

DOI: 10.3969/j.issn.2095-1787.2022.02.005

基于 ISSR 的豚草和三裂叶豚草 遗传多样性研究

王 钊¹, 付开赞², 丁新华², 何 江², 吐尔逊·阿合买提², 张国良³,
付卫东³, 文 俊⁴, 加马力丁·吾拉扎汗⁴, 王 兰^{1*}, 郭文超^{5*}

¹塔里木大学植物科学学院, 新疆 阿拉尔 843300; ²新疆农业科学院植物保护研究所/农业部
西北荒漠绿洲作物有害生物综合治理重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830091; ³中国农业科学院
农业环境与可持续发展研究所, 北京 100081; ⁴伊犁州治蝗灭鼠指挥中心, 新疆 伊犁 835000;
⁵新疆农业科学院微生物应用研究所, 新疆 乌鲁木齐 830091

摘要:【目的】研究不同地理种群的豚草和三裂叶豚草的遗传多样性水平和遗传结构。【方法】应用筛选的 13 条 ISSR 引物对 8 个豚草居群和 7 个三裂叶豚草居群共 240 个样品进行分子标记。【结果】8 个豚草居群 128 个样品, 共扩增出 304 条带, 多态性位点比率为 98.68%; Shannon's 信息指数为 0.6716, Nei's 基因多样性指数为 0.4788。7 个三裂叶豚草居群 112 个样品, 共扩增出 266 条带, 多态性位点比率为 95.86%; Shannon's 信息指数为 0.6593, Nei's 基因多样性指数为 0.4670。豚草和三裂叶豚草各居群遗传距离较近。【结论】豚草和三裂叶豚草在居群间具有一定的遗传稳定性; 居群内具有丰富的遗传多样性。豚草和三裂叶豚草遗传变异主要来源于居群内部。豚草各居群遗传距离和地理距离有显著相关性, 三裂叶豚草各居群遗传距离和地理距离无显著相关性。

关键词: 豚草; 三裂叶豚草; 入侵植物; 遗传多样性; ISSR



开放科学标识码
(OSID 码)

A study on genetic diversity of *Ambrosia artemisiifolia* and *Ambrosia trifida* based on inter-simple sequence repeat

WANG Dian¹, FU Kaiyun², DING Xinhua², HE Jiang², AHMAT · Tuexun², ZHANG Guoliang³,
FU Weidong³, WEN Jun⁴, WULAZAHAN · Jiamaliding⁴, WANG Lan^{1*}, GUO Wenchao^{5*}

¹College of Plant Science, Tarim University, Alar, Xinjiang 843300, China; ²Institute of Plant Protection, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Intergraded Management of Harmful Crop Vermin of China North-western Oasis, Ministry of Agriculture, P.R.China, Urumqi, Xinjiang 830091, China; ³Institute of Agricultural Environment and Sustainable Development, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; ⁴Command Center of Controlling Locusts and Rodents in Yili Prefecture, Yili, Xinjiang 835000, China; ⁵Institute of Microbiological Application, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi, Xinjiang 830091, China

Abstract: 【Aim】To study the genetic diversity and structure of *Ambrosia artemisiifolia* and *Ambrosia trifida* in different geographical populations. 【Method】A total of 240 samples from eight *A. artemisiifolia* populations and seven *A. trifida* populations were labeled with 13 ISSR primers. 【Result】A total of 304 bands were amplified from 128 samples from the *A. artemisiifolia* populations. We observed 98.68% polymorphic loci. Shannon's information index and Nei's gene diversity index were 0.6716 and 0.4788, respectively. A total of 266 bands were amplified from 112 samples from the *A. trifida* populations. We observed 95.86% polymorphic loci. Shannon's information index and Nei's gene diversity index were 0.6593 and 0.4670, respectively. The genetic distances of *A. artemisiifolia* and *A. trifida* populations were similar. 【Conclusion】ISSR analysis showed that *A. artemisiifolia* and *A. trifida* had ge-

收稿日期 (Received): 2021-07-03 接受日期 (Accepted): 2021-10-25

基金项目: 新疆维吾尔自治区科技支撑项目计划 (2020E0203); 新疆农业科学院科技创新重点培育专项 (xjkcpy-002)

作者简介: 王钊, 男, 硕士研究生。研究方向: 农业昆虫与害虫防治。E-mail: 1506980440@qq.com

* 通信作者 (Author for correspondence): 王兰, E-mail: wang-lan95@163.com; 郭文超, E-mail: gwc1966@163.com

netic stability among their populations, but with rich genetic diversity within the population. The genetic variations in *A. artemisiifolia* and *A. trifida* mainly occurs within the population. There was a significant correlation between genetic and geographical distances of *A. artemisiifolia* populations, but there was no significant correlation between those of the *A. trifida* populations.

Key words: *Ambrosia artemisiifolia*; *Ambrosia trifida*; invasive plants; genetic diversity; ISSR

豚草 *Ambrosia artemisiifolia* L. 和三裂叶豚草 *Ambrosia trifida* L. 均是恶性杂草, 是世界上公认的有害植物; 分别是我国首批和第二批公布的危害严重的外来有害生物(万方浩等, 2005)。豚草和三裂叶豚草繁殖力和植株竞争力强, 生长中易排斥其他植物, 形成优势, 成片生长, 改变当地原有植物种类和群落类型, 导致生物多样性下降; 其侵入农田, 与作物竞争导致作物产量损失, 且其花粉对人体具有高致敏性(Bullock *et al.*, 2012)。豚草别称艾叶破布草, 一年生草本植物, 属菊科, 原产北美洲(包颖, 2018)。近 200 年在全球范围内蔓延, 已扩散到 80 多个国家(Montagnani *et al.*, 2017), 20 世纪 30 年代首次传入中国。目前豚草广泛分布于我国东北、华北、华中、华东等地区(柳晓燕等, 2016; 邵云玲和曹伟, 2017; Chen *et al.*, 2007; Qin *et al.*, 2014)。三裂叶豚草别称大破布草, 属菊科豚草属植物, 原产北美洲, 20 世纪 30 年代传入我国, 入侵我国黑龙江、北京等地(马丽娟等, 2020; 马倩倩等, 2020)。2010 年, 在新疆伊犁河谷新源县首次发现豚草和三裂叶豚草入侵, 随后迅速扩散蔓延, 现呈大面积暴发趋势, 已严重威胁到当地农牧民的生产和生活(何江等, 2020; 梁巧玲和陆平, 2014)。

简单序列重复区间扩增多态性(inter-simple sequence repeat, ISSR)是由 Zietkiewicz *et al.* (1994) 基于简单序列重复(simple sequence repeats, SSR)建立的一种分子标记技术, 其在 SSR 的 3' 或 5' 端加上 2~4 个锚定核苷酸, 以提高反应的专一性, PCR 产物经电泳分析后可获得遗传多样性信息(Fernandez & Figueiras, 2002)。ISSR 技术具有操作简便、重复性好和多态性高等优点, 在遗传多样性研究中应用广泛(Godwin *et al.*, 2010)。目前 ISSR 已在多种动植物的亲缘关系、种质鉴定等研究方面得到应用(王明明等, 2007)。本研究采用 ISSR 技术对 8 个豚草居群和 7 个三裂叶豚草居群的遗传多样性与遗传分化进行分析, 旨在揭示新疆伊犁河谷豚草和三裂叶豚草居群的遗传多样性水平、居群间和居群内的遗传分化程度以及不同居群间的亲缘关系。

1 材料与方法

1.1 材料

三裂叶豚草居群分别采自新疆新源县阿勒玛勒镇阿克其村(43°31'80" N, 83°17'17" E, 海拔 806.6 m)、新疆新源县则克台镇沙哈村(43°32'25" N, 83°17'97" E, 海拔 828.2 m)、新疆新源县铁热克阿吾孜村(43°31'29" N, 83°22'50" E, 海拔 817.9 m)、新疆新源县吐尔根农场牧业队(43°32'24" N, 83°23'36" E, 海拔 951.3 m)、新疆新源县则克台村(43°31'23" N, 83°20'49" E, 海拔 801.6 m)、新疆新源县那拉提杏花村(43°32'23" N, 83°26'15" E, 海拔 1039.5 m)、辽宁沈阳市沈河区(41°49'45" N, 123°33'26" E, 海拔 37.9 m) 7 个居群。豚草居群分别采自新疆察布查尔县绰霍尔镇博孜墩村(43°49'53" N, 81°59'25" E, 海拔 553.0 m)、贵州惠水县龙洞村(26°18'12" N, 106°39'20" E, 海拔 973.1 m)、广西来宾市大湾镇石山村(23°31'50" N, 109°21'57" E, 海拔 69.0 m)、广西来宾市平阳镇平阳村(23°22'33" N, 109°13'26" E, 海拔 89.0 m)、广西来宾市武宣县金鸡乡鱼步村(23°32'18" N, 109°21'30" E, 海拔 74.0 m)、新疆新源县铁木里克村(43°19'45" N, 83°50'23" E, 海拔 845.2 m)、新疆新源县玉什开普台尔村(43°17'16" N, 83°23'49" E, 海拔 832.6 m)、新疆新源县阿热勒托别镇哈拉西克村(43°15'59" N, 83°27'52" E, 海拔 815.0 m) 8 个居群。每个居群采集植物样品 16 株, 共 240 个样品。采样时, 每个居群间隔 2 km 以上为一样点; 内地样品由中国农业科学院农业环境与可持续发展研究所付卫东老师采集提供, 疆内样品由新疆农业科学院植物保护研究所采集提供。每个居群内采样时每株间隔在 20 m 以上的植株为一份样品, 选取健康且长势相同的植株叶片置于保鲜袋中, 带回实验室用无菌水清洗, 保存于 -80 °C 的超低温冰箱中备用。

1.2 方法

1.2.1 基因组 DNA 的提取 取 0.10 g 叶片放至 1.5 mL 的标号 EP 管中, 再将 EP 管放入液氮中 15 s; 取出后充分研磨至粉末状, 加入 800 μ L 的 DNAiso Rea-

gent,静置 2 min;加入 200 μL 氯仿,漩涡 60 s 后 15000 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 、4 $^{\circ}\text{C}$ 离心 10 min;移液枪吸取上清液移至吸附柱中,15000 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 、4 $^{\circ}\text{C}$ 离心 1 min,弃下清液;加入 300 μL 无水乙醇,15000 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 、4 $^{\circ}\text{C}$ 离心 1 min,弃下清液;加入 700 μL 75%酒精,7500 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 、4 $^{\circ}\text{C}$ 离心 1 min,弃下清液;加入 700 μL 75%酒精,7500 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 、4 $^{\circ}\text{C}$ 离心 1 min,弃下清液;空转 15000 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 、4 $^{\circ}\text{C}$ 离心 2 min;加入 30 μL ddH₂O(TE buffer),静置 2 min,15000 $\text{r} \cdot \text{min}^{-1}$ 、4 $^{\circ}\text{C}$ 离心 1 min,-20 $^{\circ}\text{C}$ 保存 DNA。

1.2.2 ISSR-PCR 扩增 依据不列颠哥伦比亚大学(The University of British Columbia, UBC)公布的 100 条 ISSR 通用引物(<https://wenku.baidu.com/view/62eea8f1fc4ffe473268ab76>),由上海生物工程有限公司合成。以豚草和三裂叶豚草 DNA 为模板,用 GT9612 型 96 梯度 PCR 仪进行 ISSR 通用引物的筛选和体系程序优化。选取多态性高、重复性好的引物,对 DNA 模板的浓度、引物用量和反应温度等进行优化。根据已优化的体系和程序,用筛选得到的引物对所有豚草和三裂叶豚草样品进行 ISSR-PCR 扩增。将 PCR 产物点样置于 2%(琼脂糖质量与 TAE 缓冲液体积比)琼脂糖凝胶(含溴化乙锭)电泳检测;检测电压 75 V,35 min。在凝胶成像仪中拍照记录。

1.3 数据分析

以 ISSR-PCR 照片为依据,用 Excel 表统计谱带数量有谱带处标“1”,无谱带处标“0”,建立 0/1 矩

阵;用 POPGEN 32 软件计算 Nei's 基因多样性指数和 Shannon's 信息指数 2 个遗传参数;用 NTSYS 2.10 软件对 15 个居群进行聚类分析,绘制亲缘关系树状聚类图;利用经纬度计算各居群间的直线距离,用 SAS 软件进行地理距离和遗传距离的相关性分析。

2 结果与分析

2.1 ISSR 扩增结果

经优化获得最佳反应体系(25 μL):12.5 μL 2 $\times$ Taq PCR Mix,2 μL 引物,2 μL 模板 DNA,8.5 μL ddH₂O。PCR 程序设置:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s,55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min,35 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min。取部分 DNA 样品(4 $^{\circ}\text{C}$ 保存),将其作为模板进行引物筛选。筛选出 13 条多态性高、谱带清晰且重复性好的引物(表 1)。

采用优化后的反应体系与程序,用 13 条引物对 240 份样品进行 ISSR-PCR 扩增实验,其中引物 UBC884 对三裂叶豚草扩增多态性条带比率最低,为 78.57%;引物 UBC815 对豚草扩增多态性比率最低,为 87.50%。引物 UBC812、UBC815、UBC822、UBC823、UBC841、UBC848、UBC866 对三裂叶豚草扩增多态性条带比率达到 100%;引物 UBC823、UBC825、UBC848、UBC866、UBC884、UBC887 对豚草扩增多态性条带比率达到 100%。由于三裂叶豚草在新疆伊犁哈萨克自治州新源县那拉提杏花村发生危害严重,因此,选取引物 UBC841 对三裂叶豚草居群的 ISSR 进行扩增,扩增图谱如图 1 所示。

表 1 筛选出的引物基本信息
Table 1 Basic information of screened primers

引物编号 Primer number	引物序列 Primer sequence	豚草 <i>A. artemisiifolia</i>			三裂叶豚草 <i>A. trifida</i>		
		总条带数 Number of total bands	多态性条带数 Number of polymorphic bands	多态性条带 比率 Polymorphic band ratio/%	总条带数 Number of total bands	多态性条带数 Number of polymorphic bands	多态性条带 比率 Polymorphic band ratio/%
UBC812	GAGAGAGAGAGAGAA	24	23	95.83	21	21	100.00
UBC815	CTCTCTCTCTCTCTG	16	14	87.50	21	21	100.00
UBC822	TCTCTCTCTCTCTCA	24	23	95.83	21	21	100.00
UBC823	TCTCTCTCTCTCTCC	24	24	100.00	28	28	100.00
UBC825	ACACACACACACACT	24	24	100.00	14	13	92.86
UBC835	AGAGAGAGAGAGAGCTC	24	22	91.67	21	20	95.24
UBC841	GAGAGAGAGAGAGACTC	24	23	95.83	21	21	100.00
UBC844	CTCTCTCTCTCTCTAGC	24	23	95.83	14	12	85.71
UBC848	CACACACACACACAAGG	24	24	100.00	28	28	100.00
UBC866	CTCCTCCTCCTCCTC	32	32	100.00	28	28	100.00
UBC884	ACTCGTACTAGAGAGAGAGAG	16	13	100.00	14	11	78.57
UBC887	AGTACGAGTTCTCTCTCTCTC	24	24	100.00	14	12	85.71
UBC888	CGTAGTCGTCACACACACACA	24	22	91.67	21	19	90.48

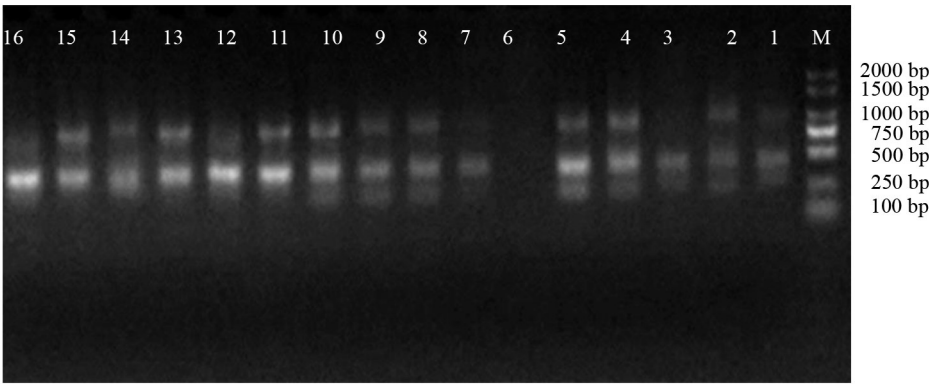


图1 引物 UBC841 对三裂叶豚草新疆新源县杏花村居群的扩增图谱
Fig.1 Amplification map of primer UBC841 on *A. trifida* populations in Xinghua Village, Xinyuan County, Xinjiang
1~16 表示该居群 16 个样品的编号, M 表示 DNA marker DL2000。

1-16 indicates the number of the 16 samples of the population, and M indicates DNA marker DL2000.

2.2 豚草和三裂叶豚草居群遗传多样性分析

从表 2 可以看出,豚草 8 个居群的多态位点率平均值为 98.68%,其中 1、3、5、6、7 和 8 居群的多态位点率为 100%;平均有效等位基因数为 1.7788,其中 8 居群最高;各居群 Nei's 基因多样性指数介于 0.4016~0.4619 之间,其变化趋势与有效等位基因数的变化趋势一样;8 个居群的 Shannon's 信息指数平均值为 0.6194。6 个遗传多样性指标的变化表明,豚草在物种水平上具有较高的遗传多样

性。三裂叶豚草 7 个居群的多态位点率平均值为 98.50%,其中 10、13 和 14 居群达到 100%;平均有效等位基因数为 1.7965,其中 15 居群最高,13 居群最小;各居群 Nei's 基因多样性指数介于 0.4281~0.4478,其变化趋势与有效等位基因的变化趋势一样,7 个居群的 Shannon's 信息指数平均值为 0.6224。6 个遗传多样性指标的变化表明,三裂叶豚草在物种水平上具有较高的遗传多样性。

表 2 豚草和三裂叶豚草居群遗传多样性分析

Table 2 Analysis on genetic diversity of <i>A. artemisiifolia</i> and <i>A. trifida</i> populations							
物种 Species	居群编号 Population number	多态位点数 Number of polymorphic loci	多态位点比率 Polymorphic loci ratio/%	等位基因数 Number of alleles	有效等位基因数 Effective number of alleles	Nei's 遗传多样性指数 Nei's genetic diversity index	Shannon's 信息指数 Shannon's information index
豚草 <i>A. artemisiifolia</i>	1	38	100.00	2.0000	1.8513	0.4562	0.6478
	2	36	94.74	1.9474	1.7436	0.4080	0.5869
	3	38	100.00	2.0000	1.7562	0.4250	0.6147
	4	36	94.74	1.9474	1.7170	0.4016	0.5810
	5	38	100.00	2.0000	1.7331	0.4149	0.6034
	6	38	100.00	2.0000	1.7005	0.4282	0.6171
	7	38	100.00	2.0000	1.8605	0.4590	0.6507
	8	38	100.00	2.0000	1.8687	0.4619	0.6539
	均值 Mean value	38	98.68	1.9868	1.7788	0.4318	0.6194
物种水平 Species level		38	100.00	2.0000	1.9219	0.4788	0.6716
三裂叶豚草 <i>A. trifida</i>	9	37	97.37	1.9737	1.7879	0.4281	0.6129
	10	38	100.00	2.0000	1.7819	0.4308	0.6199
	11	37	97.37	1.9737	1.8239	0.4422	0.6286
	12	37	97.37	1.9737	1.7896	0.4301	0.6153
	13	38	100.00	2.0000	1.7636	0.4285	0.6188
	14	38	100.00	2.0000	1.7915	0.4362	0.6266
	15	37	97.37	1.9737	1.8371	0.4478	0.6349
	均值 Mean value	37.43	98.50	1.9800	1.7965	0.4348	0.6224
	物种水平 Species level	38	100.00	2.0000	1.8835	0.4670	0.6593

2.3 豚草和三裂叶豚草不同居群遗传分化

由表 3 可知,豚草总遗传多样性为0.4788,居群内基因多样性平均值 0.4319;8 个居群的基因分化系数为 0.0981,说明总的变异中9.81%的变异来自于居群间,90.19%的变异来自于局群内;基因流为 4.5994,表明豚草居群间基因流具有一定的流

动性。三裂叶豚草总遗传多样性为 0.4670,居群内基因多样性平均值为0.4348;7 个居群的基因分化系数为 0.0688,说明遗传变异中有 6.88%的变异来自于居群间,93.12%的变异来自于居群内;基因流为6.7662,表明三裂叶豚草居群间基因流具有较高的流动性。

表 3 豚草和三裂叶豚草的 Nei's 基因多样性分析
Table 3 Nei's genetic diversity analysis of *A. artemisiifolia* and *A. trifida*

物种 Species	总遗传多样性 Total genetic diversity	居群内多样性 Intra population diversity	基因分化系数 Coefficient of gene differentiation	估计基因流 Estimating gene flow
豚草 <i>A. artemisiifolia</i>	0.4788±0.0005	0.4319±0.0013	0.0981	4.5994
三裂叶豚草 <i>A. trifida</i>	0.4670±0.0012	0.4348±0.0016	0.0688	6.7662

2.4 UPGMA 聚类分析

由图 2 可知,系统聚类时遗传一致度为 0.89~0.97。豚草贵州惠水县龙洞村居群和广西平阳镇平阳村居群为一支,广西大湾镇石山村居群和广西金鸡乡鱼步村居群为一支,然后合为一支再与新疆察布查尔锡伯自治县博孜墩村居群聚为一支;新疆新源县铁木里克村居群、新疆新源县玉什开普台尔村居群和新疆新源县哈拉西克村居群聚为另一支。当遗传相似系数为 0.91 时可分为 2 组:贵州惠水县龙洞村居群、广西平阳镇平阳村居群、广西大湾镇居石山村居群、广西金鸡乡鱼步村居群和新疆察布查尔县博孜墩村居群为一组;新疆新源县铁木里克村居群、新疆新源县玉什开普台尔村居群和新疆新源县哈拉西克村居群为另一组。豚草聚类结果与遗传距离的结果一致,各居群间相似系数高,相似性大。

三裂叶豚草新疆新源县阿克其村居群和新疆新源县沙哈村居群聚为一支;辽宁省沈阳市沈河区居群和新疆新源县铁热克阿吾孜村居群聚为一支,后与新疆新源县图尔根农场居群聚为一支;新疆新源县则克台村居群和新疆新源县杏花村居群聚为一支。当遗传相似系数为 0.91 时,7 个居群分为 2 组:新源县阿克其村居群和新疆新源县沙哈村居群分为一组;辽宁省沈阳市沈河区居群、新疆新源县铁热克阿吾孜村居群、新疆新源县吐尔根农场居群、新疆新源县则克台村居群和新疆新源县杏花村居群为另一组。三裂叶豚草聚类结果与遗传距离的结果一致,各居群间相似系数高,相似性大(图 2)。

2.5 遗传距离与地理距离间的相关性分析

豚草和三裂叶豚草居群间遗传距离与相应地理距离的相关性回归分析如图 3 所示,豚草的回归方

程为 $Y = 2E - 0.5X + 0.0692$,利用 SAS 软件进行的相关性分析可知其相关系数 $R^2 = 0.4860 > r_{0.05}$ ($P = 0.001 < 0.05$)。豚草各居群间的遗传距离与地理距离间有显著的相关关系,居群间的基因交流受到地理距离的限制。三裂叶豚草的回归方程为 $Y = -7.958X + 1.895$,利用 SAS 软件进行的相关性分析可知其相关系数 $R^2 = 0.0694 < r_{0.05}$ ($P = 0.343 > 0.05$)。三裂叶豚草各居群间的遗传距离与地理距离间无显著的相关关系,居群间的基因交流不受地理距离的限制。

3 讨论

沙伟和周福军(1999)、沙伟等(2000)采用水平切片淀粉凝胶电泳测定了东北地区分布不同生态环境条件下 7 个豚草居群的遗传结构,揭示了东北豚草 7 个居群间的变异仅占总变异的 7.3%,大多数 (92.7%) 变异存在于居群内部。邓旭等(2011)应用 ISSR 分子检测技术研究了 5 个湖南豚草居群的遗传多样性,总遗传变异中有 29.61%是存在于居群间的,居群内遗传变异占总变异的 70.39%。黄久香等(2012)等应用 ISSR 技术对广东豚草居群进行遗传多样性分析,67.37%的遗传变异发生在居群内,32.63%的遗传变异发生在居群间。本研究对新疆地区豚草和三裂叶豚草研究结果表明,遗传变异主要发生在居群内部,这与上述研究结果一致。

遗传多样性分析表明,无论是多态性位点比率,还是居群的相似性指数均较高,2 物种可能来源于同一源种群,是导致其遗传相似度相对较高的主要原因。新疆地区豚草遗传相似度和广西、贵州较高,因此入侵新疆的豚草可能来源于广西、贵州。

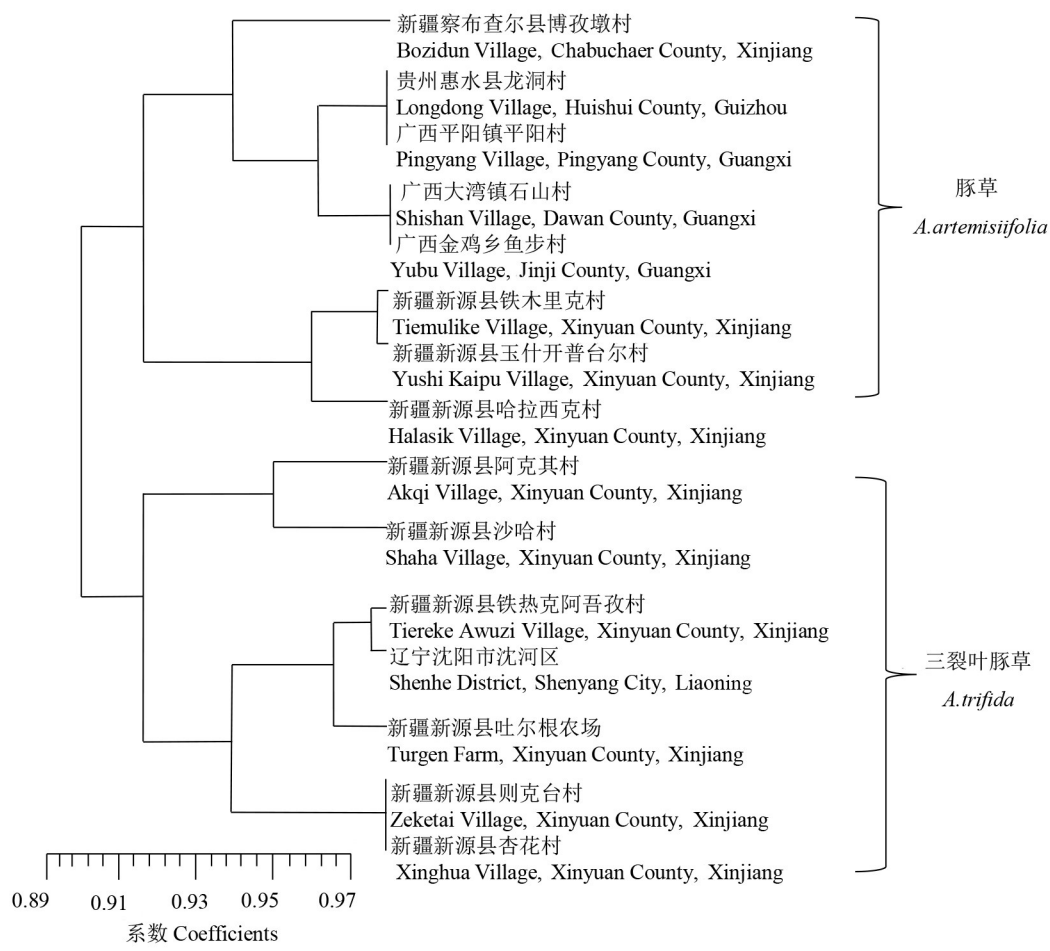


图 2 豚草和三裂叶豚草 UPGMA 聚类结果

Fig.2 UPGMA clustering results of *A. artemisiifolia* and *A. trifida*

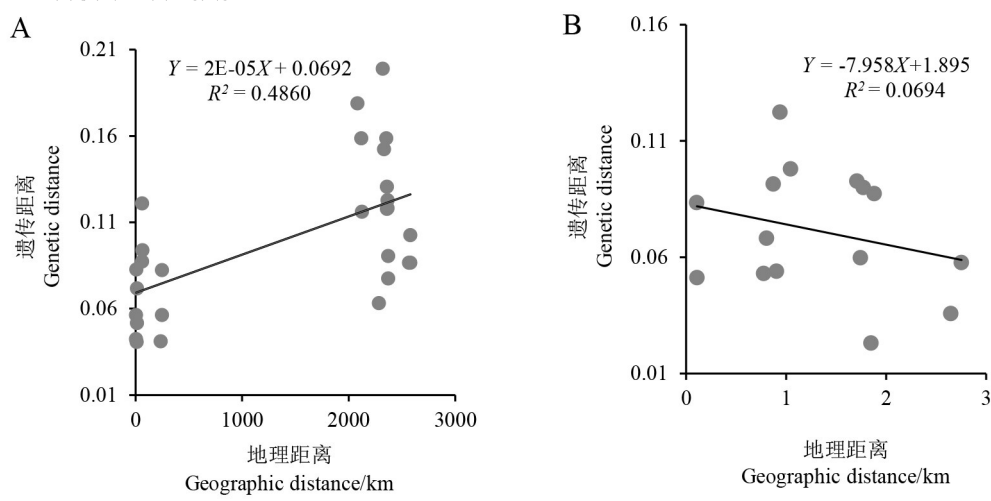


图 3 豚草 (A) 和三裂叶豚草 (B) 遗传距离和地理距离的回归分析

Fig.3 Regression analysis of genetic distance and geographical distance between *A. artemisiifolia* (A) and *A. trifida* (B)

本研究发现,新疆地区豚草和三裂叶豚草各居群遗传距离较近。这一现象可能是由于豚草和三裂叶豚草为一年生草本植物,其结实量大,存活率和增殖率都很高;同时伊犁河谷属农牧交错区,牛羊等牲畜的携带以及人为活动使其在短期内迅速蔓延扩散,导致各居群的遗传距离较近。由于新疆地区豚草发生分布面积相对较大,三裂叶豚草发生分布相对较小,导致三裂叶豚草各样点的距离相对较近,可能是豚草遗传距离和地理距离有显著相关性,三裂叶豚草无显著相关性的一个重要原因。因此,要真

正揭示新疆三裂叶豚草和豚草来源以及遗传特性还需要研究更大范围更多数量的居群。

4 结论

本研究从豚草和三裂叶豚草中共筛选出 13 条多态性引物,豚草获得 304 条特征条带,三裂叶豚草获得 266 条特征条带。ISSR 分析结果表明:豚草和三裂叶豚草在居群间具一定的遗传稳定性;居群内具有丰富的遗传多样性;遗传变异主要来源于居群内部。豚草遗传距离和地理距离有显著相关性,三裂叶豚草无显著相关性。本研究可为新疆地区豚草和三裂叶豚草的防治和进一步的研究提供理论基础。

参考文献

- 包颖, 2018. 外来入侵物种豚草研究进展. 吉林林业科技, 47 (2): 37-39, 42.
- 邓旭, 王娟, 谭济才, 2011. 湖南省不同种群豚草种群遗传多样性 ISSR 分析. 广东农业科学 (14): 124-127.
- 何江, 王志慧, 丁世强, 丁新华, 付开赞, 郭文超, 2020. 三裂叶豚草在新疆典型生境的发生分布调查. 南方农业, 14 (26): 193-194.
- 黄久香, 刘宪宽, 庄雪影, 翟翠花, 黄川腾, 徐瑞晶, 2012. 广东豚草居群的遗传分化. 广东农业科学 (3): 135-138.
- 梁巧玲, 陆平, 2014. 新疆伊犁河谷发现外来杂草——三裂叶豚草和豚草. 杂草科学, 32(2): 38-40.
- 柳晓燕, 李俊生, 赵彩云, 全占军, 赵相健, 宫璐, 2016. 基于 MAXENT 模型和 ArcGIS 预测豚草在中国的潜在适生区. 植物保护学报, 43(6): 1041-1048.
- 马丽娟, 高建诚, 王俊, 2020. 新疆农区豚草和三裂叶豚草综合防治技术. 新疆农业科技 (4): 41-43.
- 马倩倩, 刘彤, 董合干, 赵文轩, 王寒月, 王瑞丽, 2020. 采用多尺度数据源预测豚草在新疆的潜在分布. 干旱区资源与环境, 34(9): 188-193.
- 沙伟, 周福军, 1999. 东北地区豚草种群的遗传变异与遗传分化. 植物研究, 19(4): 452-456.
- 沙伟, 周福军, 祖元刚, 2000. 不同生境三裂叶豚草种群的遗传结构. 植物研究, 20(1): 94-99.
- 邵云玲, 曹伟, 2017. 外来入侵植物豚草在中国东北潜在分布区预测. 干旱区资源与环境, 31(7): 172-176.
- 万方浩, 郑小波, 郭建英, 2005. 重要农林外来入侵物种的生物学与控制. 北京: 科学出版社.
- 王明明, 宋振巧, 王建华, 2007. ISSR 标记技术及其在药用植物遗传育种中的应用. 中草药, 38(1): 134-137.
- BULLOCK J M, CHAPMAN D, SCHAFFER S, 2012. Assessing and controlling the spread and the effects of common ragweed in Europe. London: Natural Environment Research Council.
- CHEN H, CHEN L J, ALBRIGHT THOMAS P, 2007. Predicting the potential distribution of invasive exotic species using GIS and information-theoretic approaches: a case of ragweed (*Ambrosia artemisiifolia* L.) distribution in China. *Chinese Science Bulletin*, 52(9): 1223-1230.
- FERNANDEZ M E, FIGUEIRAS A C, 2002. The use of ISSR and RAPD markers for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity among barley cultivars with known origin. *Theoretical & Applied Genetics*, 104(5): 845-851.
- GODWIN I D, AITKENE A B, SMITH W, 2010. Application of inter simple sequence repeat (ISSR) markers to plant genetics. *Electrophoresis*, 18(9): 1524-1528.
- MONTAGNANI R, GENTIL M, SMITH M F, GUARINO S, 2017. The worldwide spread, success, and impact of ragweed (*Ambrosia* spp.). *Critical Reviews in Plant Sciences*, 36(3): 139-178.
- QIN Z, DASOITOMM A, WURS S, 2014. Potential distribution of two *Ambrosia* species in China under projected climate change. *Weed Research*, 54(5): 520-531.
- ZIETKIEWICZ E, RAFALSKI A, LABUDA D, 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR) anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*, 20(2): 176-183.

(责任编辑:郑珊珊)