 ITS1 和 ITS2 序列共 335 个碱基中鸟苷(G)和胞苷(C)碱基的百分比

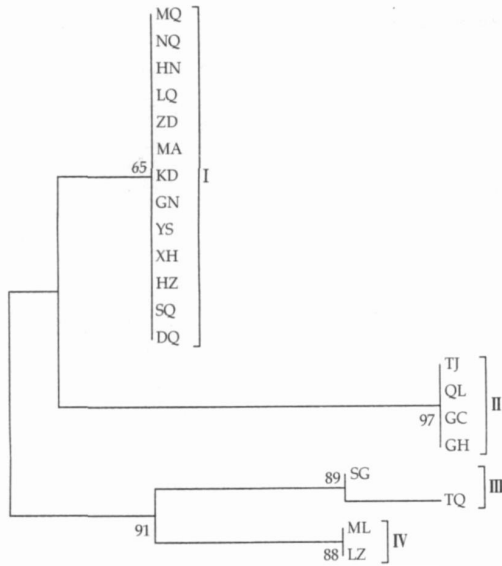
* GC Contents are percentage of guanosine (G) and cytidine (C) to ITS1 and ITS2 sequence with 335 bp

群(LQ)和西藏的那曲居群(NQ)等。在 ITS1 和 ITS2 序列共 335 个碱基中 GC 的量为 70.75%~72.24%，明显高于 AT 的量，且高纬度地区的冬虫夏草居群的 GC 的量要明显高于纬度较低地区的居群。对 GC 的量与各冬虫夏草居群的纬度、经度和海拔的相关性分析结果表明，GC 的量与冬虫夏草居群的纬度呈极显著正相关($r=0.740^{**}$)，与居群的经度($r=0.496$)和海拔($r=0.217$)相关不显著。

2.2 ITS 序列的聚类分析:基于 ITS 序列的碱基变异采用 MEGA3.1 软件获得的 21 个冬虫夏草居群的遗传距离为 0~0.018，构建的我国主要产地冬虫夏草的 NJ 分子系统树见图 1。NJ 系统树可将 21 个冬虫夏草居群明显地分成 4 支:第 1 支包括 13 个采自甘肃、青海中南部、四川及西藏东北部等地的冬虫夏草居群，它们的 ITS1-5.8S-ITS2 序列完全一致;第 2 支包括分布于环青海湖地区的共和、刚察、天峻和祁连 4 个冬虫夏草居群，4 居群的该段序列也完全一致;2 个采自云南香格里拉和德钦的冬虫夏草居群形成第 3 支，两者在该段序列上仅存在 1 个碱基的差异，遗传距离为 0.002;第 4 支有西藏的林芝和米林居群，两者的 ITS1-5.8S-ITS2 序列没有差异。

第 1 支和第 2 支的关系相对较近，两分支之间的遗传距离在 0.008~0.01。第 1 支和第 2 支的遗传距离最远，为 0.016~0.018。4 个分支经 1 000 次重复抽样后获得的置信度值分别为 65%、97%、89% 和 88%。结合 21 个冬虫夏草居群的采集地分析认为冬虫夏草存在较为明显的地域分布特征，这 4 个分支与居群所处的纬度有关。第 1 支、第 2 支、第 3 支和第 4 支居群的平均纬度分别为 100.01°、99.23°、98.64° 和 94.19°。

用本研究测得的 21 个冬虫夏草的 ITS1-5.8S-ITS2 序列和 GenBank 中有代表性的冬虫夏草及蛹虫草和中国拟青霉的同源序列构建的 NJ 分子系统树见图 2。冬虫夏草和蛹虫草及中国拟青霉在系统树上以 99% 的置信度值被分开，单独形成一大支。在冬虫夏草这一分支中，又可以分为 3 支，置信度值分别为 79%、99% 和 99%。其中第 1 支包括了 GenBank 中大部分的冬虫夏草和本研究分析的 21 个冬虫夏草居群的 ITS 序列，但 GenBank 中的冬虫夏草 ITS 序列的变异程度远大于本研究的 21 个冬虫夏草居群。第 2 支和第 3 支分别由 GenBank 中少量的冬虫夏草 ITS 序列组成，且与第 1 支的关系相当远。



节点旁数据为 1 000 次 bootstrap 检验后置信度值 (%)
居群编号同表 1, 图 2 同
Numbers at nodes represent bootstrap values (%) with
1 000 replicates.

Population codes refer to Table 1, Fig. 2 is same

图 1 基于 21 个冬虫夏草居群 rDNA ITS 序列的 NJ 系统树

Fig. 1 NJ Dendrogram in 21 *C. sinensis* populations based on rDNA ITS sequence

3 讨论

基于 ITS 序列的碱基变异将我国主要产地冬虫夏草分成 4 支,其地理位置与纬度有关,分别是环青海湖地区、青海中南部-甘肃-四川-西藏东北部区域、云南、西藏林芝米林地区。这和以往研究认为的青藏高原冬虫夏草的遗传分化发生于南北方向,即不同纬度之间的结果相吻合^[4-6]。与采用 ISSR 标记获得的我国冬虫夏草资源可分成环青海湖地区、青海中东部、青海南部、云南和西藏-四川 5 个产区的分布格局略有差异^[4,16],主要是对西藏及四川冬虫夏草在系统关系划分上有所不同。这可能与采用的分子标记所反映的遗传差异不同有关。ISSR 标记即简单序列重复区间扩增多态性^[17]是利用生物基因组中常出现的简单序列重复 SSR (simple sequence repeat) 设计引物,检测多态性的一种分子标记。冬虫夏草 ITS 序列只反映了 ITS1-5.8S-ITS2 区段 492 个碱基的差异。冬虫夏草 ITS1 和 ITS2 序列中 GC 的量与冬虫夏草居群的纬度呈极显著正相关,表明该序列变化与冬虫夏草居群的地理分布关系密切。基于 rDNA-ITS 序列微小差异更能反映我国冬虫夏草资源在大尺度地理范围的分布格局,进一步证实了冬虫夏草的遗传分化主要发生于不同纬度间。冬虫夏草仅分布于我国青藏

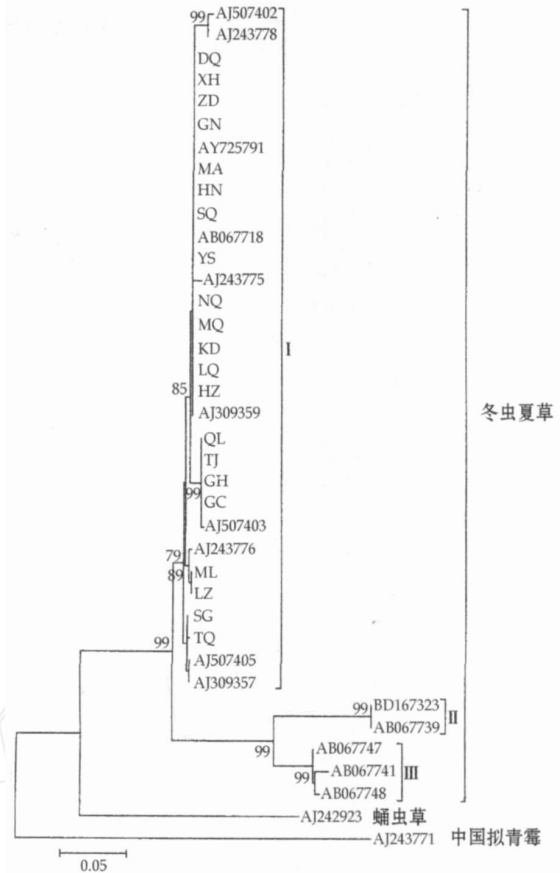


图 2 基于 21 个冬虫夏草居群和 17 个 GenBank 中代表性的冬虫夏草及相关真菌 rDNA ITS 序列的 NJ 系统树

Fig. 2 NJ Dendrogram in 21 *C. sinensis* populations and 17 *C. sinensis* and related fungus from GenBank based on rDNA ITS sequence

高原海拔 3 000~5 100 m 的高寒草甸区,而青藏高原地势西高东低、山脉主要是东西走向和西北-东南走向。冬虫夏草主要依靠子囊孢子的弹射进行有限距离的传播,其寄主昆虫存在种间隔离且迁移能力不强。山脉等地理隔离引起冬虫夏草居群的遗传分化并形成随纬度分布的格局。

通常 rDNA-ITS 序列具有物种的特异性,在种内的变异相对较小。对我国 21 个不同地理分布的冬虫夏草居群的 rDNA-ITS 序列分析表明,冬虫夏草的 rDNA-ITS 序列与蛹虫草和中国拟青霉差异明显,具有种的特异性。在种内 21 个居群间的差异较小,遗传距离仅为 0~0.018。而通过对本研究测得的 21 个冬虫夏草 rDNA-ITS 序列和 GenBank 中有代表性的冬虫夏草的同源序列的系统发育分析认为,GenBank 中的少量冬虫夏草 ITS 序列变异已经超出了种内变异的范围(图 2,第 I 和第 II 支),这部分序列主要是由 Kinjo 等^[13]提交的。Kinjo 等^[13]基于该序列获得 11

个产地冬虫夏草的遗传距离大于 0.1,即便是同样来自于青海或四川的样品。Chen 等^[12]认为真菌的 ITS 序列遗传距离大于 0.05 则代表不同的种。Chen 等^[12]基于 ITS1-5.8S-ITS2 序列获得 17 个产地冬虫夏草的遗传距离为 0~0.031,这尚不包括变异较大的环青海湖地区的样品,但其变异程度远大于本研究的 21 个冬虫夏草居群(图 2,第支)。Stensrud 等^[14]对 GenBank 中冬虫夏草 rDNA-ITS 序列的分析认为类似于图 2 的 3 个分支均为冬虫夏草的神秘(系统发育的)种,尽管它们在序列上的差异甚至超越物种科属间的变化。本研究所测定的冬虫夏草居群分布范围较广,但其 rDNA-ITS 序列的变化并不大。而以往研究获得的冬虫夏草该序列^[12,13]及 GenBank 中相关序列所存在的巨大差异,可能并不是实验样品采集地不同所能解释的。这些有较大变异的 rDNA-ITS 序列大多是从天然冬虫夏草分离培养后测序获得的,与本研究直接选用冬虫夏草子座不同。冬虫夏草是青藏高原的特有种,在高海拔缺氧低温等极端环境下生长的冬虫夏草与人工培养的冬虫夏草之间是否存在遗传差异,人工分离培养过程中冬虫夏草是否会产生变异等问题有待进一步研究。

致谢:重庆市中药研究院钟国跃研究员、西藏农牧学院卢杰老师、复旦大学生命科学学院钟扬教授、浙江农科院计东风研究员、青海省畜牧兽医科学院徐海峰先生、兰州大学生命科学学院金樑老师为本研究冬虫夏草样品的收集等提供帮助。

参考文献:

[1] 中国药典[S].一部.2005.
 [2] Shimitsu D. *Green Book 51, Cordyceps* [M]. Tokyo: New Science Company, 1978.
 [3] 董应才,罗都强.我国的冬虫夏草研究[J].国土与自然资源研究,1996,3:47-51.
 [4] 梁洪卉,程舟,杨晓伶,等.青海省冬虫夏草的遗传变异及亲缘关系的形态性 ISSR 分析[J].中草药,2005,36(12):1859-1864.
 [5] 陈永久,王文,杨跃雄,等.冬虫夏草的随机扩增多态 DNA 及其遗传分化[J].遗传学报,1997,24(5):410-416.
 [6] Chen YJ, Zhang YP, Yang YX, et al. Genetic diversity and taxonomic implication of *Cordyceps sinensis* as revealed by RAPD markers [J]. *Biochem Genet*, 1999, 37: 201-213.
 [7] Hibbett D S. Ribosomal RNA and fungal system [J]. *Trans Mycol Soc*, 1992, 33: 533-556.
 [8] Chen YQ, Wang N, Qu L H, et al. Determination of the anamorph of *Cordyceps sinensis* inferred from the analysis of the ribosomal DNA internal transcribed spacers and 5.8S rDNA [J]. *Biochem Syst Ecol*, 2001, 29: 597-607.
 [9] 赵锦,王宁,陈月琴,等.冬虫夏草无性型的分子鉴别[J].中山大学学报:自然科学版,1999,38(1):121-123.
 [10] 魏鑫丽,印象初,郭英兰,等.冬虫夏草及其相关类群的分子系统学分析[J].菌物系统,2006,25(2):192-202.
 [11] 屈良鹤,陈月琴,章卫民,等.虫草属多元起源的分子生物学证据[J].中山大学学报:自然科学版,2000,39(4):70-73.
 [12] Chen YQ, Hu B, Xu F, et al. Genetic variation of *Cordyceps sinensis*, a fruit-body-producing entomopathogenic species from different geographical regions in China [J]. *FEMS Microbiol Lett*, 2004, 230: 153-158.
 [13] Kinjo N, Zang M. Morphological and phylogenetic studies on *Cordyceps sinensis* distributed in southwestern China [J]. *Mycoscience*, 2001, 42: 567-574.
 [14] Stensrud yvind, Schumacher T, Shalchian-Tabrizi K, et al. Accelerated nrDNA evolution and profound AT bias in the medicinal fungus *Cordyceps sinensis* [J]. *Mycol Res*, 2007, 111: 409-415.
 [15] Kuo H C, Su YL, Yang HL, et al. Identification of Chinese medicinal fungus *Cordyceps sinensis* by PCR-single-stranded conformation polymorphism and phylogenetic relationship [J]. *J Agric Food Chem*, 2005, 53: 3963-3968.
 [16] 梁洪卉.冬虫夏草遗传多样性及 DNA 鉴定技术研究[D].上海:同济大学,2006.
 [17] Zetkiewicz E, Rafalske A, Labuda D. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification [J]. *Genome*, 1994, 20: 178-183.

栀子道地药材遗传关系的 ISSR 证据

雷 栗^{1,3},王 益¹,赵阿曼¹,朱培林^{2*},周世良¹

(1. 中国科学院植物研究所系统与进化植物学国家重点实验室,北京 100093; 2. 江西省林业科学院,江西 南昌 330032; 3. 中国科学院研究生院,北京 100039)

摘要:目的 分析来自江西省樟树、丰城、新干等 3 个栀子 GAP 基地的样品在 DNA 水平上的差异,了解栀子的遗传变异及其相互关系,为栀子育种提供参考。方法 采用 ISSR 分子标记技术结合实地考察。结果 10 个 ISSR 引物共扩增出 58 个位点,其中 32 个位点为多态位点,多态位点百分率(PPB)值为 55.17%。Nei s 遗传多样性指数变化范围在 0.005~0.167,Shannon 信息指数(I)变化范围在 0.008~0.254。居群内变异占总变异的 75.12%,居群间变异占总变异的 24.88%。用 NJ 法建立聚类图大体上可以将栀子样品分为两组:第一组由樟树的样品组成,而第二组主要由新干和丰城的样品组成,内含樟树的个别样品。结论 来自同一个地方的样品,遗传距离比较近,遗传上比较相似,说明栀子种源基本上来自当地。ISSR 分子标记大体上可以将不同地方的栀子分开。产于樟树的栀子遗传多样性最高,可能种源相对比较广。丰城和新干的样品地理距离比较远,但是遗传距离却比较近,可

收稿日期:2008-06-16

基金项目:江西省财政林业重大专项(2006510105)“森林中药 GAP 种植技术研究”

作者简介:雷 栗(1983—),女,云南昭通人,中国科学院植物研究所在读硕士研究生,主要从事植物系统学及居群生物学研究。

*通讯作者 朱培林 Tel:(0791)3833803 E-mail:yczpl@126.com