

不同龙眼资源遗传多样性的 SCoT 和 ISSR 比较分析

陈虎¹, 何新华^{1,2*}, 黄桂香¹, 李峰¹, 姜建初¹, 朱建华³

(1. 广西大学农学院, 南宁 530004; 2. 广西作物遗传改良重点实验室, 南宁 530007; 3. 广西农业科学院园艺研究所, 南宁 530007)

摘要: 应用 SCoT 和 ISSR 标记对 36 份龙眼资源和 1 份近缘种龙荔的遗传多样性进行分析。结果表明:12 对 SCoT 引物共扩增出 127 条带, 平均每条引物扩增 10.58 条带; 15 条 ISSR 引物共扩增出 117 个条带, 平均扩增 7.8 条带。UPGMA 聚类结果表明: SCoT 标记和 ISSR 标记分别在相似系数 0.672 和 0.685 水平上, 均可将 37 份材料分成 6 大类群, SCoT 和 ISSR 标记均适用于龙眼材料的遗传多样性分析, 如果将两种标记的数据进行综合分析, 可以缩小单一标记的误差。研究结果为龙眼种质资源的保存和利用提供了重要的依据。

关键词: 龙眼; SCoT; ISSR; 遗传多样性

中图分类号: S667.2 文献标识码: A 文章编号: 1000-3142(2012)04-0536-06

Comparison and analysis of SCoT and ISSR markers for genetic diversity of longan

CHEN Hu¹, HE Xin-Hua^{1,2*}, HUANG Gui-Xiang¹,
LI Feng¹, JIANG Jian-Chu¹, ZHU Jian-Hua³

(1. College of Agriculture, Guangxi University, Nanning 530004, China; 2. Key Laboratory of Crop Genetic Improvement in Guangxi, Nanning 530007, China; 3. Institute of Horticulture, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, China)

Abstract: The diversity and genetic relationship among and within thirty-six varieties of longan and one *Dimocarpus confinis* from China, Vietnam and Thailand were analyzed using SCoT(Start Codon Targeted) and ISSR(Inter Simple Sequence Repeat) markers. The results showed 127 strips were amplified by 12 SCoT primers while 117 strips by 15 ISSR primers. The average strips amplified by SCoT and ISSR primers were 10.58 and 7.8, respectively. The genetic relationships were analyzed using unweighted pair-group method of arithmetic average cluster analysis(UPGMA) and the genetic Jaccard similarity coefficients were calculated. The cluster analysis results showed that the thirty-seven materials could be clustered into 6 groups at the similarity coefficient level of 0.672 and 0.685. Comparison and mixture analysis of the two molecular markers demonstrated that both SCoT and ISSR were efficient approaches for genetic diversity analysis of longan germplasm. These results would provide theoretical basis for longan germplasm storage and utilization in future.

Key words: longan; SCoT; ISSR; genetic diversity

* 收稿日期: 2011-08-20 修回日期: 2012-01-06

基金项目: 国家科技支撑计划项目(2008BADB8B01, 2008BADB8B02); 广西自然科学基金(2011GXNSFA018115); 广西研究生创新计划项目(GXU11T31077) [Supported by National Key Technology R & D Program of China(2011GXNSFA018115); Natural Science Foundation of Guangxi(2011GXNSFA018115); Innovation Project of Guangxi Postgraduate Education(GXU11T31077)]

作者简介: 陈虎(1983-), 男, 太原人, 在读博士, 主要从事作物分子生物学与种质改良研究, (E-mail)chenhubeijing-2008@163.com。

* 通讯作者: 何新华, 教授, 主要从事果树资源的保存、开发利用及新品种选育, (E-mail)honest66222@163.com。

龙眼 (*Dimocarpus longana*) 属于无患子科 (Sapindaceae) 龙眼属 (*Dimocarpus*) 植物, 已有两千多年的栽培历史, 我国现有 400 多个龙眼品种。我国南部作为龙眼的起源地有着丰富的野生和实生龙眼资源。目前利用分子标记研究龙眼遗传多样性国内已有较多报道, Wu 等 (2007) 和陈虎等 (2010) 对其进行了归纳总结, 发现主要局限于栽培品种上, 研究不同国家之间及实生龙眼资源遗传多样性和亲缘关系的报道较少。而这些龙眼基因资源对于龙眼种质资源利用、保存和品种创新具有重要的意义。

SCoT 标记是在水稻上提出的一种基于翻译起始位点 (根据基因 ATG 翻译起始位点侧翼保守序列设计引物) 的单引物扩增目的基因的功能性分子标记 (Collard & Mackill, 2009; 熊发前等, 2009)。目前 SCoT 分子标记作为一种新的目的基因分子标记方法在水稻 (Collard & Mackill, 2009)、芒果 (Luo 等, 2011)、花生 (Xiong 等, 2010)、龙眼 (陈虎等, 2010) 等植物上得到应用。而 ISSR 分子标记结合 RAPD 和 SSR 的优点, 具有很好的稳定性、多态性、共显性、其产物多态性丰富、模板需要用量少、操作简单等特点已得到广泛应用 (Zietkiewicz 等, 1994)。为此, 本实验借助 SCoT 和 ISSR 分子标记技术, 以中越边境中国境内实生龙眼和引入我国的越南、泰国龙眼资源和目前在亲缘关系及分类上有争议的龙眼品种“四季蜜”和龙眼属植物“龙荔”为材料, 进行遗传多样性分析和评价, 旨在弄清其遗传多样性和亲缘关系情况, 为更好的开发利用实生龙眼和国外龙眼资源的打下基础。

1 材料与方法

1.1 材料

试验供试材料为 37 份不同龙眼资源, 其中云南 10 份材料主要采自云南热带作物研究所收集的资源; 越南种质 7 份和泰国种质 6 份及四季蜜、龙荔采自广西农业科学院园艺研究所; 广西地区种质 11 份均来源于各材料的原产地, 对于实生材料我们采取单株取样 (表 1)。取样试材为幼嫩叶片, 置于液氮中运回实验室放在 -80°C 的超低温冰箱中备用。dNTPs、Taq DNA 聚合酶等购自上海生工生物工程技术服务有限公司。

1.2 DNA 提取与检测

采用改良的 CTAB 法提取 DNA, 用紫外分光

光度计和 0.8% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量和浓度, 将提取的 DNA 稀释为 $30\text{ ng}/\mu\text{L}$, 放 -20°C 保存备用。

1.3 引物筛选

SCoT 引物采用 Collard & Mackill (2009) 公布的 36 条引物序列和 Luo 等 (2011) 公布的 40 条引物, ISSR 所用引物参照加拿大哥伦比亚大学 UBC 公司公布的 100 条引物序列 (<http://www.biotech.ubc.ca/services/naps/primers.html>), 均由上海生物工程合成。在 Biometra Tprofessional PCR 仪上进行引物筛选, 从所有引物中筛选出扩增产物条带清晰, 多态性好的 12 条 SCoT 引物和 15 条 ISSR 引物 (表 2), 用于所有 DNA 样品扩增。

表 1 供试材料及其来源
Table 1 Origin or collection place of materials used in this study

编号 No.	材料 Material	原产地 Original area	种名 Specific name
1	四季蜜	东南亚	<i>Dimocarpus longana</i>
2	龙荔	广西	<i>D. confinis</i>
3-13	云南-1-11	云南	<i>D. longana</i>
14-19	灵山-1-6	广西灵山	<i>D. longana</i>
20	那陈-1	广西那陈	<i>D. longana</i>
21	那陈-2	广西那陈	<i>D. longana</i>
22	崇左-1	广西崇左	<i>D. longana</i>
23	崇左-2	广西崇左	<i>D. longana</i>
24	龙州-1	广西灵山	<i>D. longana</i>
25	越南 V1	越南	<i>D. longana</i>
26	越南 V2	越南	<i>D. longana</i>
27	越南 V3	越南	<i>D. longana</i>
28-31	越引-1-4	越南	<i>D. longana</i>
32-34	泰国-1-3	泰国	<i>D. longana</i>
35	依器	泰国	<i>D. longana</i>
36	苗翘	泰国	<i>D. longana</i>
37	依登	泰国	<i>D. longana</i>

1.4 PCR 扩增

ISSR 和 SCoT 都为 $20\ \mu\text{L}$ 反应体系, 包括 DNA ($30\text{ ng}/\mu\text{L}$) $1.0\ \mu\text{L}$ 、 $10\times\text{buffer}$ (含 Mg^{2+}) $2.0\ \mu\text{L}$ 、 4.0 mmol/L dNTP $0.5\ \mu\text{L}$ 、 $30\ \mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$ 引物 $1\ \mu\text{L}$ 、DNA 聚合酶 ($2\text{ U}/\mu\text{L}$) $0.5\ \mu\text{L}$, 加水至 $20\ \mu\text{L}$ 。ISSR 和 SCoT 采用相同的反应程序: 94°C 预变性 4 min; 95°C 变性 50 S, 复性退火温度随引物而定 40 S, 72°C 延伸 2 min, 循环 35 次; 72°C 延伸 10 min。取 $5\ \mu\text{L}$ 扩增产物在 1.5% 的琼脂糖电泳分离, 电压为 5 V/cm , 电极缓冲液为 $1\times\text{TAE}$, 电泳结束后用 EB 染色, 在紫外分析仪上观察并照相。

1.5 数据分析方法

根据分子标记的迁移率及其有无,统计所有的二元数据。按条带有无赋值,有条带的记为“1”,无条带的记为“0”,缺失记为“9”,记录清晰、稳定的扩

增带输入计算机。采用 NTsys 2.10 软件计算进行遗传相似性系数计算,在遗传相似系数矩阵的基础上,用 UPGMA 方法对 37 份材料进行聚类分析,同时进行主坐标分析检验聚类结果。

表 2 SCoT 和 ISSR 引物的碱基序列及扩增结果

Table 2 The sequences of SCoT and ISSR primers selected and the amplification results

引物 Primer	引物序列(5'-3') Sequence(5'-3')	扩增位点数 Total bands	多态性位点数 Polymorphic bands	多态性位点百分率 Percentage of polymorphic loci(%)
SCoTs-40	CAATGGCTACCACTACAG	9	7	77.78
s-61	CAACAATGGCTACCACCG	14	12	85.71
s-67	ACCATGGCTACCAGCGGC	8	7	87.50
s-69	ACCATGGCTACCAGCGCA	9	6	66.67
s-71	CCATGGCTACCACCGCCG	9	5	55.56
s-74	CCATGGCTACCACCGGCA	13	11	84.62
s-76	CCATGGCTACCACTACCG	16	14	87.50
s-7	CAACAATGGCTACCACGG	13	12	92.31
s-17	ACCATGGCTACCACCGAG	7	6	85.71
s-19	ACCATGGCTACCACCGGC	10	10	100.00
s-14	ACGACATGGCGACCACGC	7	6	85.71
s-35	CATGGCTACCACCGCCC	12	12	100.00
Mean				85.04
Total		127	108	
ISSR807	(AG)8T	8	6	75.0
810	(GA)8T	12	7	58.3
829	(TG)8C	6	6	100.0
835	(AG)8YC	6	4	66.7
841	(GA)8YT	9	6	66.7
851	(GT)8YG	7	6	85.7
856	(AC)8YA	6	4	66.7
881	(GGGTG)3	5	4	80.0
892	ATCTGATATCTGAATT	9	8	88.9
840	(GA)8YT	8	7	87.5
880	(GGAGA)3	8	7	87.5
812	(GA)8A	6	5	83.3
811	(GA)8C	7	6	85.7
847	(CA)8RC	10	8	80.0
834	(AG)8YT	10	9	90.0
Mean				79.5
Total		117	93	

2 结果与分析

2.1 DNA 的多态性分析

从 76 个 SCoT 引物中筛选到扩增效果好的 12 条引物,对供试的 37 份材料进行 PCR 扩增与检测,共扩增出 127 个 DNA 位点,其中 10⁸ 个位点具有多态性,占总位点的 85.04%,说明供试的样品遗传多样性比较丰富。每条引物可扩增出 S-16 条带,平均扩增 10.58 条带(表 2)。产物条带在 150~2 100 bp 都有分布,部分引物的扩增结果见图 1:a。

用 15 条 ISSR 引物在供试的 37 份样本进行扩增,共扩增出 117 个基因位点,每条引物检测出 5~12 个等位基因,平均 7.8 个,检测数最多的是引物 UBC810。多态性位点的扩增片段大小为 300~2 000 bp(图 1:b),多态位点 93 个,占总条带的 79.5%。比较 ISSR 和 SCoT 扩增的平均条带数和多态性条带比率,均为 SCoT 分子标记多于 ISSR 分子标记。

2.2 SCoT 和 ISSR 标记聚类分析

利用 UPGMA 方法对 SCoT 扩增的结果构建聚类树状图(图 2:A)。由图可见,在遗传相似系数为 0.685 的水平上,除云南-4、8、9 和泰国-3 外,将

其它 32 份材料分为 6 组。四季蜜为第 1 组, 云南-5 为第 3 组, 那陈-2、崇左-2、龙州-1 和越引-1, 依登为第 4 组。云南-1、2、11 为第 5 组。龙荔为第 6 组。其余材料为第 2 组。在遗传相似系数为 0.727 时将第 2 组分为 5 亚组。云南-3 为第 1 亚组。来自灵山的 6 份材料为第 2 亚组。云南-3、7、10 和越南 V3 为第 3 亚组, 来自越南的越南-2、3、4 和越南 V1、V2

为第 4 亚组。来自泰国的依器, 苗翘及泰国-1、2 为第 5 亚组。

按 UPGMA 方法构建了亲缘关系树状图(图 2: B)。由图可见, 在遗传相似系数为 0.672 的水平上, 将 37 份材料分为 6 组, 其中四季蜜归为第 1 组。来自云南的云南-1、2、11 归为第 3 组, 越南 V2 为第四组, 云南-9 为第 5 组, 龙荔为第 6 组。剩余 30 份

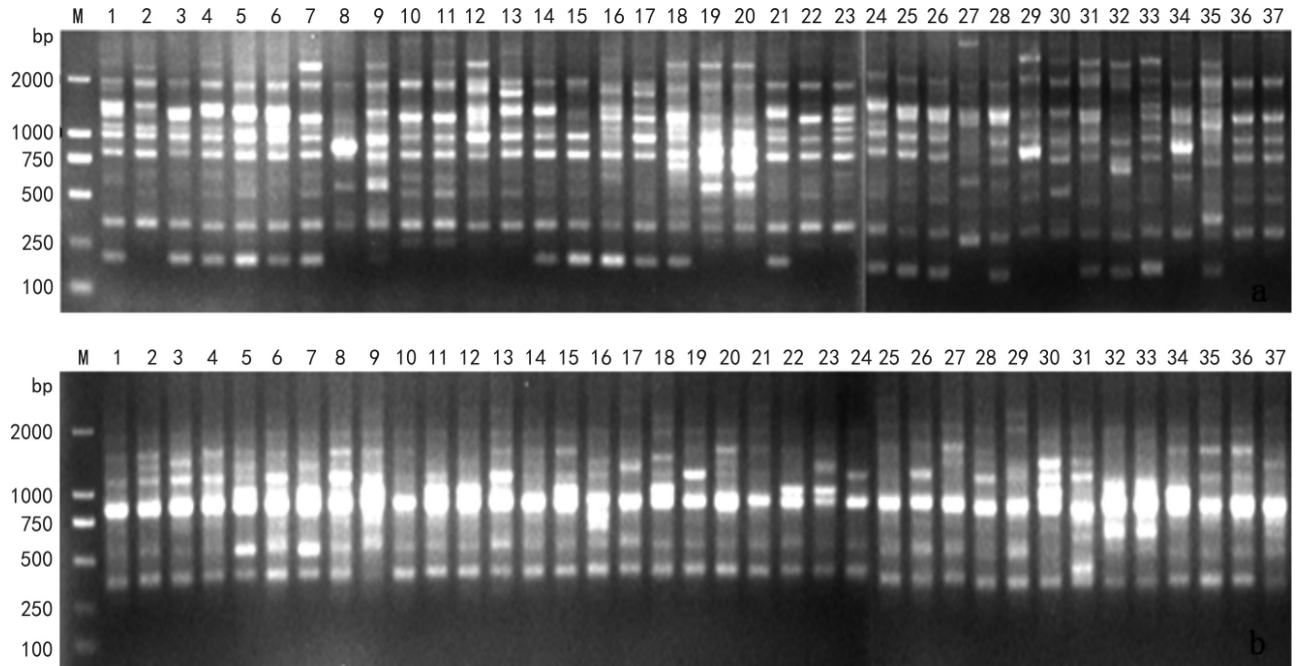


图 1 引物对 37 份材料的扩增结果

Fig. 1 The amplification profile of primers

a; SCoT 引物 S-76 扩增图谱; b; ISSR 引物 BUC834 扩增图谱; M: Marker DL2000; 1-37. 对应材料同表 1, 下同。

a: Amplification patterns of primer S-76 in the 37 materials by SCoT; b: Amplification patterns of primer BUC834 in the 37 materials by ISSR; M: Marker DL2000; 1-37. The numbers are consistent with Table 1, the same below.

材料归为 2 组。第 2 组在遗传相似系数为 0.748 水平有分为 5 个亚组, 来自灵山的 6 份材料和崇左的 2 份材料及云南材料云南-3、6、7 为第 1 亚组。来自泰国的 6 份材料归为第 2 亚组。那陈的 2 份材料为第 3 亚组。云南材料云南-4、5、8、10 为第 4 亚组。除越南 V2 外的 5 份越南材料和龙州-1 为第 5 亚组。云南-3、7、10 和越南 V3 为第 3 亚组。

2.3 SCoT 和 ISSR 标记综合分析

把 SCoT 和 ISSR 两种标记分析的数据综合后, 37 份材料的聚类分析结果如图 2: C 所示, 在相似系数 0.715 水平上, 除云南-5 外, 可以将 36 份材料划分为 6 大类群。栽培品种四季蜜为第 1 组。云南-8、9 为第 3 组, 云南-1、2、11 为第 4 组。云南-3、4 为第 5 组。龙荔为第 6 组。其余材料为第 2 组。在遗传相似系数为 0.745 时将第 2 组分为 5 亚组。云

南-6、7、10 和灵山 6 份材料为第 1 亚组。越南的 7 份材料和泰国依登为第 2 亚组。来自泰国的泰国-1、2、3 及泰国依器和苗翘为第 3 亚组。那陈 2 份材料为第 4 亚组。来自崇左的 2 份材料和龙州的材料为第 5 亚组。

为了更好地反映材料间的亲缘关系, 进行主坐标分析, 所反映的结果与 UPGMA 聚类分析结果相似。第一、第二、第三主坐标贡献率分别为 8.42%、7.40% 和 6.56%。

3 结论与讨论

3.1 SCoT 和 ISSR 分子标记结果比较

本实验用 12 条多态性好的 SCoT 引物, 平均每条扩增 10.58 条带, 共扩增出 127 个 DNA 位点, 其

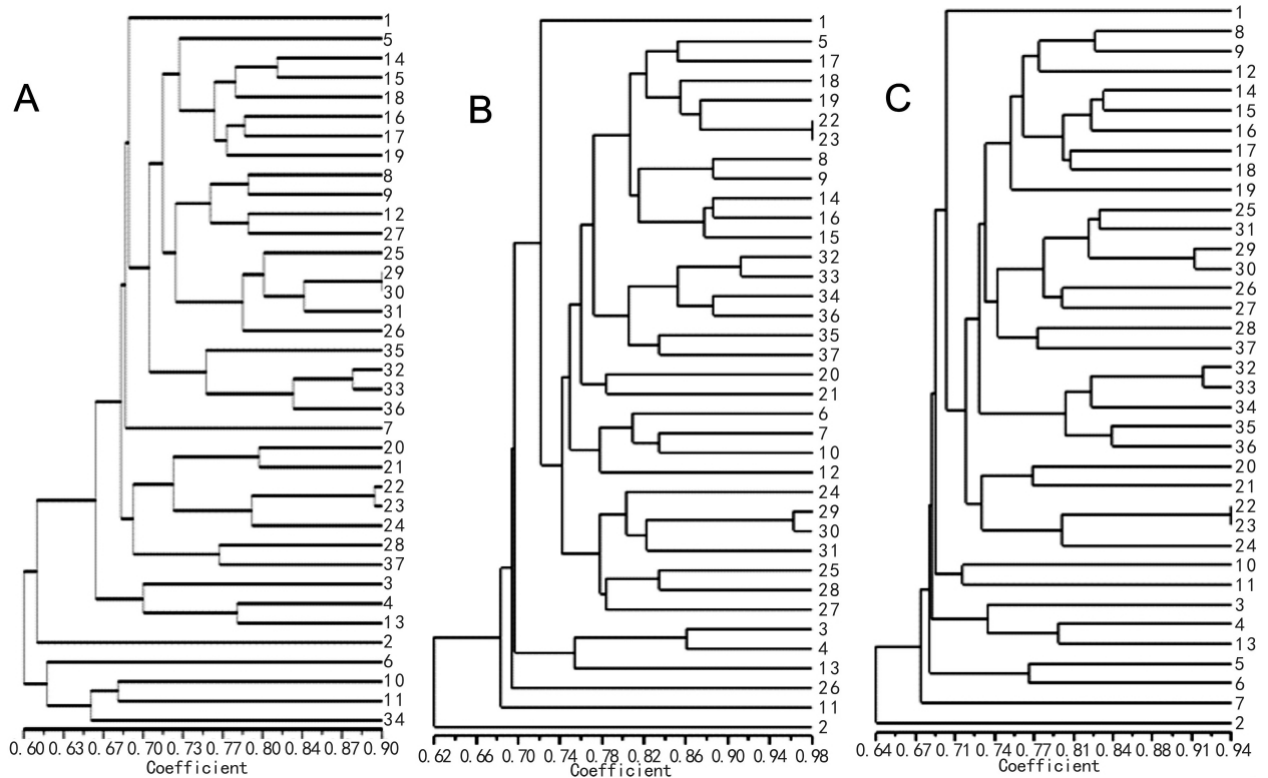


图 2 实验材料 SCoT 和 ISSR 数据聚类图

Fig. 2 Dendrogram of cluster analysis based on SCoT and ISSR data of materials used in this study

A: SCoT 数据聚类图; B: ISSR 数据聚类图; C: SCoT 和 ISSR 综合数据聚类图。

A: Dendrogram based on SCoT cluster analysis of materials; B: Dendrogram based on ISSR cluster analysis of materials; C: Dendrogram based on SCoT and ISSR data cluster analysis of materials.

中 10^8 个位点具有多态性, 占总位点的 85.04%, 说明供试的样品遗传多样性比较丰富。另外本试验选用的 15 条多态性高的 ISSR 引物, 平均每条引物扩增 7.8 条带。平均多态率达到 79.5%, 显示了 ISSR 标记的高效性。从聚类图中可以看出, 无论是 SCoT 分子标记还是 ISSR 分子标记数据的聚类图基本可以将供试材料分开。两种结果虽有一定的差异, 但是从总体上来看结果大致相同。说明 SCoT 和 ISSR 分子标记是进行龙眼种质遗传多样性和亲缘关系分析中的有效工具。如果将两种标记方法综合分析, 这样将进一步缩小了单一标记的误差, 取得更加准确的实验结果。

3.2 龙眼种质资源的遗传多样性与亲缘关系

本实验中龙眼 SCoT 和 ISSR 的扩增结果表明, 龙眼的遗传相似系数在 0.518~0.896 和 0.617~0.975 之间, 平均为 0.707 和 0.796, 说明供试龙眼种质的遗传多样性并不很高, 这与许奇志等(2008)和易干军等(2003)的研究结果类似。在两种标记中崇左-1 和崇左-2 的遗传相似系数都为最高, 可能是

在这个区域龙眼种质与外界交流较少。通过本研究可以看出, 云南材料遗传分化较大, 且在遗传距离上相差较远。造成这一现象可能因为云南作为世界龙眼起源中心之一, 种质资源丰富, 分布范围广, 这些特性都有利于遗传变异的产生和保持, 促进了居群之间基因的频繁交流, 从而使云南龙眼资源产生丰富的遗传多样性。这与柯冠武等(1994)和高慧颖等(2007)的研究结果相同。来自越南和泰国的国外材料基本上按各自来源聚类与高慧颖等(2007)、曾黎辉等(2009)和彭宏祥等(2008)的研究结果一致。但本实验中有个别国外材料和中国材料有交叉现象, 可能是由于在其它研究中国外材料较少而本实验采用较多的国外材料有关。从本实验的聚类结果可以看出, 大部分材料按地理分布聚到一起。但有些不同产地材料(如 5 份越南材料和龙州-1 聚为一起, 云南-3、7、10 和越南 V3 聚为一起), 地理距离远而遗传距离却较相近, 这可能是由于人为交流造成种质材料交流, 因此, 本实验认为不能简单按地区单独聚类。

3.3 特殊种质

四季蜜龙眼在生物性状上叶片小,发梢弱,果实较小,一年能多次开花结果(钟伟等,2006)。长期以来四季蜜在分类上一直没有可靠定论,但随着研究的不断深入越来越多的学者认为四季蜜龙眼属于热带生态型龙眼品种,而我国的龙眼品种属于亚热带生态型品种(彭宏祥等,2008;钟伟等,2006)。本实验的 SCoT 分子标记结果显示四季蜜与云南-10 亲缘关系最近,遗传相似系数为 0.744,其次是龙州-1;ISSR 分子标记结果显示四季蜜与云南-7 的遗传相似系数最高;将两种分子标记的数据综合分析,结果四季蜜与龙州-1 遗传相似系数最高,为 0.734,其次云南-10 相似系数为 0.732。因此,本实验结果认为四季蜜可能起源于云南、广西与越南交界地区。这与钟伟等(2006)、彭宏祥等(2008)的研究结果一致。陈虎等(2010)的研究结果显示,四季蜜与广西品种的遗传相似系数最高,这也进一步验证了本实验的研究结果。

龙荔与龙眼是同属不同种的近缘种,且为半野生种(潘丽梅等,2008)。龙荔植株主干性状、果实外观、果皮特征与荔枝相似;而种花、果实形状、果肉颜色、风味和龙眼较相近(苏伟强等,1993)。因此作为特殊资源在龙眼或荔枝遗传关系研究上常被提及,但对于龙荔的分类地位却有着不同的观点,本实验 ISSR 分析发现,龙荔与泰国品种亲缘关系虽然最近,但相似系数都没有大于 0.700,相比龙眼材料之间的亲缘关系较远,因此本实验认为龙荔与龙眼之间存在一定亲缘关系,龙荔应是龙眼的近缘种,这与苏伟强等(1993)提出龙荔是龙眼和荔枝的自然杂交种不符和,与易干军等(2003)、高慧颖等(2007)、姜帆等(2008)研究结果相一致。SCoT 分子标记聚类图中龙荔并不是在遗传相似系数最低的时候分开,另外相似系数显示与来自不同地域的灵山-5,越引-1 和依登相似系数最高,这可能是由于 SCoT 分子标记能产生与性状联系的特点有关,而龙荔在哪些方面和龙眼性状相近或相同,还有待将 SCoT 分子标记对龙荔产生的特异条带回收测序后进一步研究。

利用 SCoT 和 ISSR 分子标记技术对国内外龙眼种质资源的遗传多样性进行了检测,两种分子标记都可以把 37 份龙眼材料区分开,可以作为龙眼分类的有力工具。UPGMA 聚类分析表明,中国的龙眼种质遗传多样性较高,泰国和越南较低。

致谢 本文感谢在材料收集过程给予帮助的云

南农业科学院热带经济作物研究所黄家雄研究员等专家;感谢广西农业科学院经济作物研究所熊发前同志在 SCoT 分子标记理论方面给予的指导。

参考文献:

- Chen H(陈虎),He XH(何新华),Luo C(罗聪),*et al.* 2010. Analysis on the genetic diversity of 24 Longan(*Dimocarpus longan*) accessions by SCoT markers(龙眼 24 个品种的 SCoT 遗传多样性分析)[J]. *Acta Horti Sin*(园艺学报),**37**(10):1 651—1 654
- Chen H(陈虎),He XH(何新华),Pan JC(潘介春),*et al.* 2010. Advances on application of molecular markers in Longan researches(分子标记技术在龙眼研究中的应用)[J]. *Chin Agric Sci Bull*(中国农学通报),**26**(6):26—30
- Collard BCY,Mackill DJ. 2009. Start codon targeted(SCoT) polymorphism;a simple,novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants[J]. *Plant Mol Biol Rep*,**27**(1):86—93
- Gao HY(高慧颖),Jiang F(姜帆),Chen XP(陈秀萍),*et al.* 2007. Random amplification polymorphic DNA(RAPD)analysis of the typical longan genotypes from different origins(不同地域的代表性基因型龙眼 RAPD 分析)[J]. *J Fujian Fore Sci Tech*(福建林业科技),**34**(1):67—71
- Jiang F(姜帆),Gao HY(高慧颖),Chen XP(陈秀萍),*et al.* 2008. Analysis of ITS sequences of rDNA in *Dimocarpus* plants(龙眼属 rDNA 的 ITS 序列分析)[J]. *J Fruit Sci*(果树学报),**25**(2):262—268
- Ke GW(柯冠武),Wang CC(王长春),Tang ZF(唐自法). 1994. Palynological studies on the origin of longan cultivation(龙眼栽培起源的孢粉学研究)[J]. *Acta Horti Sin*(园艺学报),**24**(4):323—328
- Luo C,He XH,Chen H,*et al.* 2011. Genetic diversity of mango cultivars estimated using SCoT and ISSR markers [J]. *Biochem System Ecol*,**39**(4—6):676—684
- Pan LM(潘丽梅),Zhu JH(朱建华),Peng HX(彭宏祥),*et al.* 2008. Research advances in relatives of longan in China(我国龙眼近缘植物研究进展)[J]. *Guangxi Agric Sci*(广西农业科学),**39**(6):811—814
- Peng HX(彭宏祥),Li DB(李冬波),Zhu JH(朱建华),*et al.* 2008. Genetic diversity of longan in Guangxi assessed by AFLP markers(用 AFLP 标记分析广西龙眼种质遗传多样性)[J]. *Acta Horti Sin*(园艺学报),**35**(10):1 511—1 516
- Su WQ(苏伟强),Huang HB(黄海滨),Lu YY(陆玉英). 1993. Analysis on the peroxidase isozymes and genetic diversity of longan and confinis(龙荔与龙眼过氧化物同工酶分析及亲缘关系分析)[J]. *Guangxi Agric Sci*(广西农业科学),**4**:811—814
- Wu YL,Yi GJ,Zhou BR,*et al.* 2007. The advancement of research on litchi and longan germplasm resources in China [J]. *Sci Horti*,**114**(3):143—150
- Xiong FQ,Zhong RC,Han ZQ,*et al.* 2010. Start codon targeted polymorphism for evaluation of functional genetic variation and relationships in cultivated peanut(*Arachis hypogaea*) genotypes [J]. *Mol Biol Rep*,**38**(5):3 487—3 494
- Xiong FQ(熊发前),Chen ZL(陈忠良),Pan LH(潘玲华),*et al.* (下转第 449 页 Continue on page 449)

4 禾本科 Gramineae

红毛草 (图版 I :I,J)

Melinis repens (Willd.) Zizka, Biblioth. Bot. 138: 55. 1988, Fl. China 22: 539. 2006. —— *Rhynchelytrum repens* (Willd.) Hubb. in Kew Bull. 1934:110. 1934; 台湾植物志 5:596. 1978; 中国高等植物图鉴 5:156. 图 7142. 1976; 中国植物志 71(2):230—232. 图版 70. 1990.

广西:合浦县,山口镇,英罗港,海边沙地,少见,海拔 3 m, 2011 年 5 月 14 日,黄俞淞、林春蕊等 Y0342。

归化:福建、广东、海南、台湾、香港。原产南非;作为一种观赏植物和牧草被广泛引种,现在全世界热带地区有分布。属、种均为广西首次记录。

糖蜜草属(*Melinis* Beauv.) 22 种,主要分布于非洲;中国引种 2 种(Chen, 2006)。红毛草在中国 20 世纪 50 年代作为牧草引种栽培,后逸为野生,一直以来以 *Rhynchelytrum repens* 为名被广泛接受(陈守良, 1990; 安锋等, 2007; Yan & Ma, 2011)。该种一年或多年生草本,植株高 40~100 cm,秆直立,常分枝,叶片线形,长 10~20 cm;初春至秋开花,圆锥花序开展,小穗被粉红色长丝状毛,易于识别。红毛草种子繁殖,其繁殖能力和适应能力强,目前仅发现于合浦县英罗港的海边沙地上,可能随人流物流带入。

参考文献:

- 李树刚. 1995. 中国植物志[M]. 北京:科学出版社, 41:352—353
- 陈守良. 1990. 中国植物志[M]. 北京:科学出版社, 10(1):230—232
- 陈伟球. 1999. 中国植物志[M]. 北京:科学出版社, 71(2):210—212
- 吴德邻. 2003. 广东植物志[M]. 广东:广东科技出版社, 5:360—361
- An F(安锋), Kan LY(阚丽艳), Xie GS(谢贵水), et al. 2007. Alien invasion plants in Hainan island and central countermeasures(海南外来植物入侵的现状与对策)[J]. *J Northwest Fore Univ*(西北林学院学报), 22(5):198—206
- Bao BJ, Steven EC, Borsch T. 2003. Flora of China[M]. Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 5:428
- Chen SL, Phillips SM. 2006. *Melinis*[M]//Wu ZY, Raven PH, Hong DY(eds). Flora of China. Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 22:539
- Chen T, Taylor CM. 2011. Flora of China[M]. Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 19:302—303
- Ko WC(高蕴璋). 1986. *Mitracarpus* Zucc., a new addition to the Rubiaceae Flora of China(盖裂果属——中国茜草科的一新增属)[J]. *Guihaia*(广西植物), 6(4):261—262
- Li GY(李根有), Chen ZH(陈征海), Zhong SM(仲山民), et al. 2001. New records in the flora from East China(华东植物区系新资料)[J]. *J Zhejiang Fore Coll*(浙江林学院学报), 18(4):371—374
- Li ZX(李泽贤), Xing FW(邢福武). 1989. Two exotic weeds newly discovered in China(我国新发现的两种外域杂草)[J]. *Guihaia*(广西植物), 9(1):35—36
- Liu QR(刘全儒), Che JD(车晋滇), Guan LS(贯潞生), et al. 2005. Some newly recorded plants from Beijing and Hebei 北京及河北植物新记录Ⅲ[J]. *J Beijing Norm Univ: Nat Sci Edit*(北京师范大学学报·自然科学版), 41(5):510—512
- Sa R, Alfonso DS. 2010. Flora of China[M]. Beijing: Science Press & St. Louis: Missouri Botanical Garden Press, 10:135—136
2009. Start codon target polymorphism(scot); a novel gene targeted marker technique based on the translation start codon(目标起始密码子多态性(SCoT):一种基于翻译起始位点的目标基因标记新技术)[J]. *Mol Plant Breed*(分子植物育种), 7(3):635—638
- Xu QZ(许奇志), Li T(李韬), Chen XQ(陈秀萍), et al. 2008. RAPD analysis on 24 longan germplasm resources(24份龙眼种质资源 RAPD 分析)[J]. *J Xiamen Univ: Nat Sci Edit*(厦门大学学报·自然科学版), 47(2):20—30
- Yi GJ(易干军), Tan WP(谭卫萍), Huo HQ(霍合强), et al. 2003. Studies on the genetic diversity and relationship of longan cultivars by AFLP analysis(龙眼品种(系)遗传多样性及亲缘关系的 AFLP 分析)[J]. *Acta Horti Sin*(园艺学报), 30(3):272—276
- Zeng LH(曾黎辉), Hong ZT(洪自同), Lin WZ(林文忠), et al. 2009. ISSR analysis of germplasm in longan(龙眼种质资源的 ISSR 分析)[J]. *J Fujian Agric Fore Univ*(福建农林大学学报), 38(3):239—242
- Zhong W(钟伟), Lin XD(林晓东), Zhu FD(朱芳德), et al. 2006. Analysis of genetic difference of longan cultivars by random amplified polymorphic DNA(应用 RAPD 技术分析热带龙眼四季蜜与常规龙眼品种的遗传差异)[J]. *Acta Univ Sunyatsen: Nat Sci Edit*(中山大学学报·自然科学版), 43(6):65—68
- Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat(SSR) anchored polymerase chain reaction amplification[J]. *Genomics*, 20(2):176—183

(上接第 541 页 Continue from page 541)