

刘玲玲, 丁明月, 谢倩, 等. 七叶一枝花种质遗传多样性分析及初级核心种质构建[J]. 福建农业学报, 2025, 40 (3): 234–244.

LIU L L, DING M Y, XIE Q, et al. Genetic Diversity and Preliminary Core Collection of *Paris polyphylla* Sm. Germplasms[J].

Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2025, 40 (3): 234–244.



七叶一枝花种质遗传多样性分析及初级核心种质构建

刘玲玲¹, 丁明月¹, 谢倩¹, 罗文宝¹, 陈清西^{1*}, 苏海兰^{2*}

(1. 福建农林大学园艺学院, 福建 福州 350002; 2. 福建省农业科学院药用植物研究中心, 福建 福州 350003)

摘要:【目的】七叶一枝花 (*Paris polyphylla* Smith.) 因市场需求增长, 资源供不应求, 出现野生资源过度开采, 种质混杂现象, 为此构建其初级核心种质, 为优良基因挖掘、种质改良与保护提供数据支持。【方法】通过 15 条 ISSR (inter-simple sequence repeat) 引物对 60 份种质进行遗传多样性分析, 采用 Structure 软件进行群体结构分析, 使用 NTSYSpc2.10e 软件进行聚类分析、主成分分析进行验证, 同时基于 Structure 分组-比例取样法构建初级核心种质, 并对初级核心种质的构建效果进行评价。【结果】15 条引物共扩增出 102 个位点, 多态位点率为 97.05%, 平均 Shannon's 信息指数 (*I*)、Nei's 遗传多样性指数 (*He*) 分别为 0.5022、0.3328, 表明种质具有丰富的遗传多样性; Structure 软件分析结果显示, 群体数 *K* 值为 3 是较为合适的分类选择。主坐标分析与群体结构分析结果一致, 但聚类分析与群体结构略有不同, 其结果均与地域分布相关。采用 Structure 分组-比例取样法构建初级核心种质, 从 7 种抽样比例中筛选得到 12 份初级核心种质, 占原种质的 20%, 其 Shannon's 信息指数 (*I*)、Nei's 遗传多样性指数 (*He*)、有效等位基因数 (*Ne*) 保留率分别为 104.22%、106.43%、107.71%; *t* 检验与主坐标分析表明, 所构建的核心种质不仅具有丰富的遗传多样性, 且在原种质中也呈现出均匀分布的特点。【结论】七叶一枝花具有丰富的遗传多样性, 所构建的初级核心种质能够有效代表原种质的遗传多样性。

关键词: 七叶一枝花; ISSR 分子标记; 遗传多样性; 初级核心种质构建

中图分类号: S567.2

文献标志码: A

文章编号: 1008-0384 (2025) 03-0234-11

Genetic Diversity and Preliminary Core Collection of *Paris polyphylla* Sm. Germplasms

LIU Lingling¹, DING Mingyue¹, XIE Qian¹, LUO Wenbao¹, CHEN Qingxi^{1*}, SU Hailan^{2*}

(1. College of Horticulture, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou, Fujian 350002, China; 2. Medicinal Plant Research Center, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou, Fujian 350003, China)

Abstract: 【Objective】A concise collection of the highly popular *Paris polyphylla* germplasms was preliminarily established to aid the resource preservation and utilization. 【Methods】Genetic diversity of 60 *P. polyphylla* accessions was determined using 15 ISSR primers, population structure analyzed by Structure software, clustering classified by NTSYSpc2.10e, and principal components selected by PCA. Representatives of the 60 target germplasms were gathered using the grouping-proportional sampling method derived from the Structure analysis. The effectiveness of the collection in covering the genetic diversity of the *P. polyphylla* accessions was scrutinized. 【Results】The 15 ISSR primers amplified 102 loci with 97.05% polymorphic and high genetic diversity of average Shannon's information index (*I*) at 0.5022 and Nei's genetic diversity index (*He*) at 0.3328. The Structure analysis suggested that *K*=3 was the optimal number of subpopulations. The results obtained by the population structure analysis agreed with that by the principal coordinate analysis (PCoA) but differed slightly than the cluster analysis, which correlated with the geographic distribution. Using the grouping-proportional sampling method, 12 accessions selected by using 7 varied sampling rates represented 20% of the original germplasms. The collection retained the original *I*, *He*, and effective allele number (*Ne*) at a rate of 104.22%, 106.43%, and 107.71%, respectively. The *t*-test and the

收稿日期: 2024-09-23 修回日期: 2024-12-17

作者简介: 刘玲玲 (1999—), 女, 硕士研究生, 主要从事药用植物遗传多样性研究, E-mail: 1553881821@qq.com

* 通信作者: 陈清西 (1964—), 男, 教授, 主要从事园艺植物栽培生理, E-mail: cqx0246@163.com; 苏海兰 (1980—), 女, 高级农艺师, 主要从事药用植物利用与生态栽培, E-mail: 363801575@qq.com

基金项目: 福建省科技重大专项 (2022NZ029017); 福建农林大学横向科技创新基金项目 (102-KHF200005)

PCoA on the collection showed rich genetic diversity and uniform distribution in representing the 60 *P. polyphylla* accessions. 【Conclusion】 The preliminarily established collection of *P. polyphylla* exhibited significant genetic diversity satisfactorily reflecting that of the 60 target germplasms.

Key words: *Paris polyphylla* Sm.; ISSR molecular markers; genetic diversity; core germplasm collection

0 引言

【研究意义】七叶一枝花 (*Paris polyphylla* Smith.) 为百合科 (Liliaceae) 重楼属 (*Paris*) 多年生草本植物^[1]。七叶一枝花的根茎是传统中药, 又称为“重楼”, 药用价值极高, 具有清热解毒、消肿止痛的功效^[2], 常用于治疗痈肿疮毒、咽喉肿痛、跌打损伤等症状, 并被广泛应用于如云南白药、季德胜蛇药等中成药的生产^[3]。随着市场需求增大, 野生种质资源遭到破坏, 制约了七叶一枝花种质的保存及利用^[4, 5]。因此, 亟需通过遗传多样性研究及核心种质库的建设, 开展有效的保存与管理, 为后续的品种创新和改良奠定基础。【前人研究进展】1984年 Franke^[6]提出核心种质的概念, 认为核心种质是指在保留整个种质丰富遗传变异的前提下, 所需数量最少的种质。此后, 核心种质的概念不断得到完善与发展, 并逐渐细化与分级^[7]。其中, 初级核心种质被定义为能够代表整个种质资源 95% 以上遗传多样性的种质类型, 旨在为今后的研究与利用提供丰富的遗传变异基础。近年来, 国内外对于核心种质的研究日益增多, 但研究内容主要集中于表型特征^[8, 9]。然而, 表型特征容易受到环境条件和栽培技术的影响, 仅依赖表型构建核心种质是不够合理的。相比之下, 分子标记具有较低的环境依赖性和较高的稳定性, 能够更直观地反映个体间的遗传关系。目前, 基于分子标记技术进行遗传多样性分析并构建核心种质已在农作物和园艺作物中得到了广泛运用, 例如, 核桃 (*Juglans sigillata* Dode)^[10]、草莓 [*Fragaria* × *ananassa* (Weston) Duchesne ex Rozier]^[11]、猕猴桃 (*Actinidia chinensis* Complex)^[12] 等园艺植物中均得到可靠的研究成果。但与园艺作物相比, 中药材核心种质构建仅见少量研究报道, 如山药 (*Dioscorea*)^[13]、红花 (*Carthamus tinctorius* L.)^[14]、紫苏 (*Perilla*)^[15] 等。七叶一枝花因市场需求持续增长, 导致野生资源过度开采, 优质资源逐渐减少, 种质资源遗传基础不明^[4, 16], 从而影响种质的利用与保护。【本研究切入点】七叶一枝花种质的研究主要集中在遗传多样性分析^[5, 17, 18], 对其核心种质构建的研究仍有待深入。【拟解决的关键问题】本研究通过 ISSR 分子标记技术对所搜集到的

60 份七叶一枝花种质样本进行遗传多样性分析和群体结构分析, 并基于群体结构分析结果采用 Structure 分组-比例取样法构建七叶一枝花初级核心种质。本研究通过初级核心种质挖掘优良基因, 为其可持续利用奠定基础, 对于后续种质资源的保存与品种改良具有重要意义, 也为种质资源的保存与应用以及品种选育培育提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究所用的 60 份七叶一枝花 (*Paris polyphylla* Smith.) 种质资源采自福建农林大学种质资源圃, 具体种质信息见表 1。

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取及检测

根据试剂盒 (天根生物科技有限责任公司, 货号 Dp305-03) 说明书步骤, 提取 60 份七叶一枝花叶片基因组 DNA。用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳, 紫外分光光度计检测 DNA 纯度与完整性, 将 OD₂₆₀/OD₂₈₀ 值在 1.70~1.90 的 DNA 稀释, 稀释至 50 ng·μL⁻¹ 储存于 -40 °C 冰箱备用。

1.2.2 ISSR 引物筛选及 PCR 扩增

本研究所用的引物来源于加拿大哥伦比亚大学 (University of British Columbia, Set No.9, No.801-900) 公布的 100 条 ISSR 引物序列。课题组前期已筛选条带清晰、多态性好的 15 条引物, 分别是 UBC811、UBC824、UBC834、UBC835、UBC844、UBC853、UBC855、UBC864、UBC866、UBC873、UBC874、UBC878、UBC880、UBC881、UBC889。具体引物序列及退火温度见表 2, 用于种质样本 PCR 扩增。PCR 扩增体系总体积为 10 μL, 包含 DNA 模板为 1 μL, 2×Taq PCR Master Mix 酶 5 μL, 引物 0.5 μL, ddH₂O 补充至 10 μL。反应程序为预变性 95 °C, 5 min; 变性 95 °C, 15 s; 退火温度因引物不同而定, 15 s; 延伸 72 °C, 30 s; 循环 35 次; 后延伸 72 °C, 6 min。PCR 结束后, 采用 1.5% 的琼脂糖凝胶电泳, 凝胶成像系统成像, 得到样品 PCR 的扩增图。

1.2.3 数据处理

PCR 产物经扩增, 其图谱的每一条带均视为一个分子标记。根据电泳迁移率相同的条带的有无统

表 1 七叶一枝花 60 份种质资源信息
Table 1 Information on *P. polyphylla* germplasms

编号 No.	种源地 Provenance	海拔 Elevation/m	编号 No.	种源地 Provenance	海拔 Elevation/m
1	福建省漳州市南靖县和溪镇 (24°52'28"N, 117°15'15"E)	594	31	湖北省宜昌市五峰县牛庄乡 (30°13'47"N, 110°22'00"E)	1 789
2	福建省南平市邵武市肖家坊镇 (27°09'44"N, 117°15'50"E)	471	32	湖北省黄冈市蕲春县狮子镇 (30°13'54"N, 115°45'43"E)	529
3	福建省南平市光泽县桃洲基地寨里镇 (27°06'53"N, 117°15'13"E)	456	33	湖北省恩施土家族苗族自治州恩施市芭蕉侗族乡 (30°06'54"N, 109°24'11"E)	712
4	福建省南平市光泽县桃洲基地寨里镇 (27°06'53"N, 117°15'13"E)	456	34	湖北省宜昌市兴山县水月寺镇 (31°13'30"N, 111°01'50"E)	1 112
5	福建省南平市光泽县华侨乡 (27°33'36"N, 117°12'50"E)	372	35	湖北省宜昌市兴山县水月寺镇 (31°13'33"N, 111°01'54"E)	1 150
6	福建省南平市光泽县崇仁乡 (27°35'58"N, 117°21'32"E)	332	36	湖北省黄冈市麻城市龟山镇 (31°04'36"N, 115°11'23"E)	382
7	福建省南平市光泽县华侨乡 (27°33'53"N, 117°11'54"E)	400	37	湖北省恩施市土家族苗族自治州咸丰县高乐山镇 (29°40'41"N, 109°08'41"E)	744
8	福建省南平市光泽县司前乡 (27°54'18"N, 117°31'43"E)	440	38	四川省乐山市峨边县新林镇 (29°10'27"N, 103°15'12"E)	851
9	福建省南平市光泽县鸾凤乡 (27°33'07"N, 117°20'34"E)	334	39	四川省达州市大竹县团坝镇 (30°38'30"N, 107°02'56"E)	835
10	福建省南平市光泽县华侨乡 (27°33'40"N, 117°11'58"E)	405	40	四川省阿坝藏族羌族自治州汶川县水磨镇 (30°56'05"N, 103°25'33"E)	919
11	福建省泉州市南安市水头镇 (24°42'54"N, 118°20'06"E)	370	41	四川省阿坝藏族羌族自治州汶川县水磨镇 (30°56'05"N, 103°25'33"E)	922
12	福建省泉州市南安市眉山乡 (25°05'26"N, 118°17'58"E)	661	42	四川省阿坝藏族羌族自治州汶川县水磨镇 (30°56'04"N, 103°25'29"E)	903
13	福建省漳州市南靖县梅林镇 (24°41'59"N, 117°04'07"E)	450	43	四川省成都市崇州市怀远镇 (30°41'54"N, 103°32'00"E)	615
14	福建省漳州市南靖县和溪镇 (24°52'32"N, 117°12'36"E)	466	44	安徽省安庆市潜山市五庙乡 (30°38'50"N, 116°17'37"E)	406
15	福建省南平市邵武市大竹镇 (27°65'32"N, 117°15'13"E)	471	45	安徽省安庆市太湖县北中镇 (30°39'27"N, 115°49'54"E)	364
16	福建省三明市大田县奇韬镇 (26°03'27"N, 117°52'29"E)	519	46	安徽省六安市霍山县磨子潭镇 (31°14'06"N, 116°19'40"E)	318
17	福建省三明市三元区中村乡 (26°7'18"N, 117°43'21"E)	933	47	浙江省衢州市常山县芳村镇 (29°02'16"N, 118°37'03"E)	350
18	福建省三明市三元区中村乡 (26°08'48"N, 117°42'32"E)	542	48	浙江省丽水市遂昌县龙洋乡 (28°18'04"N, 118°56'57"E)	764
19	福建省龙岩市武平县下坝乡 (24°52'28"N, 116°03'13"E)	387	49	浙江省丽水市龙泉市竹垟畲族乡 (28°02'57"N, 118°56'53"E)	468
20	福建省南平市光泽县华侨乡 (27°32'39"N, 117°12'10"E)	378	50	浙江省丽水市龙泉市宝溪乡 (27°73'97"N, 118°71'14"E)	581
21	福建省南平市光泽县华侨乡 (27°33'13"N, 117°12'20"E)	387	51	陕西省安康市旬阳市赵湾镇 (32°99'72"N, 109°16'26"E)	780
22	福建省南平市光泽县华侨乡 (27°33'42"N, 117°13'16"E)	462	52	陕西省汉中市宁强县二郎坝镇 (32°67'12"N, 106°09'47"E)	1 205
23	福建省南平市光泽县止马镇 (27°54'58"N, 117°10'60"E)	450	53	湖南省益阳市安化县东坪镇 (28°21'74"N, 111°04'75"E)	408

续上表

编号 No.	种源地 Provenance	海拔 Elevation/m	编号 No.	种源地 Provenance	海拔 Elevation/m
24	福建省南平市光泽县鸾凤乡 (27°32'31"N, 117°20'36"E)	338	54	湖南省张家界市慈利县龙潭河镇 (29°24'15"N, 111°07'18"E)	280
25	福建省南平市邵武市肖家方镇 (27°09'21"N, 117°17'53"E)	386	55	广西壮族自治区桂林市阳朔县兴坪镇 (24°63'69"N, 110°22'27"E)	426
26	云南文山壮族苗族自治州富宁县归朝镇 (23°61'43"N, 105°81'02"E)	728	56	广西壮族自治区玉林市福绵区成均镇 (22°57'32"N, 109°99'34"E)	1 109
27	云南文山壮族苗族自治州砚山县平远镇 (23°44'88"N, 104°17'48"E)	1 572	57	贵州省毕节市纳雍县水东镇 (27°12'58"N, 105°12'66"E)	1 651
28	云南省昭通市水富市太平镇 (28°54'12"N, 104°20'45"E)	1 017	58	广东省清远市连州市三水瑶族乡 (25°08'35"N, 112°16'03"E)	707
29	云南省普洱市西盟佤族自治县中课镇 (22°48'70"N, 99°43'32"E)	1 395	59	河南省三门峡市卢氏县双槐树乡 (33°84'66"N, 110°89'22"E)	1 007
30	云南省曲靖市富源县十八莲山镇 (25°04'39"N, 104°44'32"E)	1 720	60	江西省吉安市井冈山市茅坪乡 (26°63'17"N, 114°06'66"E)	800

表 2 15 条 ISSR 分子标记的引物信息
Table 2 Primers for 15 ISSR molecular markers

引物编号 Primer No.	引物序列(5'-3') Primer sequence(5'-3')	退火温度 Annealing temperature/ °C
UBC811	GAGAGAGAGAGAGAGAC	55.3
UBC824	TCTCTCTCTCTCTCTCG	53.0
UBC834	AGAGAGAGAGAGAGAGYT	55.8
UBC835	AGAGAGAGAGAGAGAGYC	56.3
UBC844	CTCTCTCTCTCTCTCTRC	52.3
UBC853	TCTCTCTCTCTCTCTCRT	52.0
UBC855	ACACACACACACACACYT	57.0
UBC864	ATGATGATGATGATGATG	51.2
UBC866	CTCCTCCTCCTCCTCCTC	63.2
UBC873	GACAGACAGACAGACA	51.9
UBC874	CCCTCCCTCCCTCCCT	60.8
UBC878	GGATGGATGGATGGAT	48.5
UBC880	GGAGAGGAGAGGAGAGGAGA GGAGA	55.0
UBC881	GGGTGGGGTGGGGTGGGGTGG GGTG	54.3
UBC889	DBDACACACACACACAC	52.5

计得到全部位点的二元数据^[19]；在相同迁移位置上，统计扩增条带，有条带记“1”，无条带记“0”，得到“0/1”矩阵。使用 Popgen32 软件进行遗传多样性分析；利用 Structure2.3.4 软件对种质进行分类，确定最适 *K* 值，构建遗传结构图，计算 *Q* 参数^[20]；采用 NTSys2.10e 软件完成聚类分析与主坐标分析（principal co-ordinates analysis, PCoA）^[21]。

1.2.4 初级核心种质构建及评价

利用各份种质 ISSR-PCR 分子标记信息构建

0/1 矩阵数据，用 Structure2.3.4 软件进行样本分析，获得样本最佳分类数。根据 *Q* 值对样品分类，以各组的 Nei's 遗传多样性指数（*He*）比值来确定各组样品取样数量。当组中抽样数目大于组内样品时，则按 Nei's 遗传多样性指数（*He*）比值把取样数量分配到其他组^[22]。抽样比例为 10%、15%、20%、25%、30%、35%、40%，以此构建初级核心种质。

使用 Popgen32 软件计算不同取样比例所构建核心种质遗传多样性，用 SPSS 19.0 软件进行 *t* 检验，评价初级核心种质是否具有异质性与代表性。通过 NTSYSpc2.10e 软件进行主坐标分析，确认初级核心种质在原种质中的分布情况。

2 结果与分析

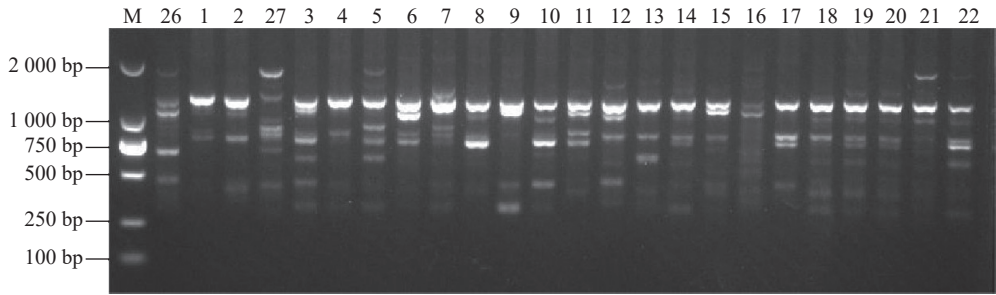
2.1 遗传多样性分析

由图 1 与表 3 可知，15 条引物扩增出 102 个条带，不同引物扩增的条带数为 6~9 条，扩增片段长度为 250~2000 bp。ISSR 标记在七叶一枝花种质中具有较高的多态性，扩增出多态位点百分率 97.05%。由表 3 可知，60 份种质资源的平均观测等位基因数（*Na*）为 1.9666，平均有效等位基因数（*Ne*）为 1.5557，平均 Nei's 遗传多样性指数（*He*）为 0.3328，平均 Shannon's 信息指数（*I*）为 0.5022。表明在 DNA 分子水平上，从 13 个省收集的种质资源具有丰富的遗传多样性。

2.2 遗传结构分析

2.2.1 群体结构分析

利用 Structure2.3.4 软件对 60 份七叶一枝花种质进行群体遗传结构分析，绘制 *K* 与 ΔK 的关系图



M 为 2000 bp Marker, 1~22、26 与 27 为植物材料编号。

M: 2000 bp marker; 1-22, 26, and 27: codes of specimens.

图 1 引物 UBC824 对部分材料扩增结果

Fig. 1 Amplification with primer UBC824 on some germplasms

表 3 15 条 ISSR 引物扩增结果及七叶一枝花遗传多样性分析

Table 3 Amplification with 15 ISSR primers and genetic diversity of *P. polyphylla*

引物 Primer	总带数 No.of bands	多态性条带 Polymorphic bands	观测等位基因数 Observed number of alleles (<i>N_a</i>)	有效等位基因数 Effective number of alleles (<i>N_e</i>)	Nei's遗传多样性指数 Nei's gene diversity index (<i>H_e</i>)	Shannon's信息指数 Shannon's information index (<i>I</i>)
UBC811	6	5	1.8333	1.4829	0.2567	0.3940
UBC824	6	5	1.8333	1.3750	0.2181	0.3557
UBC834	7	7	2.0000	1.6419	0.3804	0.5637
UBC835	9	9	2.0000	1.6246	0.3758	0.5598
UBC844	7	7	2.0000	1.6515	0.3831	0.5662
UBC853	6	6	2.0000	1.5484	0.3485	0.5299
UBC855	8	8	2.0000	1.5809	0.3434	0.5144
UBC864	7	7	2.0000	1.5979	0.3614	0.5424
UBC866	6	6	2.0000	1.4071	0.2694	0.4288
UBC873	6	6	2.0000	1.7446	0.4269	0.6163
UBC874	8	8	2.0000	1.4067	0.2837	0.4526
UBC878	8	8	2.0000	1.4375	0.2821	0.4424
UBC880	6	5	1.8333	1.6115	0.3143	0.4668
UBC881	6	6	2.0000	1.5130	0.3083	0.4682
UBC889	6	6	2.0000	1.8078	0.4410	0.6309
平均值 Average value	6.8	6.6	1.9666	1.5557	0.3328	0.5022

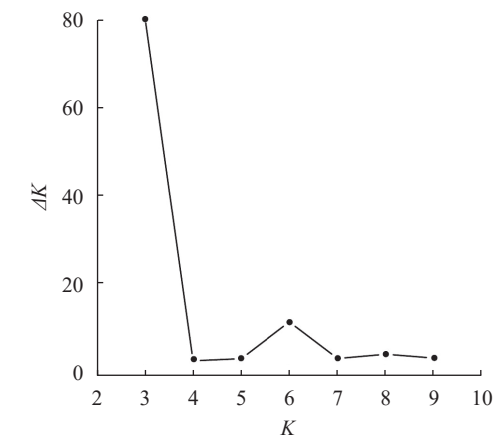
(图 2)。当 $K=3$ 时, ΔK 值最大。故可将这些种质资源分为 3 个群体 (图 3): I 类 (29 份)、II 类 (12 份)、III 类 (19 份)。3 个群体大部分材料在遗传背景上较为一致, 相同来源的种质材料倾向聚为一类。

从各群体 Q 值 (表 4) 分布可知, 基于 ISSR 的种质资源概率为 0.491~0.986, 其中 Q 值 ≤ 0.6 的有 5 份 (占比 8.4%), 说明遗传背景复杂, 遗传结构没有明确的类群归属; Q 值 > 0.6 的样本有 55 份 (占比 91.6%), 其中 Q 值 > 0.9 的样本量有 45 份, 占总

体样本的 75%, 进一步证明该供试种质材料的亲缘关系相对单一, 遗传背景简单, 种质间掺杂其他类群的遗传信息较少。

2.2.2 聚类分析与主坐标分析

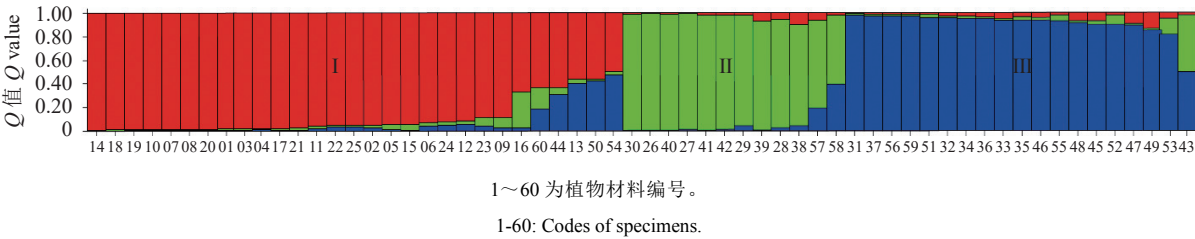
对 60 份种质资源的聚类分析结果表明, 种质间的遗传相关系数为 0.65~0.95。从聚类分析图可知 (图 4), 在遗传相似系数为 0.668 处, 可将 60 份种质分为两大类: I 类包括 58 份种质, 第 II 类包括 2 份种质, 分别来自陕西省与河南省。在遗传相似系数为 0.686 处, I 类的种质又可分为 4 小类, 其中



K 值表示假设的群体数量； ΔK 确定最优的 K 值。
K: Assumed number of populations; ΔK : determined optimal K.

图 2 七叶一枝花种质材料 K 值与 ΔK 的关系

Fig. 2 Graphic relationship between K and ΔK of *P. polyphylla* Sm. germplasms



1~60 为植物材料编号。
1-60: Codes of specimens.
图 3 60 份七叶一枝花种质材料遗传结构分析
Fig. 3 Genetic structures of 60 *P. polyphylla* germplasms

表 4 各群体 Q 值分布
Table 4 Distribution of Q-values on each population

类群 Group	种群数量 Number of germplasm	$Q \leq 0.6$	$Q > 0.6$	$Q \geq 0.8$	$Q \geq 0.9$
I	29 (48.33%)	3 (5.00%)	3 (5.00%)	2 (3.30%)	21 (35.00%)
II	12 (20.00%)	1 (1.70%)	1 (1.70%)	1 (1.70%)	9 (15.00%)
III	19 (31.70%)	1 (1.70%)	0 (0.00%)	3 (5.00%)	15 (25.00%)
合计Total	60 (100.00%)	5 (8.40%)	4 (6.70%)	6 (10.00%)	45 (75.00%)

Q 值表示个体属于某一类群的比例。
Q: Proportion of a specimen in a population.

为了更好地验证 60 份七叶一枝花种质资源间的遗传关系，对其进行主坐标分析。由图 5 可知，第一主坐标解释了种质资源间相关性 10.32%，第二主坐标解释了 7.11%，各类群种质分布较为集中，类群内部相对分散。该分布可以充分验证了群体遗传结构的分析结果。

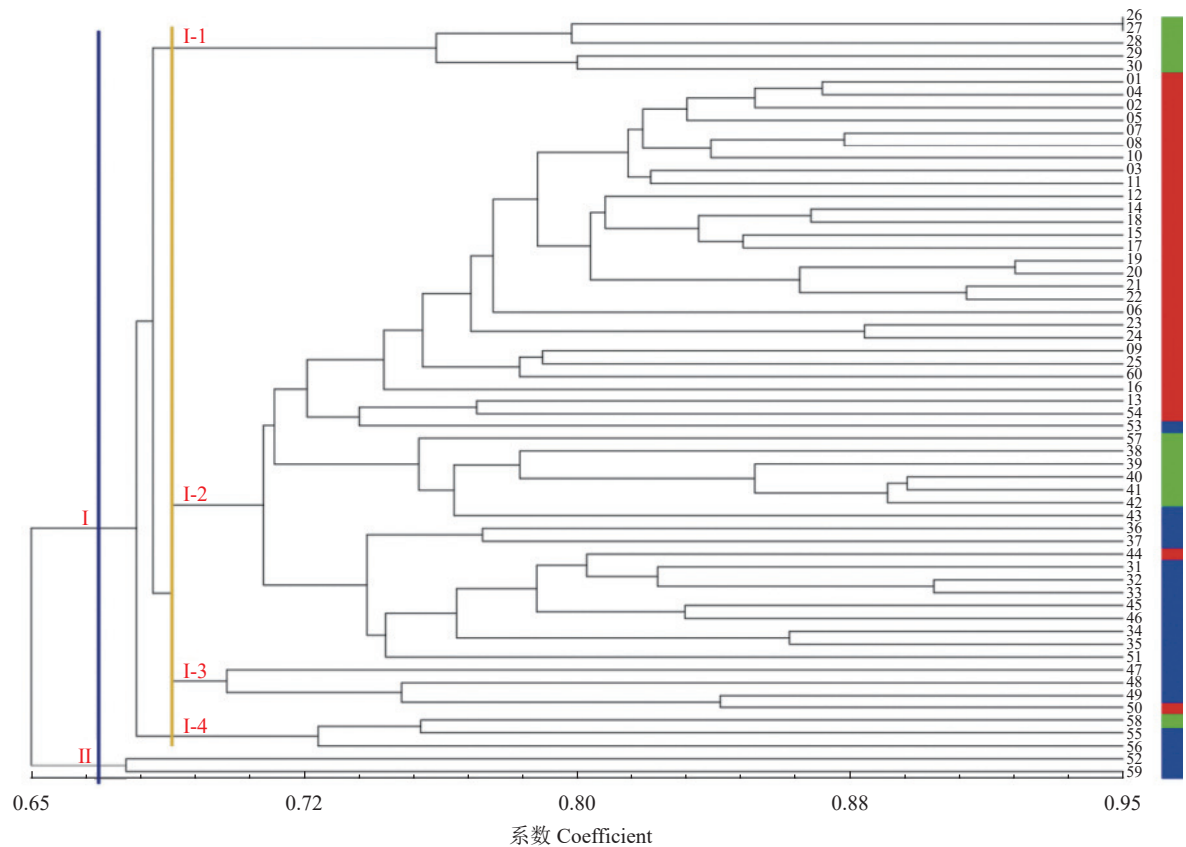
2.3 初级核心种质构建与评价

依据图 3 群体结构分组结果，基于 Structure 分组-比例取样法构建初级核心种质。通过不同的比例，共取样 7 次。所抽取各次子集遗传多样性指数总体差异较小。除抽样比例在 10% 时，观测等位基因数存在显著差异外，其他遗传多样性指数均不存

I-1 类种质来自云南省；I-2 类种质分别来自福建省、四川省、湖北省、湖南省、安徽省、贵州省与江西省；这些省份大多位于中国南方，气候条件相对温和湿润；I-3 类种质来自浙江省，该省地处东部沿海，拥有独特的亚热带季风气候；I-4 类种质来自广东省与广西壮族自治区，两省份属于华南地区，气候温暖湿润，均有利于该种质的生长。由此可见，地区分类明显，来源于同一地区的种质资源优先聚为一起，普遍存在较高的遗传相似性。但与群体结构结果存在部分不同（图 3），群体结构中大部分种质是根据地区分布优先聚为一起，仍有部分同一地区种质分散在各个类群。由图 4 可知，聚类分析中云南省、贵州省、四川省分别根据省份优先聚为一类，而在群体结构分析中，云贵川 3 个省的种质却聚为一类。

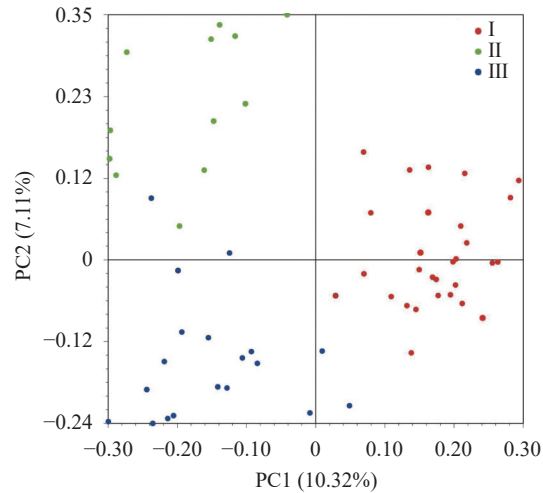
在显著差异性。结果显示（表 5），随着抽样比例降低与样本的减少，其多态位点数与等位基因数随之降低，而有效等位基因数、Nei's 多样性指数、Shannon's 多样性信息指数呈现出先上升后下降趋势。在取样比例为 25% 时，其遗传多样性指数达最大值，随后取样比例中各遗传多样性指数呈现下降趋势。而构建初级核心种质的标准是以最少种质资源最大限度地保护全部种质资源群体的遗传多样性，且遗传多样性占比要在 95% 以上。

由此，根据初级核心种质标准及表 5 所示结果，最终确定 20% 的比例为构建七叶一枝花初级核心种质的最优比例，该比例包含 12 份种质（表 6）。



红色标记与群体结构中 I 类相对应，绿色标记与群体结构中 II 类相对应，蓝色标记与群体结构中 III 类相对应。
Red: Group I; green: Group II; blue: Group III in population structure.

图 4 60 份七叶一枝花种质材料聚类分析
Fig. 4 Clusters of 60 *P. polyphylla* germplasms



红色标记与群体结构中 I 类相对应，绿色标记与群体结构中 II 类相对应，蓝色标记与群体结构中 III 类相对应。
Red: Group I; green: Group II; blue: Group III in population structure.

图 5 60 份七叶一枝花种质主坐标分析
Fig. 5 PCoA on 60 *P. polyphylla* germplasms

其中初级核心种质中等位基因数 (N_a)、有效等位基因数 (N_e)、Nei's 多样性指数 (H_e)、Shannon's 信息指数 (I) 保留率分别为 98.01%、103.71%、106.43%、104.22%，均高于原始种质遗传多样性。经 t 检验

(表 7) 可知，构建初级核心种质与原始种质和保留种质之间均没有显著差异 ($P>0.05$)。由此可见，所选取的 12 份初级核心种质可以很好代表原始种质的遗传多样性且最大程度保存原有种质库的基因资源，在初级核心种质的遗传多样性上可以很好地代表原始种质。

利用主坐标分析法，验证构建七叶一枝花初级核心种质代表性。由图 6 所示，所构建的 12 个初级核心种质在原有种质中分布均匀，重叠现象较少。说明筛选到的初级核心种质可以很好代表原始种质的遗传多样性。

3 讨论

目前，对于遗传多样性研究主要集中在外部形态和内部分子层面^[23]。其中，外部表型易受环境影响，而内部分子层面是在遗传物质 DNA 水平上直接检测生物间的差异，不易受外界环境的影响^[24]。本研究通过 ISSR 分子标记对七叶一枝花种质进行遗传多样性分析，选用 15 条引物对搜集到的 60 份种质进行 PCR 扩增，共扩增出 102 个条带，多态性条带比

表 5 不同抽样比例构建初级核心种质的遗传多样性

Table 5 Genetic diversity of germplasms in collection gathered by different sampling rates

抽样比例 Sampling portion	抽样数 Number of samples	观测等位基因数 Observed number of alleles (<i>N_a</i>)	有效等位基因数 Effective number of alleles (<i>N_e</i>)	Nei's遗传多样性指数 Nei's gene diversity index (<i>H_e</i>)	Shannon's信息指数 Shannon's information index (<i>I</i>)	多态性位点 PPL	多态性位点率 PPB/%
抽样前 Before sampling	60	1.9706±0.1698a	1.5557±0.2913a	0.3328±0.1341a	0.5022±0.1692a	102	100
40%	24	1.9706±0.1698a	1.5976±0.2916a	0.3507±0.1317a	0.5233±0.1657a	99	97.06
35%	21	1.9706±0.1698a	1.6019±0.2867a	0.3533±0.1292a	0.5267±0.1627a	99	97.06
30%	18	1.9706±0.1698a	1.6076±0.2869a	0.3556±0.1288a	0.5295±0.1615a	99	97.06
25%	15	1.9608±0.1951a	1.6100±0.2844a	0.3568±0.1291a	0.5302±0.1646a	98	96.08
20%	12	1.9314±0.2541a	1.6134±0.3073a	0.3542±0.1428a	0.5234±0.1871a	98	96.08
15%	9	1.9020±0.2988a	1.6036±0.3274a	0.3457±0.1551a	0.5098±0.2067a	92	90.20
10%	6	1.8039±0.3990b	1.5704±0.3566a	0.3235±0.1799a	0.4730±0.2512a	83	81.37

同列数据中标有不同小写字母表示差异显著 ($P<0.05$)，相同小写字母表示组间差异不显著 ($P>0.05$)。
Data with different lowercase letters on same column indicate significant differences at $P<0.05$; those with same lowercase letters, no significant differences at $P>0.05$ between groups.

表 6 分子标记构建七叶一枝花资源初级核心种质

Table 6 Preliminary core germplasm collection gathered based on molecular markers

地区来源 Geographic origin	初级核心种质份数 Primary core collection size	种质编号 Number
福建省 Fujian Province	2	16、24
云南省 Yunnan Province	2	29、30
湖北省 Hubei Province	1	37
四川省 Sichuan Province	1	39
安徽省 Anhui Province	1	45
浙江省 Zhejiang Province	2	48、50
陕西省 Shaanxi Province	1	51
湖南省 Hunan Province	1	54
广东省 Guangdong Province	1	58

种质编号见表1。
Germplasm codes same as shown in Table 1.

率为 97.05%。这一结果表明该物种在其分布区域内经历了广泛的基因流动和自然选择过程。60 份种质遗传多样性参数值 (N_a 、 N_e 、 H_e 、 I) 平均分别为 1.9666、1.5557、0.3328、0.5022。本研究所得到的 60 份遗传多样性参数值均高于罗晓锋等^[5]、刘胜坤

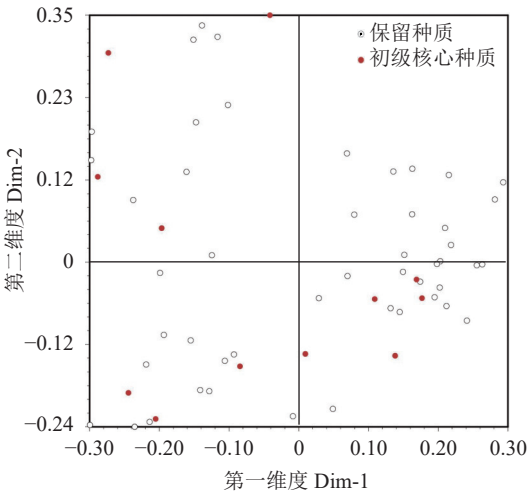
等^[25]对七叶一枝花种质资源研究。与前人研究相比，本研究所选用的种质材料来源较为广泛，涵盖了我国七叶一枝花的主产区，更能体现其种质资源的代表性，更有助于全面评估和保护七叶一枝花的遗传多样性，为后续的研究提供了坚实的基础。

群体结构分析与聚类分析是探究种质资源遗传多样性与背景的有效手段^[26]。前人研究主要是基于聚类分析了解七叶一枝花种质间遗传多样性^[5, 25]，本研究则通过聚类与群体结构两种方法对 60 份种质进行分析，以更全面地揭示七叶一枝花种质的遗传背景和多样性，并利用主坐标分析进行验证群体结构与聚类分析结果的一致性。3 种分析方式的原理和方法不同，所得到的结果有所差异。基于本研究结果，3 种聚类结果均与地理分布存在一定相关性。这可能是由于其地理距离的影响：不同地区的种质资源由于地理隔离，基因交流受到限制，导致各种质独立进化，表现出不同的遗传特征^[27]；相邻地区之间的种质资源则可能存在较高的基因流动，从而在遗传上表现得更加相似。这一结论与刘胜坤等^[25]和罗晓锋等^[5]对不同地区七叶一枝花聚类分析结果一致。其中基于贝叶斯聚类模型进行群体结构分析，将 60 份种质分为 3 个群体，与主坐标结果一致，与聚类分析结果存在差异。聚类分析与群体分析结果有明显的重叠，如聚类分析中 25 份福建省种质聚为一类，群体结构分析中，类群 I 共 29 份种质，25 份种质来自福建省；但两种分析方法结果也存在部分差异，如聚类分析中云贵川 3 省分别根据省份单独

表 7 初级核心种质与原种质及保留种质之间 *t* 检验
Table 7 *t*-test values between germplasms in original, remaining, and core collection

种质 Collections	样本数 Number of samples	观测等位基因数 Observed number of alleles (<i>N_a</i>)	有效等位基因 Effective number of alleles (<i>N_e</i>)	Nei's遗传多样性指数 Nei's gene diversity index (<i>H_e</i>)	Shannon's信息指数 Shannon's information index (<i>I</i>)
原种质OC	60	1.9706	1.5557	0.3328	0.5022
初级核心种质PCC	12	1.9314	1.6134	0.3542	0.5234
保留种质RC	48	1.9510	1.5207	0.3138	0.4767
<i>t</i> ₁	—	0.5061	0.5367	0.6190	0.6981
<i>t</i> ₂	—	0.6624	0.4302	0.4823	0.4885

*t*₁为初级核心种质与原种质各遗传参数*t*检验值；*t*₂为核心种质与保留种质各遗传参数*t*检验值。
*t*₁: *t*-test values on genetic diversity indexes between original and core collection; *t*₂: those between remaining germplasms and core collection.



保留种质指的是在构建核心种质后未被选入核心种质库的剩余种质资源
Remaining germplasm refers to portion of original accessions not included in core collection.

图 6 保留种质与初级核心种质主坐标的分布
Fig.6 PCoA distribution of core collection and remained germplasms

聚为一类，而在群体结构分析中，云贵川 3 个省的种质却聚为一类。之所以出现部分差异，推测可能因为二者所使用的算法不同，聚类分析是假设各类群的进化速率相同，按照顺序依次将距离最小的两个材料聚在一起，直到所有的材料都聚到一个完整的系统发生树中，但该方法容易忽略种质可能存在的遗传差异。而群体结构分析是根据 Hardy-Weinberg 平衡与贝叶斯模型算法，并且考虑了基因流和遗传差异的影响。可以有效避免此类因素对类群分类所造成的影响^[28]。因此，结合聚类分析与 Structure 群体结构分析可以更准确地确定种质间遗传关系。

分子标记因几乎不受外界环境的影响，能精确稳定地鉴定种质间本质上遗传差异的特点^[29]，广泛应用于核心种质构建^[30, 31]。构建核心种质关键在于以最少种质最大程度代表整个资源的遗传多样性，

因此合理取样比例至关重要^[32]。取样比例需依据种质资源库的规模进行调整，确保能充分涵盖遗传多样性，又避免不必要的过度采样。从已发表文献可知，大多数植物核心种质构建的取样比例在 5%~40%^[33]，而药用植物核心种质的取样比例大多为 10%~30%^[34]。Sa 等^[15]利用 SSR 分子标记获得了 44 份紫苏核心种质，占原始种质的 11%；杨帆等^[31]利用 SSR 分子标记获得了 17 份山药核心种质，占原始种质的 30%。综上所述，取样量的大小应根据种质数量与原种质遗传多样性指数来确定。本研究通过在初始种质 60 份资源的基础上，采用 Structure 分组-比例取样法，构建 12 份初级核心种质，占原始种质的 20%，涵盖了 9 个省份的种质资源，其所构建的初级核心种质遗传多样性参数均达到抽样前的 95% 以上，符合初级核心种质资源遗传多样性的要求^[7]。因此，采用 Structure 分组-比例取样法构建初级核心种质是可行的，所构建的初级核心种质大量保存原始种质遗传多样性，具有很好的代表性，进一步为品种选育奠定基础。

4 结论

利用 ISSR 分子标记对七叶一枝花种质资源的遗传多样性和群体结构分析结果表明，60 份种质材料具有丰富的遗传多样性。根据遗传相似系数并按 UPGMA 方法聚类，聚类结果与 Structure 模型群体遗传结构分析结果存在部分不同，但 Structure 模型群体遗传结构分析与主坐标分析结果一致。无论是聚类分析、Structure 群体结构分析还是主坐标分析结果均与地理分布有一定相关性；通过 Structure 分组-比例取样法与 20% 的取样比例，构建 12 份初级核心种质，经 *t* 检验与原始种质无显著差异，可以很好地代表原始种质。

参考文献:

- [1] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志-第十五卷[M]. 北京: 科学出版社, 1978.
- [2] 国家药典委员会. 中华人民共和国药典-一部: 2020年版[M]. 北京: 中国医药科技出版社, 2020.
- [3] 张翔宇, 陈晓芳, 柳敏, 等. 重楼属药用植物资源分布及少数民族应用研究[J]. *中国野生植物资源*, 2023, 42(1): 103-109, 116.
ZHANG X Y, CHEN X F, LIU M, et al. Study on the distribution of medicinal plant resources of *Paris* and its application in ethnic minorities[J]. *Chinese Wild Plant Resources*, 2023, 42(1): 103-109, 116. (in Chinese)
- [4] 牛雨晴, 江保东, 朱育菁, 等. 七叶一枝花种质资源鉴定与评价研究进展[J]. *福建农业科技*, 2023, 54(9): 20-24.
NIU Y Q, JIANG B D, ZHU Y J, et al. Research progress on the identification and evaluation of the germplasm resources of *Paris polyphylla*[J]. *Fujian Agricultural Science and Technology*, 2023, 54(9): 20-24. (in Chinese)
- [5] 罗晓峰, 周先治, 周建金. 福建七叶一枝花种质资源遗传多样性的 ISSR 分析[J]. *亚热带农业研究*, 2023, 19(4): 268-272.
LUO X F, ZHOU X Z, ZHOU J J. Genetic diversity of *Paris polyphylla* Smith var. *chinensis* germplasm resources from Fujian based on ISSR[J]. *Subtropical Agriculture Research*, 2023, 19(4): 268-272. (in Chinese)
- [6] FRANKE L O. Genetic perspectives of germplasm conservation[J]. *Genetic Manipulation: Impact on Man and Society*, 1984: 161-170.
- [7] 李自超, 张洪亮, 孙传清, 等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J]. *中国农业大学学报*, 1999, 4(5): 51-62.
LI Z C, ZHANG H L, SUN C Q, et al. Status and prospects of core collection in plant germplasm resource[J]. *Journal of China Agricultural University*, 1999, 4(5): 51-62. (in Chinese)
- [8] YAN P Y, ZHANG L, HAO J F, et al. Construction of a core collection of Korean pine (*Pinus koraiensis*) clones based on morphological and physiological traits and genetic analysis[J]. *Forests*, 2024, 15(3): 534.
- [9] 黄伟业, 李润泽, 唐芳, 等. 基于表型性状构建内蒙古花苜蓿核心种质[J/OL]. *草地学报*, 2024: 1-23. (2024-10-23). <http://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=CDXU20241021002&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>.
HUANG W Y, LI R Z, TANG F, et al. Construction of *Medicago ruthenica* L. core germplasm based on phenotypic traits[J/OL]. *China Industrial Economics*, 2024: 1-23. (2024-10-23). <http://kns.cnki.net/KCMS/detail/detail.aspx?filename=CDXU20241021002&dbname=CJFD&dbcode=CJFQ>. (in Chinese)
- [10] 吴涛, 陈少瑜, 肖良俊, 等. 基于 SSR 标记的云南省核桃种质资源遗传多样性及核心种质构建[J]. *植物遗传资源学报*, 2020, 21(3): 767-774.
WU T, CHEN S Y, XIAO L J, et al. Genetic diversity analysis and core collection construction of walnut germplasm in Yunnan Province[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(3): 767-774. (in Chinese)
- [11] KOOREVAAR T, WILLEMSSEN J H, VISSER R F, et al. Construction of a strawberry breeding core collection to capture and exploit genetic variation[J]. *BMC Genomics*, 2023, 24(1): 740.
- [12] HU G M, JIANG Q, WANG Z, et al. Genetic diversity analysis and core collection construction of the *Actinidia chinensis* complex (kiwifruit) based on SSR markers[J]. *Agronomy*, 2022, 12(12): 3078.
- [13] 张武君, 陈菁瑛, 刘保财, 等. 福建省山药初级核心种质的构建[J]. *福建农业学报*, 2023, 38(11): 1267-1276.
ZHANG W J, CHEN J Y, LIU B C, et al. Establishing a primary core collection of Chinese yam germplasm in Fujian[J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2023, 38(11): 1267-1276. (in Chinese)
- [14] KUMAR G P, PATHANIA P, GOYAL N, et al. Genetic diversity and population structure analysis to construct a core collection from safflower (*Carthamus tinctorius* L.) germplasm through SSR markers[J]. *Agriculture*, 2023, 13(4): 836.
- [15] SA K J, KIM D M, OH J S, et al. Construction of a core collection of native *Perilla* germplasm collected from South Korea based on SSR markers and morphological characteristics[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1): 23891.
- [16] 苏海兰, 郑梅霞, 江保东, 等. 栽培与野生七叶一枝花土壤微生物多样性研究[J]. *福建农业学报*, 2024, 39(8): 993-1005.
SU H L, ZHENG M X, JIANG B D, et al. Differentiations between microbes in cultivated and wild *Paris polyphylla* field soils[J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2024, 39(8): 993-1005. (in Chinese)
- [17] 周武先, 段媛媛, 卢超, 等. 基于 CDDP 标记的重楼属种质资源鉴定及遗传多样性分析[J]. *中草药*, 2019, 50(20): 5033-5039.
ZHOU W X, DUAN Y Y, LU C, et al. Genetic diversity analysis and germplasm identification of *Paris* species by CDDP markers[J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2019, 50(20): 5033-5039. (in Chinese)
- [18] 尹晓蛟, 何银生, 王智, 等. 基于表型的重楼属种质遗传多样性分析[J]. *浙江农业科学*, 2020, 61(5): 960-964.
YIN X J, HE Y S, WANG Z, et al. Genetic diversity analysis of *Paris* L. germplasms based on phenotype[J]. *Journal of Zhejiang Agricultural Sciences*, 2020, 61(5): 960-964. (in Chinese)
- [19] 张龙进. 山茱萸种质资源遗传多样性分析及核心种质构建方法研究[D]. 西安: 陕西师范大学, 2012.
ZHANG L J. Analysis of genetic diversity of *Cornus officinalis* germplasm resources and study on construction method of core germplasm[D]. Xi'an: Shaanxi Normal University, 2012. (in Chinese)
- [20] EVANNO G, REGNAUT S, GOUDET J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study[J]. *Molecular Ecology*, 2005, 14(8): 2611-2620.
- [21] ROHLF F. NTSYS-pc - numerical taxonomy and multivariate analysis system[J/OL]. *Applied Biostatistics Inc.* New York, 1988-2-1, <https://www.researchgate.net/publication/246982444>.
- [22] 李嘉惠. 何首乌种质研究及核心种质初步构建[D]. 广州: 广东药科大学, 2020.
LI J H. Study on *Polygonum multiflorum* germplasm and preliminary construction of core germplasm[D]. Guangzhou: Guangdong

- Pharmaceutical University, 2020. (in Chinese)
- [23] SOLBRIG O T. The iubs-scope-unesco program of research in biodiversity[J]. *Ecological Applications*, 1992, 2(2): 131–138.
- [24] 宋静静. 桑树核心种质农艺性状与 ISSR 标记的关联分析[D]. 镇江: 江苏科技大学, 2015
- SONG J J. Correlation analysis between agronomic traits and ISSR markers of mulberry core collection[D]. Zhenjiang: Jiangsu University of Science and Technology, 2015. (in Chinese)
- [25] 刘胜坤, 胡剑民, 朱红军, 等. 基于 ISSR 的重楼种质资源遗传多样性研究[J]. *湖北林业科技*, 2020, 49(5): 20–23.
- LIU S K, HU J M, ZHU H J, et al. Genetic diversity studying of germplasms of *Paris* species resources by ISSR markers[J]. *Hubei Forestry Science and Technology*, 2020, 49(5): 20–23. (in Chinese)
- [26] 苏群, 王虹妍, 刘俊, 等. 基于 SSR 荧光标记构建睡莲核心种质[J]. *园艺学报*, 2023, 50(10): 2128–2138.
- SU Q, WANG H Y, LIU J, et al. Construction of core collection of *Nymphaea* based on SSR fluorescent markers[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2023, 50(10): 2128–2138. (in Chinese)
- [27] 程建慧, 廖荣俊, 宋其岩, 等. 基于 SSR 标记分析浙西南香椿天然居群的遗传多样性[J]. *中南林业科技大学学报*, 2024, 44(2): 146–156, 165.
- CHENG J H, LIAO R J, SONG Q Y, et al. Genetic diversity analysis of *Toona sinensis* natural populations in southwest Zhejiang based on SSR markers[J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2024, 44(2): 146–156, 165. (in Chinese)
- [28] 吕伟, 韩俊梅, 任果香, 等. 山西芝麻种质资源 SSR 遗传多样性及群体结构分析[J]. *核农学报*, 2021, 35(7): 1495–1506.
- LYU W, HAN J M, REN G X, et al. Genetic diversity analysis of sesame germplasm resources in Shanxi with SSR markers[J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2021, 35(7): 1495–1506. (in Chinese)
- [29] 张金霞, 刘贺梅, 孙建权, 等. 分子标记技术在水稻品种改良中的应用[J]. *中国种业*, 2021(9): 14–18.
- ZHANG J X, LIU H M, SUN J Q, et al. Application of molecular marker technology in rice variety improvement[J]. *China Seed Industry*, 2021(9): 14–18. (in Chinese)
- [30] 张馨方, 张树航, 李颖, 等. 基于 SSR 标记构建燕山板栗核心种质[J]. *华北农学报*, 2021, 36(S1): 31–38.
- ZHANG X F, ZHANG S H, LI Y, et al. Construction of core collection of Yanshan chestnut germplasm based on SSR markers[J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2021, 36(S1): 31–38. (in Chinese)
- [31] 杨帆, 张艳芳, 王锦华, 等. 山药种质资源 SSR 分析及初级核心种质库的构建[J]. *北方农业学报*, 2022, 50(2): 18–27.
- YANG F, ZHANG Y F, WANG J H, et al. SSR analysis of Chinese yam(*Dioscorea opposita* Thunb.) germplasm resources and construction of primary core collection[J]. *Journal of Northern Agriculture*, 2022, 50(2): 18–27. (in Chinese)
- [32] 陈明堃, 陈璐, 孙维红, 等. 建兰种质资源遗传多样性分析及核心种质构建[J]. *园艺学报*, 2022, 49(1): 175–186.
- CHEN M K, CHEN L, SUN W H, et al. Genetic diversity analysis and core collection of *Cymbidium ensifolium* germplasm resources[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2022, 49(1): 175–186. (in Chinese)
- [33] 燕丽萍, 吴德军, 毛秀红, 等. 基于 SSR 荧光标记的白蜡核心种质构建[J]. *中南林业科技大学学报*, 2019, 39(7): 1–9.
- YAN L P, WU D J, MAO X H, et al. Construction of core collection of *Fraxinus* based on SSR molecular markers[J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2019, 39(7): 1–9. (in Chinese)
- [34] 赵慧, 马芹, 刘振华, 等. 药用植物核心种质研究进展[J]. *山东农业科学*, 2023, 55(7): 173–180.
- ZHAO H, MA Q, LIU Z H, et al. Research progress of core collection of medicinal plants[J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2023, 55(7): 173–180. (in Chinese)

(责任编辑: 黄爱萍)