

• 药材与资源 •

人参与西洋参栽培土壤微生物种群遗传多样性的 RAPD 分析

李 勇, 应益昕, 赵东岳, 晋 森, 万隆*

(中国医学科学院 北京协和医学院 药用植物研究所, 北京 100193)

摘要:目的 研究不同年生人参、西洋参栽培土壤中微生物种群结构差异。方法 采用 RAPD 技术对采集自吉林省抚松县的 18 份人参、西洋参根际土和根围土中的微生物种群结构进行遗传多样性分析。结果 栽培年限对根际土及根围土中的微生物种群结构有显著影响; 人参和西洋参栽培土壤中的微生物种群结构也存在差异; 寄主植物对土壤微生物种群结构的影响表现有根际效应。结论 人参或西洋参根系分泌物对土壤微生物的定向选择压力可能是造成土壤微生物种群遗传多样性变化的主要原因之一, 人参或西洋参栽培土壤中微生物种群结构变化是导致土壤生态功能紊乱以及连作障碍形成的关键因子。

关键词: 人参; 西洋参; 栽培土壤; 微生物种群; 遗传多样性; RAPD

中图分类号: R282.7 文献标识码: A 文章编号: 0253-2670(2010)11-1871-05

Genetic diversity analysis on rhizosphere soil microbial population of *Panax ginseng* and *Panax quinquefolium* by RAPD

LI Yong, YING Yixin, ZHAO Dong-yue, JIN Sen, DING Wanlong

(Institute of Medicinal Plant Development, Chinese Academy of Medical Sciences and Peking Union Medical College, Beijing 100193, China)

Abstract: Objective To study rhizosphere and nonrhizosphere soil microbial population genetic diversity of *Panax ginseng* and *P. quinquefolium* with different growing years. **Methods** Eighteen *P. ginseng* and *P. quinquefolium* rhizosphere and nonrhizosphere soil samples were collected from Fusong county of Jilin Province, and genetic diversity of microbial population construction were analyzed by RAPD. **Results** Cultivation times have great influence on microbial population construction of rhizosphere and nonrhizosphere soil. Also we found that there were differences between soil microbial population construction of *P. ginseng* and *P. quinquefolium*. Furthermore, rhizosphere effect of plants on soil microbial population construction was also found. **Conclusion** Directional selection pressure that root secretions of *P. ginseng* and *P. quinquefolium* to soil microorganisms is one of the main drives that resulted in the change of microbial population genetic diversity, and microbial population construction change in *P. ginseng* and *P. quinquefolium* cultivated soil is the key factor for soil ecological function turbulence and the development of continuously cropping obstacle.

Key words: *Panax ginseng* C. A. Meyer; *Panax quinquefolium* L.; cultivating soil; microbial population; genetic diversity; RAPD

人参 *Panax ginseng* C. A. Meyer 系我国传统名贵中药材^[1], 在生产中存在较为严重的连作障碍问题, 栽过人参的土地(俗称老参地)30 年内不能重复栽参, 否则易出现严重的“烧须、烂根、病害高发”等问题, 严重者甚至造成绝收。西洋参与人参同为

五加科人参属药用植物, 在生产中也存在连作障碍问题。针对人参、西洋参连作障碍问题, 已从土壤理化性状^[2]、营养成分^[3]、土壤酶活性^[4]、土壤微生物区系^[5]、病菌积累^[6]、化感作用^[7]等方面开展了大量研究, 但其形成机制迄今尚不明确。根据对人参连

①收稿日期: 2010-03-21

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(30672619); 高校博士点科研基金资助项目(200800231060)

作者简介: 李 勇(1976—), 男, 河北省衡水市人, 博士, 副研究员, 主要从事药用植物分子生物学及病害生物防治技术研究, 已发表论文 30 余篇。Tel:(010)62899745 E-mail:liyong@implad.ac.cn

* 通讯作者 丁万隆 E-mail:wlding@implad.ac.cn

作障碍的研究结果,通过轮作、土壤消毒、土壤改良、病害生物防治等^[8-9]手段开展了人参、西洋参连作障碍的消除试验,尽管取得了初步成效,但人参、西洋参连作障碍并未彻底消除。

土壤微生物是土壤生态系统的重要组成部分,其在物质与能量循环、土壤结构保持、土壤微生态平衡等方面发挥重要作用^[10]。土壤微生物种群多样性是评价土壤微生态环境变化的重要指标,开展老参地土壤微生物种群结构研究,对于阐明人参栽培土壤中微生物种群遗传多样性及群落结构功能在土壤微生态平衡保持中的作用意义重大。

土壤微生物传统分析方法建立在菌物培养的基础上,受多种因素制约,可培养的微生物仅占土壤微生物总数的极小比例(1%~5%)^[11-12]。因此,借助传统的菌物培养方法难以真实、客观地反映土壤微生物种群结构。随着科学技术的进步,许多基于高通量组织培养(如 BIOLOG)、化学分析(如 PLFA)以及 PCR 扩增(如 DGGE、T-RFLP)等现代生态学研究方法不断涌现,并成功应用于土壤微生物遗传多样性、物种鉴定、系统进化、生态功能分析等研究领域^[13-15]。随机扩增多态性 DNA 标记(randomly amplified polymorphic DNA, RAPD)是用于土壤微生物种群分析的有效方法之一,其具有操作简单、费用低廉、通用性好等优点;RAPD 引物能够与土壤微生物基因组 DNA 特定位点随机结合,从而达到扫描微生物全基因组的目的。该方法自创建至今,已被广泛应用于动物、植物及微生物基因组水平的遗传多样性研究。本研究在前期的基础上^[16-18],利用 RAPD 方法对采自人参、西洋参生产基地的根际土及根围土微生物种群开展了遗传多样性研究;另外,通过比较不同年生人参及西洋参根区土壤微生物种群结构差异,探讨了人参栽培过程中土壤微生物种群结构的特征性变化,为深入研究人参连作障碍的形成机制奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 土壤样品:供试土壤样品共计 18 份,均采自吉林省抚松县新屯镇黄泥村(北纬 42°31'54.2",东经 127°15'45.8",海拔 581.6 m)。供试土壤样品均为农田土,土壤类型为黄土,分别采自人参、西洋参的根际及根围(表 1)。每份土壤样品均通过多点取样获得,取后直接装入自封袋,采回土样随即用试剂盒(OMEGA)进行了土壤微生物基因组 DNA 的提取,提取步骤参照试剂盒说明操作,提取的基因组总 DNA 溶液于-20℃保存,备用。

表 1 供试土壤样品

Table 1 Soil samples

编号	参龄	土壤样品	备注	编号	参龄	土壤样品	备注
1	1	1 年生人参根际土	A	10	5	2+ 3 年生人参根围土	A
2	1	1 年生人参根围土	A	11	6	3+ 3 年生人参根际土	A
3	1	1 年生人参根际土	B	12	6	3+ 3 年生人参根围土	A
4	1	1 年生人参根围土	B	13	3	3 年生西洋参根际土	A
5	3	3 年生人参根际土	A	14	3	3 年生西洋参根围土	A
6	3	3 年生人参根围土	A	15	2	2 年生西洋参根际土	A
7	4	3+ 1 年生人参根际土	A	16	2	2 年生西洋参根围土	A
8	4	3+ 1 年生人参根围土	A	17	4	1+ 3 年生西洋参根际土	A
9	5	2+ 1 年生人参根际土	A	18	4	3 年生西洋参根围土	A

A-未改良土壤; B-农家肥改良土壤

A- soil unimproved; B soil improved by farmyard manure

1.2 土壤微生物 RAPD 分析:土壤微生物总 DNA 提取及 RAPD 反应体系参考文献方法^[19]。PCR 反应体系为 25 μL,包括 17.9 μL 超纯水(ddH₂O),2.5 μL 10×PCR 缓冲液(100 mmol/L Tris,500 mmol/L KCl,20 mmol/L Mg²⁺,pH 8.3),1.5 μL RAPD 引物(10 μmol/L);1.5 μL dNTP(2.5 mmol/L),0.6 μL *Taq* DNA 聚合酶(2.5 U/μL),1 μL 模板 DNA(约 15 ng)。本实验利用从 200 条 RAPD 引物中筛选出扩增条带清晰、多态性丰富的 24 条 RAPD 引物(表 2),对样品中的土壤微生物种群进行了遗传多样性分析。

PCR 反应在 BIOMETRA TGRADIENT96 型扩增仪上完成。扩增程序为:94℃、1 min,94℃、1 min,37℃、1 min,72℃、1.5 min,40 个循环;最后,72℃延伸 7 min。扩增产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳及 EB 染色处理后,在 BIO-RAD 紫外凝胶成像仪上观察、拍照。

1.3 数据采集及分析:根据 RAPD 扩增产物的电泳结果,在迁移位置相同的琼脂糖凝胶上无 DNA 条带记为“0”,有 DNA 条带记为“1”。用 POPGENE Version 1.31 软件计算多态位点百分率、观察等位基因数(*N_a*)、有效等位基因数(*N_e*)、*N_e*'s 基因多样性指数(*H_e*)、Shannon 信息指数(*I*)。用 NTSYSpc Version 2.10e 软件中的非加权平均数(unweight pair-group method using arithmetic averages,UPGMA)方法对统计数据进行分析。

2 结果与分析

2.1 土壤微生物 RAPD 扩增评价:以试剂盒纯化的土壤微生物基因组 DNA 为模板,经 PCR 扩增,共扩增出 359 条清晰、可辨的 RAPD 扩增条带,其中多态性条带 324 条,多态性率高达 90.25%,扩增片段的长度为 200~900 bp。每条 RAPD 引物扩增的 DNA 条带数为 7~24,平均每条引物可扩增出

表 2 用于微生物遗传多样性分析的 RAPD 引物

Table 2 RAPD Primers used in analysis of soil microbial population genetic diversity

引物	序列	GC/ %	引物	序列	GC/ %
OPH 8	5'- GAA ACACCG 3'	60	OPR11	5'-GTAGCCGTCT-3'	60
OPH 10	5'- CCTACGT CAG-3'	60	OPR14	5'- CAGGATTCCG-3'	60
OPH 11	5'- CTTCCGCAGT-3'	60	OPR16	5'-CTCTGCCGCT-3'	70
OP14	5'- CCGCCTAGTG 3'	70	OPR17	5'-CCGTACGTAG 3'	60
OPJ1	5'- CCCGGCATAA 3'	60	OPR19	5'-CCTCCTCATG 3'	60
OPJ4	5'- CCGAACACGG 3'	70	OPS4	5'-CACC CCCTTG 3'	70
OPJ7	5'- CCTCTCGACA 3'	60	OPS6	5'-GATACCTCGG 3'	60
OPJ8	5'- CATAACCGTGG 3'	60	OPS10	5'- ACCGTTCCAG 3'	60
OPR7	5'- ACTGGCCTGA 3'	60	OPT 16	5'-GGTGAACCGT-3'	60
OPR8	5'- CCGGTTGCCT-3'	70	OPT 17	5'-CCAACGTCGT-3'	60
OPR9	5'- TGAGCACGAG 3'	60	OPT 18	5'-GATGCCAGAG 3'	60
OPR10	5'- CCATTCCCA-3'	60	OPT 19	5'-GTCCGTATGG 3'	60

13 5 条多态性条带。其中, RAPD 引物 OPJ1 扩增出的多态性条带最多(23 条), RAPD 引物 OPR8 扩增出的多态性条带最少(7 条)。图 1 为 RAPD 引物 OPR11 在 18 份土壤微生物样品中的扩增图谱。琼脂糖凝胶电泳结果表明, 筛选出的 24 条 RAPD 引物可在土壤样品间扩增出丰富的多态性条带, 能够用于供试土壤的微生物种群遗传多样性分析。

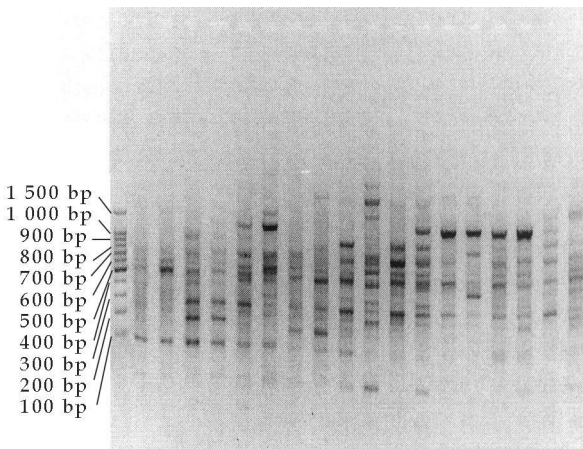


图 1 RAPD 引物 OPR11 在 18 份土壤微生物样品中的扩增图谱

Fig 1 RAPD Profiles of eighteen soil microbial samples amplified by OPR11

2.2 微生物种群遗传多样性分析: N_e 和 H_e 是遗传多样性研究中最常用的衡量指标, 具有重要的遗传学意义^[20, 22]。I 本身没有遗传学意义, 但方便与同类研究进行比较。利用 POPGEN Version 1.32 软件对土壤微生物种群遗传多样性分析结果表明, 18 份土壤样品的平均 N_a 为 1.975 3, 平均 N_e 为 1.446 3, 平均 H_e 为 0.277 6, 平均 I 为 0.433 5。就不同土壤样品而言, 其土壤微生物种群的遗传多样性存在较大差异, N_e 最大值为 1.650 2, 最小值仅为 1.273 8; H_e 最大值为 0.366 6, 最小值为 0.198 0; I 最大值为 0.539 2, 最小值为 0.338 9, 表明不同土壤样

品的微生物种群间存在较丰富的遗传变异。见表 3。

2.3 基于微生物种群遗传多样性的聚类分析: 根据 18 份土壤样品的微生物种群和 359 个 RAPD 扩增位点的原始统计数据矩阵, 经 NTSYSpc Version 2.10e 软件分析, 共获得 153 个两两比较的遗传相似系数, 最大值为 0.845 7, 最小值为 0.527 8。以 0.65 为阈值可以将 18 份土壤样品划分为 6 组, 见图 2。组 I 包括 8 份土壤样品, 其中土壤样品 1 和样品 2、3 和 4 为直播 1 年生人参, 4 份土壤样品中的微生物种群遗传相似系数最高; 样品 7 和样品 8 对应 4(3+ 1) 年生人参, 由于经过人工移栽, 在新土壤环境中实际仅生长了 1 年, 他们与土壤样品 1~ 4 的遗传相似系数也较高。另外, 该组还包括与土壤样品 15 和 16 对应的直播 2 年生西洋参。组 II 包括 4 份土壤样品, 分别对应 5(2+ 3) 年生人参根际土、6(3+ 3) 年生人参根际土、4(1+ 3) 年生西洋参根际土和 6(3+ 3) 年生人参根围土。尽管 4 份土壤样品对应不同的人参种, 生长年限也不相同, 但仔细研究发现, 他们均在新移栽土壤中生长了 3 年, 其微生物种群结构也最接近。组 III 包括 2 份土壤样品, 分别对应直播 3 年生西洋参根际土和直播 3 年生西洋参根围土。组 IV 仅有 4(1+ 3) 年生人参根围土 1 种。组 V 包括 2 份土壤样品, 分别对应直播 3 年生人参根际土和直播 3 年生人参根围土。组 VI 也仅有 5(2+ 3) 年生人参根围土 1 种。从上述聚类结果不难发现, 栽培年限对土壤中的微生物种群结构的影响最显著; 其次, 植物的种类对土壤微生物种群也有影响。尽管人参和西洋参同为五加科人参属植物, 但从分类学的角度讲, 他们属于不同的种, 组 II 和组 V 中土壤微生物种群的遗传差异说明, 即使是近缘植物, 土壤微生物种群结构也可能存在差异。另外, 根据相同参龄的人参(或西洋参)根际土和根围土聚类分析结果, 植物对土壤微生物种群结构的影响表现有根际效应。

表 3 18 份土壤样品的微生物种群遗传多样性分析

Table 3 Genetic diversity analysis of 18 soil microbial samples

RAPD 引物	总条带数	多态性条带	多态性率/%	N_e	H_e	I
OPH08	11	11	100	1.385 8±0.209 3	0.264 2±0.103 4	0.427 4±0.125 0
OPH10	10	8	80	1.605 3±0.312 1	0.354 2±0.135 8	0.529 7±0.161 7
OPH11	16	16	100	1.328 8±0.274 0	0.221 9±0.133 9	0.367 1±0.167 6
OPI04	22	21	95	1.542 0±0.291 3	0.328 7±0.128 7	0.500 6±0.154 0
OPJ01	24	23	96	1.444 8±0.285 0	0.281 5±0.142 5	0.438 2±0.187 6
OPJ04	21	20	95	1.273 8±0.210 1	0.198 0±0.109 7	0.338 9±0.141 5
OPJ07	16	16	100	1.445 2±0.330 6	0.274 8±0.156 8	0.429 7±0.195 5
OPJ08	18	18	100	1.416 5±0.267 7	0.272 7±0.120 4	0.435 5±0.142 7
OPR07	13	13	100	1.332 1±0.311 8	0.217 5±0.149 3	0.357 5±0.189 4
OPR08	7	7	100	1.400 1±0.315 5	0.257 1±0.150 3	0.410 3±0.187 9
OPR09	15	15	100	1.276 0±0.208 2	0.200 3±0.106 6	0.343 0±0.136 6
OPR10	15	14	93	1.332 8±0.261 7	0.228 4±0.118 1	0.379 8±0.142 2
OPR11	16	12	75	1.317 8±0.224 9	0.223 2±0.116 1	0.371 8±0.149 0
OPR14	15	12	80	1.650 2±0.330 4	0.366 6±0.151 8	0.539 2±0.188 8
OPR16	14	10	71	1.576 2±0.345 8	0.334 4±0.160 5	0.500 9±0.200 0
OPR17	17	11	65	1.609 1±0.292 5	0.357 4±0.129 6	0.533 7±0.155 2
OPR19	16	14	88	1.588 9±0.335 7	0.341 2±0.152 5	0.510 4±0.187 6
OPS04	17	15	88	1.492 3±0.328 2	0.297 4±0.161 8	0.452 8±0.214 5
OPS06	15	15	100	1.456 7±0.319 5	0.282 3±0.155 8	0.436 1±0.205 6
OPS10	15	14	93	1.493 7±0.270 0	0.309 4±0.127 3	0.478 1±0.155 1
OPT16	11	9	82	1.447 3±0.297 4	0.284 2±0.138 7	0.445 7±0.173 4
OPT17	13	12	92	1.597 8±0.286 8	0.354 8±0.120 9	0.532 1±0.143 3
OPT18	10	9	90	1.577 1±0.251 6	0.351 7±0.101 4	0.531 7±0.114 7
OPT19	12	9	75	1.615 0±0.365 9	0.346 6±0.172 8	0.508 6±0.230 4
总计	359	324	90	1.446 3±0.310 2	0.277 6±0.147 0	0.433 5±0.186 0

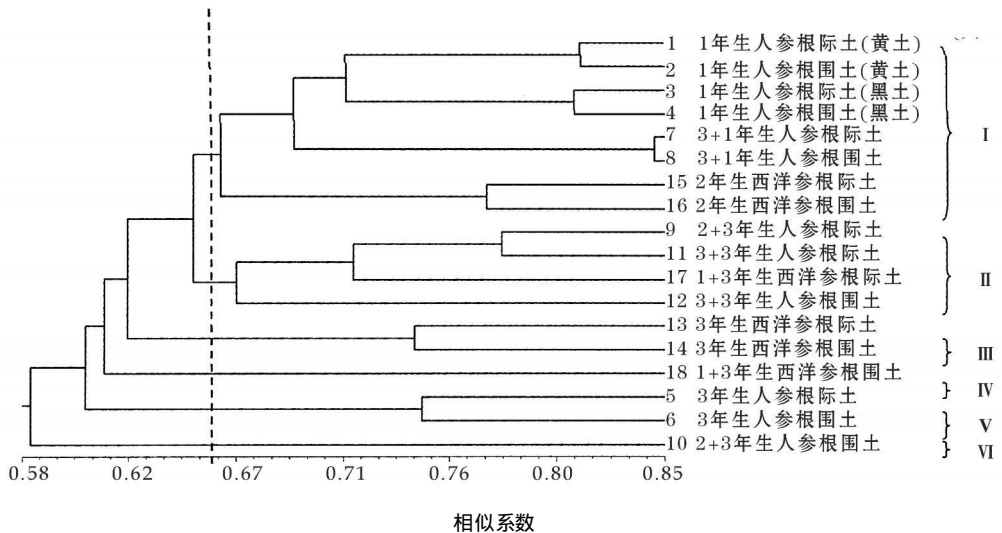


图 2 18 份土壤微生物样品的 UPGMA 聚类图

Fig 2 UPGMA Dendrogram of 18 soil microbial samples

3 讨论

目前,用于研究土壤微生物种群遗传多样性的分子生态学研究方法较多,如 DGGE/TGGE、SS-CP、T-RFLP、ARDRA 等。但是从研究技术自身特点而言,AFLP 和 RAPD 的扩增条带最为丰富、引物的结合位点随机,能够对土壤微生物全基因组进行扫描,最适合开展土壤微生物种群研究。AFLP 扩增结果稳定,可重复性高,结合高分辨力的聚丙烯

酰胺凝胶电泳,能够对扩增产物进行高效分离,是研究土壤微生物种群遗传多样性的首选。但该方法建立在限制性酶切的基础上,土壤微生物 DNA 提取物中的腐殖酸严重限制了该项技术在土壤微生物研究中的应用^[23];另外,AFLP 酶切时需要 DNA 模板的量较多(≥100 ng),如果微生物 DNA 提取量不够大,土壤中的非优势微生物种群将很难被发现^[24]。尽管 RAPD 的扩增条带数量和可重复性均

不如 AFLP, 但该方法对微生物 DNA 模板的质量和数量要求较低, 在熟练掌握 PCR 扩增技术, 严格控制反应条件和扩增体系的基础上, 试验结果的稳定性能够得到保证^[25]。

土壤微生物是土壤的重要组成部分, 土壤微生物种群结构多样性与土壤养分循环、土壤生态平衡、土壤理化性状保持等密切相关^[26]。本研究尝试从土壤微生物种群遗传多样性变化的角度研究人参栽培过程中人参栽培土壤中微生物种群结构改变与土壤微生态环境恶化的关系。研究表明, 不同栽培年限人参或西洋参根际土及根围土中的微生物种群结构均存在显著差异, 而且不同土壤样品中的微生物种群结构在一定程度上表现有根际效应。

参考文献

[1] 黎 阳, 张铁军, 刘素香, 等. 人参化学成分和药理研究进展 [J]. 中草药, 2009, 40(1): 164-167

[2] 傅 佳, 李先恩, 傅俊范. 重茬种植西洋参对其根区土壤微生物与土壤理化性质影响 [J]. 微生物学杂志, 2009, 29(2): 63-66

[3] 黄朝晖, 李方元, 郭 靖. 人参连作土壤化学元素检测分析 [J]. 特产研究, 1996, 1: 50-51

[4] 蔡荟梅, 夏 春, 宛志沪. 农田休闲后土壤微生物类群和酶活性的变化及对西洋参种植的影响 [J]. 生物学杂志, 2008, 25(2): 33-35

[5] 傅 佳, 李先恩, 傅俊范. 西洋参生长过程中土壤微生物区系的动态变化 [J]. 中国农学通报, 2008, 24(9): 371-375

[6] 夏淑春, 鄢洪海, 李如生, 等. 人参根部病害发生类型及防治建议 [J]. 特产研究, 2000, 2: 60-62

[7] Bi X B, Yang J X, Gao W W. Autotoxicity of phenolic compounds from the soil of American ginseng (*Panax quinquefolium* L.) [J]. *Allelopathy J*, 2010, 25(1): 115-122

[8] 金 慧, 于树莲, 曹志强. 老参地、农田地改造, 连续栽培人参、西洋参 [J]. 世界科学技术——中医药现代化, 2006, 8(1): 84-87

[9] 胡丽云, 庞金钊, 刘文芝, 等. 西洋参真菌病害的生物防治 [J]. 生物技术, 2005, 15(6): 76-78

[10] Garbeva P, van Veen J A, van Elsas J D. Microbial diversity in soil: Selection of microbial populations by plant and soil

type and implications for disease suppressiveness [J]. *Annu Rev Phytopathol*, 2004, 42: 243-270

[11] Torsvik V, Vreas L. Microbial diversity and function in soil: from genes to ecosystems [J]. *Curr Opin Microbiol*, 2002, 5(3): 240-245

[12] Kirka J L, Beaudette L A, Hartb M, et al. Methods of studying soil microbial diversity [J]. *J Microbiol Meth*, 2004, 58(2): 169-188

[13] Salminen J, Hemesmaa A, Karjalainen H, et al. Activity of nematodes and enchytraeids, bacterial community composition, and functional redundancy in coniferous forest soil [J]. *Biol Fert Soils*, 2010, 46(2): 113-126

[14] Medina Pons F J, Terrados J, Rosselló-Móra R. Application of temperature gradient gel electrophoresis technique to monitor changes in the structure of the eukaryotic leaf epiphytic community of *Posidonia oceanica* [J]. *Mar Biol*, 2008, 155(4): 451-460

[15] Hartmann M, Widmer F. Community structure analyses are more sensitive to differences in soil bacterial communities than anonymous diversity indices [J]. *Appl Environ Microb*, 2006, 72(12): 7804-7812

[16] 李 勇, 朱殿龙, 黄小芳, 等. 不同土壤浸提物对人参种子生长抑制作用的研究 [J]. 中草药, 2008, 39(7): 1070-1074

[17] 李 勇, 刘时轮, 黄小芳, 等. 人参 (*Panax ginseng*) 根系分泌物成分对人参致病菌的化感效应 [J]. 生态学报, 2009, 29(1): 161-168

[18] 黄小芳, 李 勇, 易茜茜, 等. 五种化感物质对人参根系酶活性的影响 [J]. 中草药, 2010, 41(1): 117-121

[19] 应益昕, 丁万隆, 李 勇. 人参根际土壤微生物 RAPD 反应体系的建立 [J]. 中国农学通报, 2010, 26(7): 36-39

[20] 黄庆阴, 樊锐锋, 常 纓. 香鳞毛蕨种质资源遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. 中草药, 2010, 41(6): 971-974

[21] 徐 荣, 陈 君, 陈士林, 等. 肉苁蓉种质资源多样性的 AFLP 分析 [J]. 中草药, 2007, 38(11): 1703-1707

[22] 余 琪, 沈晓霞, 沈宇峰. 益母草种质资源遗传多样性的 AFLP 分析 [J]. 中草药, 2009, 40(8): 1296-1299

[23] 张瑞福, 曹 慧, 崔中利, 等. 土壤微生物总 DNA 的提取和纯化 [J]. 微生物学报, 2003, 43(2): 276-282

[24] Vos P, Hogers R, Bleeker M, et al. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting [J]. *Nucl Acids Res*, 1995, 23(21): 4407-4414

[25] 吴凤芝, 王学征. 设施黄瓜连作和轮作中土壤微生物种群多样性的变化及其与产量品质的关系 [J]. 中国农业科学, 2007, 40(10): 2274-2280

[26] Harris J. Soil microbial communities and restoration ecology: facilitators or followers? [J]. *Science*, 2009, 325(5940): 573-574

川产麦冬野生资源 HPLC 指纹图谱及化学模式识别研究

刘 江, 陈兴福*, 杨文钰, 张树平, 杜 刚, 刘卫国

(四川农业大学农学院, 四川 雅安 625014)

摘要: 目的 建立川产麦冬野生资源的化学模式识别方法。方法 采用高效液相色谱法, 建立川产麦冬野生资源的 HPLC 指纹图谱, 使用 SPSS17.0 软件对 26 批不同来源川产麦冬样品的 HPLC 指纹图谱进行主成分分析, 在主成分得分系数矩阵的基础上, 对其进行系统聚类分析; 并使用相似度评价软件进行相似度评价验证。结果 26 批麦冬样品共提取出 4 个主成分, 被分为 4 大类; 与共有峰直接聚类相比, 主成分聚类分析更符合相似度评价结果。结论 利用 SPSS 软件对麦冬 HPLC 指纹图谱进行主成分聚类分析, 所建立的模式识别方法, 操作简便, 统计结果具有可靠性, 可对麦冬化学计量学分类及其质量评价提供有效参考。

①收稿日期: 2010-02-12

基金项目: 四川省育种攻关项目“特色种质资源收集整理与创新利用”(2006yzzg12-12)

作者简介: 刘 江(1986-), 男, 四川江油人, 硕士研究生, 主要从事药用植物生理生态与栽培研究。

* 通讯作者 陈兴福 Tel: (0835)-2882612 E-mail: chenxf64@sohu.com.