

## 青麸杨叶绿体基因序列遗传多样性及优良品系筛选

梁宁<sup>1</sup>,陈彦华<sup>2</sup>,靳彦卿<sup>1</sup>,任竹梅<sup>1\*</sup>

(1.山西大学 生命科学学院,山西 太原 030006;

2.山西安弘检测技术有限公司,山西 太原 030008)

**摘要:**以叶绿体DNA部分序列为分子标记,研究青麸杨种群的遗传多样性和遗传结构;测定肚倍单宁含量,综合分析筛选肚倍优良品系。PCR扩增测定青麸杨6个种群111个个体的叶绿体 $trnH-psbA$ 和 $trnL-F$ 区序列,长度分别为627 bp和847 bp,各包括24和15个单倍型,其中 $trnH-psbA$ 序列的两个单倍型(Hap1和Hap2)为所有种群共有,分布范围最广; $trnL-F$ 区序列只有一个单倍型(Hap1),为所有种群共有。分子方差分析法(Analysis of molecular variance, AMOVA)分析显示两段间隔区序列在青麸杨种群内的变异高于种群间变异;陕西青麸杨种群的核苷酸和单倍型多样性指数均最高,与多样性指数最低的四川广元种群之间的遗传距离最大。TCS(Tamura-Nei's consensus sequence)网络图分析显示,陕西安康和城固地区是青麸杨种群的扩散中心;Tajima's D统计分析表明青麸杨种群的进化经历过种群扩张过程。另外,来自陕西地区的肚倍单宁含量较高,且青麸杨群体具有较高的遗传多样性,有利于应对各种不良环境和抵御病虫害,适宜作为优良品系进行优先人工选育。

**关键词:**青麸杨;叶绿体DNA;遗传多样性;单宁;优良品系

中图分类号:Q949.28

文献标志码:A

文章编号:0253-2395(2024)06-1289-08

## Population Genetic Diversity of *Rhus Potaninii* Maxim Inferring from Partial Chloroplast Sequences and Screening of Qualified Strains

LIANG Ning<sup>1</sup>, CHEN Yanhua<sup>2</sup>, JIN Yanqing<sup>1</sup>, REN Zhumei<sup>1\*</sup>

(1. School of Life Science, Shanxi University, Taiyuan 030006, China;

2. Shanxi Anhong Testing Technology Co., Ltd, Taiyuan 030008, China)

**Abstract:** In this study, the partial sequences of chloroplast DNA are used as molecular markers to study the genetic diversity and structure of the *Rhus potaninii* populations, and the tannin content in bellied gallnut is tested to screen the qualified strains. Based on PCR results, the  $trnH-psbA$  and  $trnL-F$  regions of chloroplast DNA of 111 *R. potaninii* individuals from seven populations were sequenced and their length were 627 bp and 847 bp with 24 and 15 haplotypes, respectively. The two haplotypes (Hap1 and Hap 2) of  $trnH-psbA$  sequence were the most widely distributed in all the six populations, while only one haplotype (Hap1) was present in all populations for the  $trnL-F$  region. Analysis of molecular variance (AMOVA) showed that the variation of the two interval sequences was higher within the population than that between the populations. The nucleotide and haplotype diversity in Shaanxi populations was the highest, while that in Sichuan population is the lowest, and they had the longest genetic distance. TCS (Tamura-Nei's consensus sequence) network analysis indicated that the dispersal centers of *R. potaninii* populations were located in Ankang and Chenggu areas of Shaanxi Province. Tajima's D values indicated that the expansion of *R. potaninii* populations has ever occurred in the evolu-

收稿日期:2023-10-24;接受日期:2024-04-08

基金项目:国家自然科学基金(31870366);山西省重点研发计划(国际科技合作)项目(201803D421051);山西省回国留学人员科研资助项目(2020-018)

作者简介:梁宁(1999-),女,山西忻州人,硕士研究生,主要研究方向为分子进化。E-mail:529016607@qq.com

\*通信作者:任竹梅(REN Zhumei),E-mail:zmren@sxu.edu.cn

引文格式:梁宁,陈彦华,靳彦卿,等.青麸杨叶绿体基因序列遗传多样性及优良品系筛选[J].山西大学学报(自然科学版),2024,47(6):1289-1296. DOI:10.13451/j.sxu.ns.2024071

tionary history. The tannin content of bellied gallnut and genetic diversity of *R. potaninii* populations in Shaanxi were higher than other populations, which is better able to cope with various adverse environments and resist pests and diseases, so the samples from Shaanxi populations could be used as the qualified resources to be planted and developed.

**Key words:** *Rhus potaninii* Maxim; chloroplast DNA sequences; genetic diversity; tannin; qualified strains

## 0 引言

青麸杨 *Rhus potaninii* Maxim 为被子植物门 Angiospermae、双子叶植物纲 Dicotyledoneae、无患子目 Sapindaceae、漆树科 Anacardiaceae、盐肤木属 *Rhus* 落叶乔木, 主要分布在东亚以及我国山西、四川、重庆、湖北和陕西等地<sup>[1-2]</sup>。青麸杨作为一大经济树种, 在我国分布比较广泛, 它是经济昆虫五倍子蚜的第一寄主植物, 寄生生活形成虫瘿, 为五倍子的主要种类——肚倍。五倍子富含单宁, 是我国传统中药, 粗提和加工产品在生物、医学、工业和农业等各个领域被广泛应用, 经济价值极高, 五倍子质量以单宁含量为主要标准(标准号 LY/T 1302-2023), 而肚倍是单宁含量最高的五倍子种类<sup>[3-4]</sup>。

我国在青麸杨的药用价值、蜜源植物、种苗繁殖及病虫害防治等方面, 特别是肚倍的高效培育方面做了大量工作, 发现青麸杨长势、复叶类型、肚倍蚜挂放期和数量等均影响肚倍的形成, 摸索出基本的肚倍适生条件和管理方式等<sup>[5-6]</sup>。随着分子生物学技术的发展, 分子数据分析逐步深入, 陆续有关于盐肤木属分子系统发育分析方面的研究报道<sup>[7-9]</sup>, 其中, 潘韵佳对盐肤木属 6 种植物的叶绿体基因组进行注释、结构比较和系统发育分析, 筛选高变区开发特异性 DNA 条形码, 为盐肤木属植物的物种鉴定、植物资源保护与利用及漆树科系统发育研究提供了重要依据和参考<sup>[9]</sup>。

一个物种的遗传多样性体现在形态特征、生理特征、基因位点以及细胞学特征等各方面, 作为生物多样性的核心, 生物的进化速度以及生态价值都取决于其遗传多样性<sup>[10]</sup>。种群遗传变异程度越大, 物种进化速率越快, 遗传多样性越高, 其适应新环境的能力越强, 种群的扩张速度也越快, 随着其生长区域的扩大, 同时种群数量和面积也日益壮大<sup>[11]</sup>。因此, 通过研究物种的遗传多样性, 可以展现其种群的进化历程, 能够更深入地认识生物多样

性的起源和进化, 也有利于探究其进化规律, 为保护濒临灭绝的生物提供理论基础<sup>[12]</sup>。叶绿体基因已被广泛运用于植物遗传多样性研究中, 分析其遗传地理分布格局的历史成因、迁移与扩散路线等, 为物种优良品系的筛选提供分子遗传支撑<sup>[13-15]</sup>。作为一种经济物种, 青麸杨的遗传多样性具有重要的研究意义以及实用价值。

本研究以叶绿体 DNA 部分序列为分子标记, 对青麸杨种群的遗传多样性和结构变异进行研究; 并结合肚倍单宁含量测定, 综合分析, 筛选优良种源, 为五倍子品质的提高提供样本来源和依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 实验材料

采集青麸杨幼嫩、无病斑的叶片, 硅胶干燥保存, 由于样本分布距离太近会导致近亲繁殖或者亲本克隆的现象发生, 所采样本间隔距离要大于 100 m, 详情见表 1。

表 1 青麸杨及肚倍样本采集信息

Table 1 Sample information of *Rhus potaninii* Maxim and bellied gallnut used in this study

| 采集地区 | 种群代码 | 样本数/个 | 经度      | 纬度     | 海拔/m  | 采集时间   |
|------|------|-------|---------|--------|-------|--------|
| 陕西安康 | AK   | 20    | 109°1'  | 32°41' | 985   | 2014.7 |
| 陕西城固 | CG   | 20    | 107°59' | 33°09' | 1 453 | 2014.7 |
| 山西晋城 | JC   | 11    | 112°44' | 35°38' | 800   | 2014.9 |
| 山西泗交 | SJ   | 20    | 111°40' | 35°08' | 1 100 | 2012.8 |
| 山西霍州 | YS   | 20    | 111°43' | 36°35' | 1 212 | 2013.8 |
| 四川广元 | SC   | 20    | 104°36' | 32°56' | 1 009 | 2014.7 |

### 1.2 实验方法

#### 1.2.1 基因组 DNA 提取和 PCR 扩增及测序

采用天根生化科技有限公司的植物组织 DNA 提取试剂盒提取青麸杨基因组 DNA。PCR 扩增体系为 50  $\mu$ L, 分别为 Mix 25  $\mu$ L, 引物各 2  $\mu$ L (浓度 10  $\mu$ mol/L), 模板 DNA 样品 2  $\mu$ L (含 20 ng~50 ng DNA)。

本研究所用引物由上海生工生物公司合成,具体引物信息见表2。扩增过程经历了35个循环,其中包括:94℃时进行3 min的预变性,紧接着是同温度下30 s的变性,54℃或者56℃退火30 s,72℃延伸1 min,72℃充分延伸7 min。最后,将所得产物中扩增效果显著部分由上海赛因生物科技有限公司进行序列测定。

### 1.2.2 单宁含量测定方法

本研究采用紫外分光光度法(国家标准号:GB/T 27985-2011)测定青麸杨叶片和肚倍中的水解单宁含量,提取方法如下:

首先将青麸杨叶片和肚倍分别清理干净并研磨成粉状后,置于110℃烘箱中烘干至恒重;取0.1 g样品用55℃蒸馏水溶解,冷却一段时间到室温,然后用50 mL容量瓶定容,吸取1 mL于100 mL容量瓶再次定容,振荡混匀后得到试样工作溶液;称量0.5 g铬皮粉溶于25 mL试样工作溶液中,重复上一步定容步骤得到非单宁工作溶液;称量0.1 g经烘干处理的标准单宁酸,置于65℃蒸馏水中将其溶解,经冷却、定容后吸取0.5 mL单宁酸溶液于50 mL容量瓶中再次定容,得到标准单宁酸工作溶液;以蒸馏水作为参比,用紫外分光光度计测定各工作溶液在276 nm处的吸光度,最后根据以下公式计算试样的单宁含量的百分比( $C$ )。其中, $A_0$ :试样工作溶液吸光度; $A_1$ :标准单宁酸工作溶液吸光度; $A_2$ :试样非单宁工作溶液吸光度; $G_0$ :试样重量(g); $G_1$ :标准单宁酸重(g)。

$$C = 0.5 \times \frac{A_0 - A_2}{A_1} \times \frac{G_1}{G_0} \times 100.$$

表2 PCR扩增引物信息

Table 2 Primer information of PCR amplification

| 扩增区              | 引物序列(5'-3')   | 退火温度/℃ |
|------------------|---|--------|
| <i>trnL-F</i>    | P1: CGAAATCGGTAGAGGCTACGP2: ATTTGAACTGGTGACACGAG      | 54     |
| <i>trnH-psbA</i> | P1: GTTATGCATFAACGTAATGCTCP2: CGCGCATGGTGGATTCAAAAATC | 56     |

表3 青麸杨种群叶绿体 *trnL-F* 和 *trnH-psbA* 区序列变异和核苷酸组成

Table 3 Variation and nucleotide composition of *trnL-F* and *trnH-psbA* sequences from *Rhus potaninii* Maxim

| Region           | C/%        | V/%      | Pi/%     | S/%      | A+T/% | C+G/% | si/sv |
|------------------|------------|----------|----------|----------|-------|-------|-------|
| <i>trnL-F</i>    | 824(97.28) | 23(2.71) | 8(0.94)  | 15(1.77) | 63.4  | 36.6  | 0.33  |
| <i>trnH-psbA</i> | 589(93.93) | 38(6.07) | 20(3.19) | 18(2.88) | 74.5  | 25.5  | 0.82  |

注:C:保守位点(Conserved sites);V:变异位点(Variable sites);Pi:简约信息位点(Parsimony informatic sites);S:单一信息位点(Singleton sites);si:转换;sv:颠换。

### 1.3 数据分析

用 Chromos 软件检测原始序列峰图,Sequencher 4.5 软件手工比对和校正序列,形成 FASTA 格式文件<sup>[16]</sup>,用 ClustalX (v1.83) 软件将序列排布对齐<sup>[17]</sup>。用 MEGA 5.0 软件统计青麸杨种群叶绿体 *trnL-F* 和 *trnH-psbA* 区序列变异位点并计算核苷酸组成、转换与颠换比例以及种群间的遗传距离等<sup>[18]</sup>。用 DnaSP 5.0 软件统计单倍型的类型、数目以及在各个种群的分布情况,计算青麸杨种群 *trnL-F* 区和 *trnH-psbA* 区序列单倍型多样性指数,包括单倍型数、单倍型多样性(Hd)、核苷酸多样性( $\pi$ )、Tajima's D 和遗传分化值(Fst)<sup>[19]</sup>。用 Arlequin v3.0.1 软件对青麸杨种群 *trnL-F* 区和 *trnH-psbA* 区序列进行分子变异方差分析<sup>[20]</sup>;用 TCS1.21 软件构建青麸杨种群叶绿体 *trnL-F* 区和 *trnH-psbA* 区序列的 TCS 网络结构<sup>[21]</sup>,并使用 Microsoft Excel 辅助构图。

## 2 结果与分析

### 2.1 序列基本信息

测得的青麸杨种群样本叶绿体 *trnL-F* 和 *trnH-psbA* 区序列片段长度分别为 847 bp 和 627 bp,序列位点和核苷酸组成统计信息见表3。由表可见,核苷酸 A+T 含量明显高于 C+G 含量,*trnH-psbA* 区序列变异程度大于 *trnL-F* 区序列,转换数 si 均低于颠换 sv。

### 2.2 单倍型分布

对于青麸杨种群叶绿体基因 *trnL-F* 区序列分析,共计 15 种单倍型,其中 Hap1 为主体单倍型,为所有种群共有;Hap3-6、Hap10-12 和

Hap13-14 分别为安康(AK)、晋城(JC)和广元(GY)种群的个体独有;Hap7、Hap9和Hap15分别为城固(CG)、霍州(HZ)和泗交(SJ)各自一个个体独有,陕西安康(AK)分布有最多的单倍型,其次为山西晋城(JC)。对于基因 *trnH-psbA* 区序列,分布有 24 种单倍型,占比最大的两种单倍型分别为 Hap1 和 Hap2,为六个种群所共有,这两种主体单倍型占比总计 68.86%。陕西城固(CG)有最多的单倍型类型,其次为山西晋城(JC),独占 5 个单倍型。此外,陕西城固(CG)、山西霍州(HZ)和泗交(SJ)分别独有 4 个单倍型,陕西安康(AK)独有 2 个单倍型,四川广元(GY)仅独有一个单倍型。

### 2.3 遗传多样性

青麸杨种群 *trnL-F* 和 *trnH-psbA* 区序列的遗传多样性指数见表 4。*trnH-psbA* 序列共检测到 38 个变异位点,其单倍型多样性指数和核苷酸多样性指数均高于 *trnL-F* 区序列。

### 2.4 种群遗传变异

$F_{st}$  (Fixation Index) 值常用来估计种群之间的遗传分化程度,当  $F_{st}$  在 0.05~0.25 时意味着种群间的遗传分化较为明显,大于 0.25 代表种群之间的遗传分化水平很高<sup>[22]</sup>。对青麸杨不同种群进行遗传分化分析,发现四川广元和山西泗交之间的遗传分化值最大,大于 0.25,而与其他地区的遗传分化值在 0.05~0.25 之间,可见该地与各地区的遗传分化程度都比较大。陕西安康和陕西城固种群之间的遗传分化值均小于 0,可以判断两个种群之间的基因交流比较密切,基本没有发生分化。陕西和山西分布的青麸杨种群的遗传分化值均小于 0.05,说明这两个地区遗传分化程度相对较小;而四川广元与二者相比,遗传分化值均大于 0.1,可见其遗传分化程度是相对较大的。

青麸杨种群的 AMOVA 分析结果见表 5,两条序列分析均显示种群内变异远远大于种群间变异。

表 4 青麸杨种群 *trnL-F* 区和 *trnH-psbA* 区序列的遗传多样性参数

Table 4 Genetic diversity parameters of *trnL-F* and *trnH-psbA* sequences in *Rhus potaninii* populations

| 序列区              | 种群    | 单倍型数 | 单倍型多样性(Hd)  | 核苷酸多样性( $\pi$ )   | Tajima's D |
|------------------|-------|------|-------------|-------------------|------------|
| <i>trnL-F</i>    | AK    | 6    | 0.701±0.080 | 0.001 69±0.000 49 | -1.410 46  |
|                  | CG    | 3    | 0.395±0.159 | 0.001 66±0.001 09 | -1.930 27  |
|                  | HZ    | 3    | 0.194±0.115 | 0.000 83±0.000 63 | -2.121 44  |
|                  | JC    | 5    | 0.442±0.133 | 0.000 58±0.000 20 | -1.638 14  |
|                  | GY    | 3    | 0.117±0.101 | 0.000 14±0.000 12 | -1.163 87  |
|                  | SJ    | 3    | 0.215±0.124 | 0.000 39±0.000 25 | -1.713 04  |
|                  | Total | 15   | 0.375±0.059 | 0.000 89±0.000 24 | -2.456 11  |
| <i>trnH-psbA</i> | AK    | 5    | 0.707±0.069 | 0.003 13±0.001 57 | -1.734 16  |
|                  | CG    | 8    | 0.794±0.074 | 0.003 01±0.000 72 | -1.152 81  |
|                  | HZ    | 5    | 0.670±0.090 | 0.001 87±0.000 77 | -1.681 16  |
|                  | JC    | 7    | 0.742±0.070 | 0.005 53±0.003 72 | -1.904 63  |
|                  | GY    | 3    | 0.274±0.126 | 0.000 91±0.000 60 | -1.797 59  |
|                  | SJ    | 7    | 0.713±0.103 | 0.002 87±0.000 95 | -1.313 87  |
|                  | Total | 24   | 0.717±0.034 | 0.004 62±0.001 00 | -2.441 65  |

表 5 青麸杨种群 *trnL-F* 区和 *trnH-psbA* 区序列分子变异方差分析

Table 5 AMOVA of *trnL-F* and *trnH-psbA* sequences in *Rhus potaninii* populations

| 序列区              | 变异来源 | 自由度 | 平方和     | 方差组分        | 方差比率  | Fixation Index ( $F_{st}$ ) |
|------------------|------|-----|---------|-------------|-------|-----------------------------|
| <i>trnL-F</i>    | 种群间  | 6   | 3.844   | 0.018 72 Va | 14.95 | 0.049 51                    |
|                  | 种群内  | 101 | 36.304  | 0.359 45 Vb | 85.05 |                             |
|                  | 总计   | 107 | 40.148  | 0.981 12    |       |                             |
| <i>trnH-psbA</i> | 种群间  | 6   | 10.496  | 0.052 94 Va | 15.40 | 0.539 6                     |
|                  | 种群内  | 105 | 97.459  | 0.928 18 Vb | 84.60 |                             |
|                  | 总计   | 111 | 107.955 | 0.981 12    |       |                             |

## 2.5 聚类分析

青麸杨种群叶绿体 *trnL-F* 区和 *trnH-psbA* 区序列构建的 TCS 网络结构见图 1。图 1(a) 显示,对于青麸杨种群 *trnL-F* 区序列, Hap1 为主体单倍型,为 6 个种群共享,经过长期历史演变分化出了新的单倍型,而四川广元的青麸杨种群拥有两个独立的单倍型 Hap13 和 Hap14,与其他种群的单倍型并无交集。对于 *trnH-psbA* 区序列,主体单倍型为 Hap1 和 Hap2 [图 1(b)],这两种单倍型所占的区域面积最大,而其他的单倍型零散分布,其中 Hap1 为全部种群共享, Hap2 为 4 个种群共享;以陕西安康和城固地区为中心,青麸杨种群向周围地区扩散分布,陕西和山西两个地区的青麸杨种群再以泗交为连接点向霍州和晋城扩散分布。根据 TCS 网络图显示, Hap17、Hap22 和 Hap23 是陕西安康和城固地区的单倍型 Hap5 和 Hap9 在向山西地区扩散过程中产生的新的单倍型。

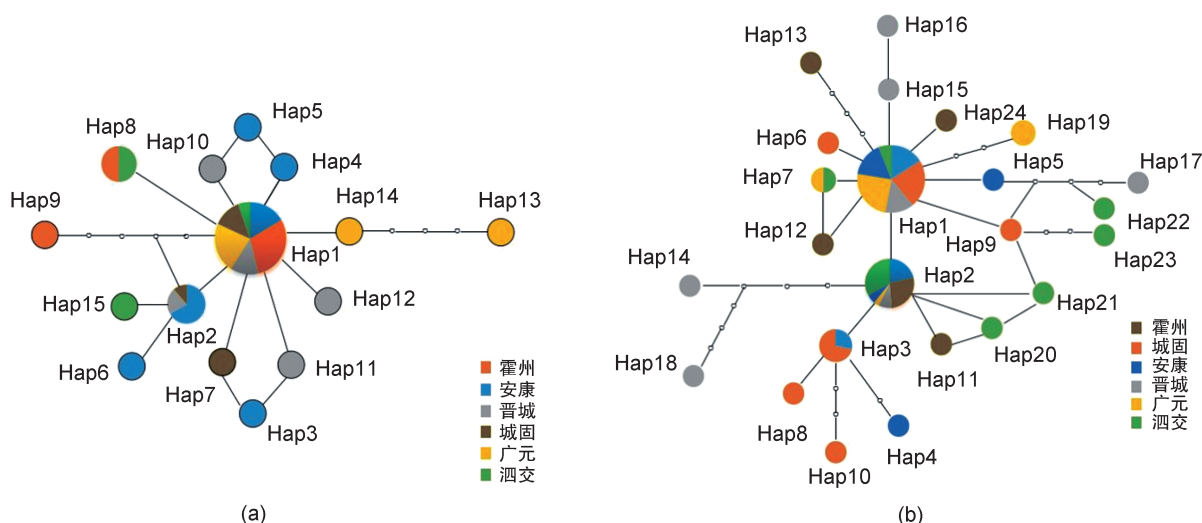
## 2.6 单宁含量测定

对 6 个青麸杨种群的叶片和由蚜虫寄生形成的肚倍单宁含量进行测定,并做了显著性检验,结果见图 2。通过比较发现,部分地区之间的肚倍和青麸杨的单宁含量存在显著差异,其中陕西安康和城固地区的肚倍单宁含量较高,相应的寄主植物青麸杨的单宁含量也高些,综合多样性分析,认为该地区的样本具有种群优势,可作为优良品系进行培育。

## 3 讨论

作为衡量物种遗传多样性的重要指标,单倍型多样性(Hd)和核苷酸多样性( $\pi$ )值越大,物种种群的遗传多样性水平越高。对青麸杨种群叶绿体 *trnL-F* 和 *trnH-psbA* 区序列进行分析,与其近缘物种比较,发现青麸杨的单倍型多样性和核苷酸多样性均低于同为漆树科植物的黄栌 *Cotinus coggygria*<sup>[23]</sup> 和盐肤木 *Rhus chinensis*<sup>[24]</sup>,说明青麸杨的遗传多样性水平较低。山西晋城青麸杨种群的单倍型和核苷酸多样性指数值偏高,表明该地区青麸杨种群的进化过程缓慢,稳定性强并且遗传分化现象明显;陕西城固和安康青麸杨种群的进化过程完全不同于山西晋城,推测是这两个地区先是受外部作用影响使得种群个体数量大幅度减少,经过环境筛选之后未被淘汰的个体又迅速繁衍扩张形成新的种群,所以导致两地区的单倍型和核苷酸多样性指数的差异性很大,前者高而后者偏低;四川广元的单倍型和核苷酸多样性指数均最低,推断物种在进化过程中经历过瓶颈效应<sup>[25]</sup>,早期该地区种群由于外界环境因素影响个体数量迅速减少,同时种群的遗传多样性下降,后期少量个体继续繁衍形成的新种群与之前相比基因频率差异较大。

通过对不同地域之间的遗传分化分析,陕西安康和城固的两个种群间不存在遗传分化,



注:圆圈为单倍型,不同颜色代表不同种群,圆圈面积与单倍型频率成正比。

图1 青麸杨种群 *trnL-F* 区(a)和 *trnH-psbA* 区(b)序列不同单倍型 TCS 网络结构

Fig. 1 TCS network of *trnL-F* (a) and *trnH-psbA* (b) region sequence haplotypes of *Rhus potaninii* Maxim

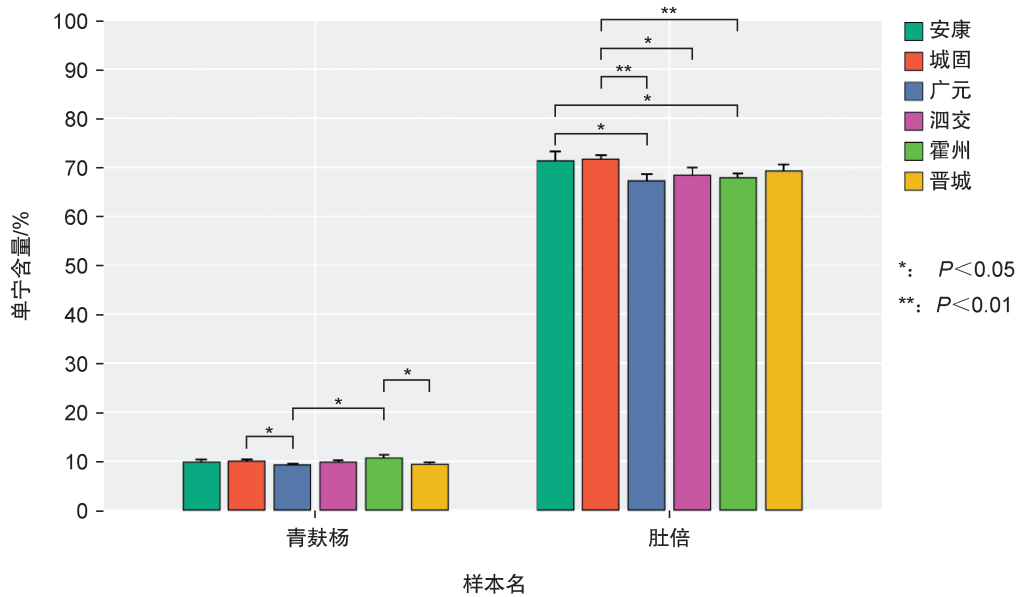


图2 肚倍和青麸杨单宁含量比较

Fig. 2 The tannin contents of gallnuts and *Rhus potaninii* Maxim from different populations

结合这两个地区的地理分布情况分析,它们不受山脉和河流的阻隔影响,二者紧紧相依,所以有利于种群之间进行频繁的基因交流;陕西和山西种群的遗传分化相对较小,而四川广元和山西、陕西地区相比,其 $F_{st}$ 值相对较大,推测是由于其地理位置特殊,与中国西部野生漆树 *Toxicodendron vernicifluum*<sup>[26-27]</sup>、槲子栎 *Quercus baronii* 和匙叶栎 *Quercus dolicholepis*<sup>[28]</sup> 的谱系地理结构相似,受秦巴山脉影响,其复杂多变的地形环境限制了这些地区之间的联系,阻碍各地区青麸杨种群之间进行基因交流,使得青麸杨种群不能向南大规模迁徙和扩张,无法实现大范围的基因交流,所以遗传分化现象不太明显。

青麸杨种群内的变异远远高于种群间的变异,说明种群内的基因交流较为频繁,增强了其遗传变异性,个体间的遗传分化大幅度减小,例如同为漆树科的黄栌 *Cotinus coggygria*<sup>[29]</sup>、芒果 *Mangifera indica*<sup>[30]</sup> 和盐肤木 *Rhus chinensis*<sup>[31]</sup>,主要依靠虫媒传粉,具有丰富的遗传多样性,AMOVA分析显示绝大多数的遗传变异都发生在它们群体内部,遗传分化水平偏低。青麸杨叶绿体基因的遗传方式是母系遗传,其种子在传播过程所需要的各种媒介,如风力、水力、重力作用以及动物的携带,受到地理阻隔的严重影响无法进行远距离、大范围

的传播,此外它本身也并不存在特殊生长结构来协助其进行种子传播,这都将导致青麸杨种群大面积繁衍和扩张的难度增加<sup>[32-34]</sup>。另一方面,不排除因其重要的经济价值,人为的群体引种培育导致的基因交流作用。

通过分析陕西、四川和山西地区分布的青麸杨六个种群的遗传多样性、叶片和倍子单宁含量可知,陕西地区分布的青麸杨种群的遗传多样性最高,对各种环境的适应力以及抵御病虫害的能力都比较强,对于作为我国一大经济树种——青麸杨的大规模优良培育以及品种改良工作提供了一定参考价值。另外,陕西地区作为我国的肚倍主产区,其肚倍不仅产量很高而且成分中富含经济价值极高的单宁,因此适宜作为优良品系进行优先人工选育,对于我国培育和筛选高品质的青麸杨树种具有重要意义。

#### 参考文献:

- [1] 郑勉, 闵天禄. 中国植物志(第45卷第1分册)[M]. 北京: 科学出版社, 1980, 100-105.  
ZHENG M, MIN T L. Flora of China (Volume 45, Part 1) [M]. Beijing: Science Press, 1980, 100-105.
- [2] 中国科学院植物研究所. 中国高等植物图鉴-第二册: 补编[M]. 北京: 科学出版社, 1983.  
Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences. Illustration of Chinese higher plants-volume II: supplement

- [M]. Beijing: Science Press, 1983.
- [3] 舒常庆,董晓明,杨广东,等. 黄连木五倍子单宁含量的分析研究[J]. 华中农业大学学报, 1999, **18**(2): 185-187. DOI: 10.3321/j.issn:1000-2421.1999.02.023.  
SHU C Q, DONG X M, YANG G D, *et al.* Analysis of Tannin Content of Gallnuts on Chinese Pistache (*pistacia chinensis* Bunge)[J]. *J Huazhong Agric Univ*, 1999, **18**(2): 185-187. DOI: 10.3321/j.issn: 1000-2421.1999.02.023.
- [4] 吕翔, 杨子祥, 李杨, 等. 五倍子单宁含量测定方法的比较研究[J]. 西南农业学报, 2012, **25**(3): 1080-1084. DOI: 10.16213/j.cnki.scjas.2012.03.079.  
LV X, YANG Z X, LI Y, *et al.* Comparison of Determination Methods in Tannin Content of Chinese Gallnuts[J]. *Southwest China J Agric Sci*, 2012, **25**(3): 1080-1084. DOI: 10.16213/j.cnki.scjas.2012.03.079.
- [5] 高洁莹, 龚力民, 刘平安, 等. 盐肤木属植物研究进展[J]. 中国实验方剂学杂志, 2015, **21**(8): 215-218. DOI: 10.13422/j.cnki.syfjx.2015080215.  
GAO J Y, GONG L M, LIU P A, *et al.* Research Progress in *Rhus*[J]. *Chin J Exp Tradit Med Formulae*, 2015, **21**(8): 215-218. DOI: 10.13422/j.cnki.syfjx.2015080215.
- [6] 荣秀兰, 雷朝亮, 薛东, 等. 青麸杨枝条长势与肚倍产量关系的初步调查[J]. 华中农业大学学报, 1995, **14**(4): 350-352.  
RONG X L, LEI C L, XUE D, *et al.* Preliminary Investigation on the Relationship between Branch Growth and Belly Yield of *Populus davidiana*[J]. *J Huazhong Agric Univ*, 1995, **14**(4): 350-352.
- [7] 向和. 中国青麸杨五倍子蚜虫的研究[J]. 昆虫分类学报, 1980, **2**(4): 303-313.  
XIANG H. Studies of Chinese Gall-nut Aphids on *Rhus potaninii* Maxim[J]. *Entomotaxonomia*, 1980, **2**(4): 303-313.
- [8] 任竹梅. 五倍子蚜与寄主植物DNA序列系统发育关系及其协同进化[J]. 山西大学学报(自然科学版), 2009, **32**(4): 614-620. DOI: 10.13451/j.cnki.shanxi.univ(nat.sci.).2009.04.010.  
REN Z M. Molecular Phylogeny and Coevolution of Chinese Gallnut Aphid and Its Host-plant Inferred from DNA Sequences[J]. *J Shanxi Univ Nat Sci Ed*, 2009, **32**(4): 614-620. DOI: 10.13451/j.cnki.shanxi.univ(nat.sci.).2009.04.010.
- [9] 潘韵佳. 五倍子基原物种DNA条形码鉴定及叶绿体基因组解析[D]. 北京: 北京协和医学院, 2021. DOI: 10.27648/d.cnki.gzxhu.2021.000855.  
PAN Y J. Identification of DNA Barcode of Gallnut Primordial Species and Chloroplast Genome Analysis[D]. Beijing: Peking Union Medical College, 2021. DOI: 10.27648/d.cnki.gzxhu.2021.000855.
- [10] 沈浩, 刘登义. 遗传多样性概述[J]. 生物学杂志, 2001, **18**(3): 5-7. DOI: 10.3969/j.issn.2095-1736.2001.03.002.  
SHEN H, LIU D Y. Summary of Genetic Diversity[J]. *J Biol*, 2001, **18**(3): 5-7. DOI: 10.3969/j.issn. 2095-1736.2001.03.002.
- [11] 钱迎倩, 马克平. 生物多样性研究的原理与方法: 生物多样性研究系列专著[M]. 北京: 中国科学技术出版社, 1994.  
QIAN Y Q, MA K P. Principles and Methods of Biodiversity Research: A Series of Monographs on Biodiversity Research[M]. Beijing: China Science and Technology Press, 1994.
- [12] 陈灵芝. 对生物多样性研究的几个观点[J]. 生物多样性, 1999, **7**(4): 308-311. DOI: 10.3321/j.issn: 1005-0094.1999.04.009.  
CHEN L Z. Some Viewpoints on Biodiversity Research [J]. *Chin Biodivers*, 1999, **7**(4): 308-311. DOI: 10.3321/j.issn: 1005-0094.1999.04.009.
- [13] 张韵洁, 李德铎. 叶绿体系统发育基因组学的研究进展[J]. 植物分类与资源学报, 2011, **33**(4): 365-375. DOI: 10.3724/SP.J.1143.2011.10202.  
ZHANG Y J, LI D Z. Advances in Phylogenomics Based on Complete Chloroplast Genomes[J]. *Plant Divers Resour*, 2011, **33**(4): 365-375. DOI: 10.3724/SP.J.1143.2011.10202.
- [14] 龚力民, 赵元, 严晟, 等. 不同产地五倍子的质量评价[J]. 湖南中医药大学学报, 2021, **41**(2): 247-251. DOI: 10.3969/j.issn.1674-070X.2021.02.016.  
GONG L M, ZHAO Y, YAN S, *et al.* Quality Evaluation of Wubeizi (*Galla Chinensis*) from Different Origins[J]. *J Hunan Univ Chin Med*, 2021, **41**(2): 247-251. DOI: 10.3969/j.issn.1674-070X.2021.02.016.
- [15] 袁进成, 刘颖慧. 基于叶绿体psbA基因初步探讨植物系统发育的关系[J]. 江苏农业科学, 2009, **37**(4): 46-49. DOI: 10.3969/j.issn.1002-1302.2009.04.016.  
YUAN J C, LIU Y H. Preliminary Analysis of Phylogenetic Relationships of Different Species Based on Chloroplast psbA Sequences[J]. *Jiangsu Agric Sci*, 2009, **37**(4): 46-49. DOI: 10.3969/j.issn.1002-1302.2009.04.016.
- [16] Gene Codes Corporation. *Sequencher* 4.8[M]. Ann Arbor MI: Gene Codes Corporation, 2008.
- [17] THOMPSON J D, GIBSON T J, PLEWNIAC F, *et al.* The CLUSTAL\_X Windows Interface: Flexible Strategies for Multiple Sequence Alignment Aided by Quality Analysis Tools[J]. *Nucleic Acids Res*, 1997, **25**(24): 4876-4882. DOI: 10.1093/nar/25.24.4876.
- [18] TAMURA K, STECHER G, PETERSON D, *et al.*

- MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0[J]. *Mol Biol Evol*, 2013, **30**(12): 2725–2729. DOI: 10.1093/molbev/mst197.
- [19] ROZAS J, SÁNCHEZ-DELBARRIO J C, MESSEGUER X, *et al.* DnaSP, DNA Polymorphism Analyses by the Coalescent and Other Methods[J]. *Bioinformatics*, 2003, **19**(18): 2496–2497. DOI: 10.1093/bioinformatics/btg359.
- [20] EXCOFFIER L, LAVAL G, SCHNEIDER S. Arlequin (Version 3.0): An Integrated Software Package for Population Genetics Data Analysis[J]. *Evol Bioinform Online*, 2007, **1**: 47–50. DOI: 10.1177/117693430500100003.
- [21] CLEMENT M, POSADA D, CRANDALL K A. TCS: A Computer Program to Estimate Gene Genealogies[J]. *Mol Ecol*, 2000, **9**(10): 1657–1659. DOI: 10.1046/j.1365-294x.2000.01020.x.
- [22] 朱显亮, 朱舒靖, 邹蓉, 等. 基于 SSR 的广西同色兜兰和带叶兜兰遗传多样性分析[J]. *广西科学*, 2023, **30**(6): 1068–1078. DOI: 10.13656/j.cnki.gxkx.20240125.005.
- ZHU X L, ZHU S J, ZOU R, *et al.* Genetic Diversity of the *Paphiopedilum concolor* and *P. hirsutissimum* in Guangxi Based on SSR[J]. *Guangxi Sci*, 2023, **30**(6): 1068–1078. DOI: 10.13656/j.cnki.gxkx.20240125.005.
- [23] WANG W, TIAN C Y, LI Y H, *et al.* Molecular Data and Ecological Niche Modelling Reveal the Phylogeographic Pattern of *Cotinus coggygria* (Anacardiaceae) in China's Warm-temperate Zone[J]. *Plant Biol*, 2014, **16**(6): 1114–1120. DOI: 10.1111/plb.12157.
- [24] 张阳. 角倍蚜线粒体基因组全序列及进化分析[D]. 太原: 山西大学, 2012.
- ZHANG Y. Complete Mitochondrial Genome Sequence of *Schlechtendalia chinensis* and Evolutionary Analysis [D]. Taiyuan: Shanxi University, 2012.
- [25] GRANT W, BOWEN B. Shallow Population Histories in Deep Evolutionary Lineages of Marine Fishes: Insights from Sardines and Anchovies and Lessons for Conservation[J]. *J Hered*, 1998, **89**(5): 415–426. DOI: 10.1093/jhered/89.5.415.
- [26] 王璐. 漆树谱系地理学和景观基因组学研究[D]. 南京: 南京林业大学, 2024. DOI: 10.27242/d.cnki.gnj-lu.2023.000025.
- WANG L. Phylogeography and Landscape Genomics of Chinese Lacquer Tree[D]. Nanjing: Nanjing Forestry University, 2024. DOI: 10.27242/d.cnki.gnj-lu.2023.000025.
- [27] 王齐, 周天华, 柏国清, 等. 秦巴山区漆树的遗传多样性分析[J]. *基因组学与应用生物学*, 2022, **41**(5): 1060–1066. DOI: 10.13417/j.gab.041.001060.
- WANG Q, ZHOU T H, BAI G Q, *et al.* Analysis on Genetic Diversity of *Toxicodendron vernicifluum* in MTS. Qinling-bashan Area[J]. *Genom Appl Biol*, 2022, **41**(5): 1060–1066. DOI: 10.13417/j.gab.041.001060.
- [28] 张彦平. 榧子栎和匙叶栎的谱系地理结构和群体遗传多样性研究[D]. 西安: 西北大学, 2017.
- ZHANG Y P. Study on Pedigree Geographical Structure and Population Genetic Diversity of *Quercus Cubeba* and *Quercus Sylvestris*[D]. Xi'an: Northwest University, 2017.
- [29] MIAO C Y, LI Y, YANG J, *et al.* Landscape Genomics Reveal that Ecological Character Determines Adaptation: A Case Study in Smoke Tree (*Cotinus coggygria* Scop.) [J]. *BMC Evol Biol*, 2017, **17**(1): 202. DOI: 10.1186/s12862-017-1055-3.
- [30] JENA R C, CHAND P K. Multiple DNA Marker-assisted Diversity Analysis of Indian Mango (*Mangifera indica* L.) Populations[J]. *Sci Rep*, 2021, **11**(1): 10345. DOI: 10.1038/s41598-021-89470-3.
- [31] REN Z M, ZHU B, WANG D J, *et al.* Comparative Population Structure of Chinese Sumac Aphid *Schlechtendalia chinensis* and Its Primary Host-plant *Rhus chinensis*[J]. *Genetica*, 2008, **132**(1): 103–112. DOI: 10.1007/s10709-007-9153-6.
- [32] KIMURA M. Evolutionary Rate at the Molecular Level [J]. *Nature*, 1968, **217**(5129): 624–626. DOI: 10.1038/217624a0.
- [33] HILLIS D M, DAVIS S K. Ribosomal DNA: Intraspecific Polymorphism, Concerted Evolution, and Phylogeny Reconstruction[J]. *Syst Biol*, 1988, **37**(1): 63–66. DOI: 10.2307/2413191.
- [34] 赵海光, 周建建, 曹珊珊, 等. 基于 ITS 和 trnL-F 序列碱基差异的繁缕及其近缘种的亲缘关系分析[J]. *植物资源与环境学报*, 2009, **18**(1): 1–5. DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2009.01.001.
- ZHAO H G, ZHOU J J, CAO S S, *et al.* Analysis of Interspecific Relationship among *Stellaria Media* and Its Related Species Based on ITS and TRNL-F Sequence Differences[J]. *J Plant Resour Environ*, 2009, **18**(1): 1–5. DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2009.01.001.