

紫萍和兰氏萍不同克隆的生长性状及其与微卫星标记的关联性分析

张文珺¹, 徐娜娜^{1,①}, 李霞芳¹, 王梦薇¹, 胡芳露¹, 可建伟², 翁益松²

(1. 浙江海洋大学水产学院, 浙江 舟山 316022; 2. 舟山市水利勘测设计院, 浙江 舟山 316021)

摘要: 对紫萍 [*Spirodela polyrhiza* (Linn.) Schleid.] 3 个克隆和兰氏萍 [*Landoltia punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford] 3 个克隆的所有克隆分株的单株叶状体数, 单叶状体的根数、总根长和平均根长以及叶状体的长度和宽度进行分析, 基于微卫星标记扩增结果对 6 个克隆在各微卫星位点的基因型进行分析, 并对各微卫星位点与 2 种浮萍生长性状的关联性进行分析, 还对 2 种浮萍各微卫星位点不同基因型间的生长性状进行多重比较。结果表明: 紫萍单叶状体的根数、总根长和平均根长及叶状体宽度在 3 个克隆间以及兰氏萍各生长性状在 3 个克隆间均存在显著 ($P < 0.05$) 差异。紫萍 3 个克隆在 *Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53* 位点的基因型不同, 兰氏萍 3 个克隆在 *Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp51*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点的基因型不同; 紫萍 3 个克隆在 *Sp6*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp25*、*Sp36*、*Sp45*、*Sp47* 和 *Sp51* 位点的基因型和等位基因与兰氏萍不同; 2 种浮萍 6 个克隆在 *Sp4*、*Sp12*、*Sp28*、*Sp29* 和 *Sp43* 位点的基因型相同。*Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53* 位点与紫萍单叶状体的根数、总根长和平均根长的关联性极显著 ($P < 0.01$), *Sp30* 位点与其叶状体的长度和宽度的关联性显著, *Sp25* 位点与其叶状体宽度的关联性也显著。*Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点与兰氏萍单株叶状体数和单叶状体根数的关联性极显著, *Sp10*、*Sp14*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp51*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点与其叶状体的长度和宽度的关联性显著或极显著, *Sp16*、*Sp51* 及 *Sp53* 位点与其单叶状体的总根长和平均根长的关联性极显著。*Sp47* 和 *Sp53* 位点 BD 基因型紫萍的根明显偏多且偏长, *Sp51* 和 *Sp53* 位点 AD 基因型兰氏萍的根明显偏长; 并且, *Sp25* 位点 CE 基因型紫萍的叶状体最多且最大, 其根也最多且最长。研究结果显示: 供试的微卫星标记具有属间标记通用性, 可用于紫萍和兰氏萍基因型分析; *Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53* 位点与紫萍根的长度和数量密切相关, 而 *Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp51*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点与兰氏萍叶状体的数量和大小以及根的数量密切相关。

关键词: 紫萍; 兰氏萍; 生长性状; 微卫星标记; 关联性

中图分类号: Q949.71⁺7.3; Q946-33 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2019)02-0049-08

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2019.02.07

Analyses on growth traits of different clones of *Spirodela polyrhiza* and *Landoltia punctata* and their associations with microsatellite markers ZHANG Wenjun¹, XU Na'na^{1,①}, LI Xiafang¹, WANG Mengwei¹, HU Fanglu¹, KE Jianwei², WENG Yisong² (1. School of Fishery, Zhejiang Ocean University, Zhoushan 316022, China; 2. Zhoushan Survey and Design Institute of Water Conservancy, Zhoushan 316021, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2019, 28(2): 49-56, 63

Abstract: Number of frond per plant, number, total length and mean length of root per frond, and length and width of frond of all clonal ramets of 3 clones of *Spirodela polyrhiza* (Linn.) Schleid. and 3 clones of *Landoltia punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford were analyzed, and genotypes of 6 clones at each microsatellite locus were analyzed based on microsatellite marker amplification result. In addition, associations of each microsatellite locus with growth traits of 2 duckweeds were analyzed, and multiple

收稿日期: 2018-07-30

基金项目: 浙江省公益技术应用研究项目(2017C33182); 浙江省自然科学基金青年科学基金项目(LQ15C030001); 浙江省教育厅一般科研项目(Y201840369); 浙江海洋大学“水产”省一流学科开放课题(20160003)

作者简介: 张文珺(1996—), 女, 山东莱芜人, 硕士研究生, 主要从事水生植物生态学研究。

①通信作者 E-mail: xunn@zjou.edu.cn

comparisons on growth traits of different genotypes of 2 duckweeds at each microsatellite locus were conducted. The results show that there are significant ($P < 0.05$) differences in number, total length and mean length of root per frond and width of frond of *S. polyrhiza* among 3 clones, and in each growth trait of *L. punctata* among 3 clones. Genotypes of 3 clones of *S. polyrhiza* are different at loci of *Sp25*, *Sp30*, *Sp47* and *Sp53*, and those of 3 clones of *L. punctata* are different at loci of *Sp10*, *Sp14*, *Sp16*, *Sp42*, *Sp47*, *Sp51*, *Sp52* and *Sp53*; genotypes and alleles of 3 clones of *S. polyrhiza* are different from those of *L. punctata* at loci of *Sp6*, *Sp14*, *Sp16*, *Sp25*, *Sp36*, *Sp45*, *Sp47* and *Sp51*; genotypes of 6 clones of 2 duckweeds are the same at loci of *Sp4*, *Sp12*, *Sp28*, *Sp29* and *Sp43*. Associations of loci of *Sp25*, *Sp30*, *Sp47* and *Sp53* with number, total length and mean length of root per frond of *S. polyrhiza* are extremely significant ($P < 0.01$), those of locus of *Sp30* with length and width of its frond are significant, and that of locus of *Sp25* with its width of frond is also significant. Associations of loci of *Sp10*, *Sp14*, *Sp16*, *Sp42*, *Sp47*, *Sp52* and *Sp53* with number of frond per plant and number of root per frond of *L. punctata* are extremely significant, those of loci of *Sp10*, *Sp14*, *Sp42*, *Sp47*, *Sp51*, *Sp52* and *Sp53* with length and width of its frond are significant or extremely significant, and those of loci of *Sp16*, *Sp51* and *Sp53* with total length and mean length of its root per frond are extremely significant. Roots of *S. polyrhiza* of genotype of BD at loci of *Sp47* and *Sp53* are evidently more and longer, and those of *L. punctata* of genotype of AD at loci of *Sp51* and *Sp53* are evidently longer; in addition, fronds of *S. polyrhiza* of genotype of CE at locus of *Sp25* are the most and the largest, and its roots are also the most and the longest. It is suggested that the microsatellite markers tested have cross-genera amplification, and can be used to analyze genotypes of *S. polyrhiza* and *L. punctata*; loci of *Sp25*, *Sp30*, *Sp47* and *Sp53* are closely associated with length and number of root of *S. polyrhiza*, while loci of *Sp10*, *Sp14*, *Sp16*, *Sp42*, *Sp47*, *Sp51*, *Sp52* and *Sp53* are closely associated with number and size of frond and number of root of *L. punctata*.

Key words: *Spirodela polyrhiza* (Linn.) Schleid.; *Landoltia punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford; growth traits; microsatellite marker; association

浮萍(duckweed)是一类广泛分布于淡水生境的浮水植物,全世界共 5 属 37 种,紫萍属(*Spirodela* Schleid.)和兰氏萍属(*Landoltia* Les et Crawford)是浮萍科(Lemnaceae)中包含种类数较少的属,前者有紫萍[*S. polyrhiza* (Linn.) Schleid.]和 *S. intermedia* W. Koch 2 种,后者仅兰氏萍[*L. punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford] 1 种^[1]。值得一提的是,兰氏萍曾划入紫萍属,中文学名少根紫萍,拉丁学名 *S. oligorrhiza* (Kurz) Hegelm.,后根据叶绿体基因 *rpl16*、*rps16* 和 *atpF-atpH* 序列以及基因组 DNA 的 AFLP 分析结果划入兰氏萍属^[1-2]。紫萍和兰氏萍广布于全球热带及温带地区,在中国南北各省均有分布,常见于水田、池塘、湖湾和水沟等地^[3]。这 2 种浮萍叶状体扁平,背面常呈紫色,但二者的单叶状体根数存在明显差异,其中,紫萍的单叶状体根数为 7~21,而兰氏萍的单叶状体根数为 2~7^[2];二者的叶状体形态也存在一定差异,其中,紫萍的叶状体呈阔倒卵形,而兰氏萍的叶状体呈长椭圆形至狭倒卵形^[3]。

浮萍是被子植物中体型较小的一类植物,其繁殖方式以无性繁殖为主。相关研究结果表明:紫萍中抑制性成熟基因 *miR156* 的位点数为 24~32,多于双子

叶植物拟南芥[*Arabidopsis thaliana* (Linn.) Heynh] (10)和单子叶植物水稻(*Oryza sativa* Linn.) (19),而促进性成熟基因 *miR172* 的位点数仅为 1^[4];在自然环境中,紫萍以无性繁殖为主,当环境条件适宜时 2 d 即可克隆出 1 代^[5],导致其种群遗传多样性较低^[6-7]。浮萍具有极强的无性繁殖能力,能够在含有有机物的污水中快速生长^[8],并且对氮、磷和重金属以及一些特定污染物也具有较强的吸收和利用能力^[9-13],可用于治理富营养化水体和多种污水。然而,不同种类浮萍甚至同一种类不同个体对营养元素和污染物的吸收和利用效率存在很大差异^[14-18],因此,探究与浮萍生长性状相关的分子标记对于选育及应用浮萍治理污水具有重要的实际意义。

鉴于此,作者选取紫萍和兰氏萍各 3 个克隆,分别独立培养,对所有克隆分株的生长性状(包括单株叶状体数,单叶状体的根数、总根长和平均根长以及叶状体的长度和宽度)进行分析,基于微卫星标记扩增结果对 6 个克隆各微卫星位点的基因型进行分析,并对各微卫星位点与 2 种浮萍生长性状的关联性进行分析,还对 2 种浮萍各微卫星位点不同基因型间的生长性状进行多重比较,以期应用这些微卫星标记

进行紫萍和兰氏萍的选育提供参考依据。

1 材料和方法

1.1 材料

供试的紫萍3个克隆和兰氏萍3个克隆分别采自舟山本岛的6个淡水水域,依次编号I、II、III、IV、V和VI。每个水域只选择1个叶状体相连且完整的克隆植株,置于光照培养箱中使用稀释100倍的培养液进行单独培养。培养液母液包含 $0.320\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 氮、 $0.120\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 五氧化二磷、 $0.200\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 氧化钾、 $0.013\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 氧化镁、 $0.017\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$ 硫,且微量元素含量大于等于 $0.002\text{ g}\cdot\text{L}^{-1}$;培养条件为温度(23.0 ± 0.5) $^{\circ}\text{C}$ 、空气相对湿度(78 ± 5)%、光照度 $2\ 000\text{ lx}$ 、光

照时间 $16\text{ h}\cdot\text{d}^{-1}$ 。培养2个月后,对所有克隆分株的生长性状进行统计和测量,每个克隆植株随机选取10个完整的克隆分株提取基因组DNA。

1.2 方法

1.2.1 生长性状的统计和测量 统计每个克隆分株上叶状体的数量,即单株叶状体数;统计每个叶状体上根的数量,即单叶状体根数;使用游标卡尺(精度 0.01 mm)测量每个叶状体的长度和宽度以及每条根的长度,并计算单叶状体的总根长和平均根长。

1.2.2 微卫星位点的基因型分析 用硅胶分别对紫萍和兰氏萍的完整克隆分株进行干燥;取 0.1 g 样品,采用改良的CTAB法^[19]提取基因组DNA。选取19对微卫星引物^[20]进行扩增反应,各引物的序列及特征见表1。所有引物由北京华大基因公司合成。

表1 供试19对微卫星引物的序列及特征

Table 1 Sequences and characteristics of 19 pairs of microsatellite primers tested

引物编号 No. of primer	引物序列(5'→3')		Primer sequence (5'→3')	重复单元 Repeat motif	等位基因长度/bp Allele length	退火温度/ $^{\circ}\text{C}$ Annealing temperature
	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer				
Sp4	TGAATGCAAAGGATAAATTGGG	GAGGATGTCAGACCTGGAGCT	(AGA) ₇	202-205	55	
Sp6	GAACCTTAATATGCGACCAAG	CAAGAAAGTCAAATACAGCGG	(TC) ₁₀	262-270	54	
Sp10	CCATCTGTCTCCTTTTTCCC	CGCCCCATCACTTATTTCGTA	(GA) ₁₆	186-194	55	
Sp12	CGGTCCCGTCCAAAGTACTC	GCAGCCACCCCCCTAAAATC	(AG) ₁₅	269-291	55	
Sp14	GTCCATCCTTCTCAGCACAAT	CCGTACAAGATCTAAGCCTTT	(CT) ₁₄	239-271	56	
Sp16	GGATCTGTATATGCCTCTCT	GCCGCTATCTCAGGTCTTGCT	(CT) ₈	256-262	54	
Sp25	GGCAGAGACAGAAAGATCATC	CCTAGTTCCTAGAGCGAGAG	(CT) ₁₁	153-235	53	
Sp28	GCTTATATACACCGCAAGGGA	GGAGGGAAAAAGGTTGACGAC	(GA) ₈	146-154	53	
Sp29	TAAATGACAGATGAAAGCCAA	ACTCCAACTCCACAAGAAGG	(ATA) ₁₀	281-297	56	
Sp30	CGCCTATAAGTAACCCCTAC	ATCATATCTGCTCGAACCATC	(CT) ₉	199-209	54	
Sp36	GCGTCTATGAATCGGGGAGC	TGAGTTCAGCGTTGGGGTGTG	(AT) ₁₀	218-226	54	
Sp42	TGAGATCAGGCTGGAGCAGTG	GTTTACGTGGGCTACCAAACA	(GA) ₃₅	179-195	55	
Sp43	GGAAAATCAGCACGGAGACAC	TTCACATAGGACGAGGTAGCG	(GA) ₉	210-238	55	
Sp45	AGGATATTCAGGCTGCTCATC	CCTTGTTCCTGTTCAACTTCT	(AT) ₁₂	285-289	56	
Sp47	TGGGCTATGGCGATTAGGGG	GCGGCATCCACGGAGAAAATG	(GA) ₁₀	261-298	56	
Sp49	GGAATCAACCCAAGTATAGAA	CATAGCAGAACTTTAGCGATC	(TTA) ₆	181-185	54	
Sp51	CTCGCACATCAGTTCACAGGA	TCAGACATCTGGCGCAGTAGA	(CT) ₂₃	254-276	56	
Sp52	GTCCTCCCTTTGATTGCTCGTC	AAGCATCATGGGCTCTTCAGG	(ATC) ₆	264-266	56	
Sp53	AGGACGACGACCTCTACTGCC	TACGAGTTCTGCGGACCATCA	(AG) ₁₅	257-298	58	

用Bio-Rad T100 PCR仪(美国Bio-Rad公司)进行扩增反应,扩增体系总体积 $20\ \mu\text{L}$,包括 $4\ \text{U}$ Taq DNA聚合酶[生工生物工程(上海)股份有限公司]、 $2\ \mu\text{L}$ $10\times\text{PCR buffer}$ 、 $0.8\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs、 $0.3\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 正向引物、 $0.3\text{ mmol}\cdot\text{L}^{-1}$ 反向引物、 $50\sim 100\text{ ng}$ DNA模板,ddH₂O补足体积。扩增程序:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性5 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性30 s、53 $^{\circ}\text{C}$ ~58 $^{\circ}\text{C}$ 退火35 s、72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸40 s,共35个循环;最终72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸3 min。

用ABI 3730XL测序仪(美国ABI公司)检测扩增产物,根据检测结果分析各微卫星位点的基因型。

1.3 数据统计和分析

采用SPSS 19.0软件对实验数据进行统计分析;根据数据的方差齐性采用最小显著差数法(LSD法)和Dunnnett T3检验法对相关数据进行多重比较;应用一般线性模型(GLM)对各微卫星位点与紫萍和兰氏萍生长性状的关联性进行最小二乘法分析^[21-22]。

2 结果和分析

2.1 紫萍和兰氏萍不同克隆生长性状的比较

紫萍和兰氏萍不同克隆生长性状的比较结果见表 2。由表 2 可以看出:紫萍克隆 II 的单株叶状体数

最少(2.7),克隆 I 和 III 的单株叶状体数均为 2.9;克隆 III 的单株叶状体的根数、总根长和平均根长及叶状体的长度和宽度均最大,克隆 II 的单株叶状体的根数、总根长和平均根长均最小,克隆 I 的叶状体的长度和宽度均最小。兰氏萍克隆 VI 的单株叶状体数及单株叶状体的总根长和平均根长均最大,克隆 IV 的单株叶状体根

表 2 紫萍和兰氏萍不同克隆生长性状的比较 ($\bar{X} \pm SE$)¹⁾

Table 2 Comparison on growth traits of different clones of *Spirodela polyrhiza* (Linn.) Schleid. and *Landoltia punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford ($\bar{X} \pm SE$)¹⁾

克隆 Clone	紫萍的生长性状 Growth traits of <i>S. polyrhiza</i>					
	N _F	N _R	L _T /mm	L _M /mm	L _F /mm	W _F /mm
I	2.9±0.1a	2.6±0.1ab	20.457±1.938b	2.746±0.211b	5.764±0.233a	4.167±0.184b
II	2.7±0.1a	2.4±0.1b	15.933±1.377b	1.875±0.122c	6.029±0.212a	4.702±0.167ab
III	2.9±0.1a	2.9±0.1a	35.769±2.767a	3.531±0.174a	6.398±0.170a	4.944±0.148a
克隆 Clone	兰氏萍的生长性状 Growth traits of <i>L. punctata</i>					
	N _F	N _R	L _T /mm	L _M /mm	L _F /mm	W _F /mm
IV	3.0±0.1b	2.3±0.1a	28.361±2.587b	3.791±0.290b	4.109±0.155a	2.538±0.077a
V	3.1±0.1b	2.2±0.1a	20.707±1.983b	2.534±0.195c	3.369±0.158b	2.157±0.086b
VI	3.5±0.1a	2.0±0.0b	37.289±2.935a	5.816±0.463a	3.477±0.105b	2.215±0.061b

¹⁾ N_F: 单株叶状体数 Number of frond per plant; N_R: 单株叶状体根数 Number of root per frond; L_T: 单株叶状体总根长 Total length of root per frond; L_M: 单株叶状体平均根长 Mean length of root per frond; L_F: 叶状体长度 Length of frond; W_F: 叶状体宽度 Width of frond. 同列中不同的小写字母表示差异显著 ($P < 0.05$) Different lowercases in the same column indicate the significant ($P < 0.05$) difference.

数及叶状体的长度和宽度均最大;克隆 IV 的单株叶状体数以及克隆 VI 的单株叶状体根数均最少,克隆 V 的叶状体的长度和宽度及单株叶状体的总根长和平均根长均最小。总体来看,紫萍克隆 III 的生长性状优于克隆 I 和 II 的生长性状,兰氏萍克隆 IV 和 VI 的生长性状优于克隆 V 的生长性状。

由表 2 还可以看出:紫萍单株叶状体的根数、总根长和平均根长及叶状体宽度在 3 个克隆间存在显著 ($P < 0.05$) 差异,兰氏萍的各生长性状在 3 个克隆间也存在显著差异。

2.2 紫萍和兰氏萍不同克隆各微卫星位点的基因型分析

检测结果显示:在紫萍和兰氏萍的 6 个克隆中共检测到 50 个等位基因,平均每个位点的等位基因数为 2.6。并且,每个克隆随机选出的 10 个克隆分株的多位点基因型相同,紫萍 3 个克隆和兰氏萍 3 个克隆为 6 个不同的多位点基因型,说明供试的紫萍和兰氏萍植株均为克隆繁殖植株。紫萍和兰氏萍不同克隆微卫星位点的基因型分析结果见表 3。由表 3 可以看出:紫萍 3 个克隆在 Sp25、Sp30、Sp47 和 Sp53 位点的基因型不同,在其余 15 个微卫星位点的基因型

表 3 紫萍和兰氏萍不同克隆各微卫星位点的基因型分析

Table 3 Analysis on genotypes of different clones of *Spirodela polyrhiza* (Linn.) Schleid. and *Landoltia punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford at each microsatellite locus

位点 Locus	紫萍各克隆的基因型 Genotype of each clone of <i>S. polyrhiza</i>			兰氏萍各克隆的基因型 Genotype of each clone of <i>L. punctata</i>		
	I	II	III	IV	V	VI
Sp4	AA	AA	AA	AA	AA	AA
Sp6	AA	AA	AA	BB	BB	BB
Sp10	AA	AA	AA	AB	AA	AA
Sp12	AA	AA	AA	AA	AA	AA
Sp14	AB	AB	AB	CD	CC	CC
Sp16	AC	AC	AC	BB	BB	BD
Sp25	BE	AE	CE	DD	DD	DD
Sp28	AB	AB	AB	AB	AB	AB
Sp29	AA	AA	AA	AA	AA	AA
Sp30	BB	BB	AB	BB	BB	BB
Sp36	AC	AC	AC	BB	BB	BB
Sp42	BB	BB	BB	BB	AB	AB
Sp43	AA	AA	AA	AA	AA	AA
Sp45	AA	AA	AA	BB	BB	BB
Sp47	BD	BE	BD	AA	AC	AC
Sp49	AA	AA	AA	AB	AB	AB
Sp51	BB	BB	BB	AD	AC	AD
Sp52	AA	AA	AA	AA	BB	BB
Sp53	BD	AC	BD	BB	BE	AD

相同; 兰氏萍 3 个克隆在 *Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp51*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点的基因型不同, 在其余 11 个微卫星位点的基因型相同。供试的 2 种浮萍 6 个克隆在 *Sp4*、*Sp12*、*Sp28*、*Sp29* 和 *Sp43* 位点的基因型相同, 并且, 除 *Sp28* 位点外, 其余 4 个微卫星位点均只有 1 个等位基因。

2.3 微卫星位点与紫萍和兰氏萍生长性状的关联性分析

根据各微卫星位点基因型的分析结果, 分别对 4 个微卫星位点 (包括 *Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53* 位

点) 与紫萍生长性状的关联性以及 8 个微卫星位点 (包括 *Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp51*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点) 与兰氏萍生长性状的关联性进行 *F* 检验, 结果分别见表 4 和表 5。

由表 4 可以看出: *Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53* 位点与紫萍单叶状体的根数、总根长和平均根长的关联性极显著 ($P < 0.01$), *Sp30* 位点与紫萍叶状体的长度和宽度的关联性显著 ($P < 0.05$), *Sp25* 位点与紫萍叶状体宽度的关联性也显著, 其余各微卫星位点与紫萍生长性状的关联性均不显著。

表 4 微卫星位点与紫萍生长性状关联性的 *F* 检验结果¹⁾

Table 4 Result of *F*-test on associations of microsatellite loci with growth traits of *Spirodela polyrhiza* (Linn.) Schleid.¹⁾

位点 Locus	<i>N_F</i>		<i>N_R</i>		<i>L_T</i>		<i>L_M</i>		<i>L_F</i>		<i>W_F</i>	
	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
<i>Sp25</i>	0.631	0.533	7.482	0.001	23.105	<0.001	19.793	<0.001	2.345	0.097	5.761	0.003
<i>Sp30</i>	0.293	0.588	35.548	<0.001	43.704	<0.001	26.850	<0.001	3.891	0.049	6.434	0.012
<i>Sp47</i>	1.264	0.262	10.148	0.002	17.567	<0.001	28.941	<0.001	0.008	0.928	0.698	0.404
<i>Sp53</i>	1.264	0.262	10.148	0.002	17.567	<0.001	28.941	<0.001	0.008	0.928	0.698	0.404

¹⁾ *N_F*: 单株叶状体数 Number of frond per plant; *N_R*: 单叶状体根数 Number of root per frond; *L_T*: 单叶状体总根长 Total length of root per frond; *L_M*: 单叶状体平均根长 Mean length of root per frond; *L_F*: 叶状体长度 Length of frond; *W_F*: 叶状体宽度 Width of frond.

表 5 微卫星位点与兰氏萍生长性状关联性的 *F* 检验结果¹⁾

Table 5 Result of *F*-test on associations of microsatellite loci with growth traits of *Landoltia punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford¹⁾

位点 Locus	<i>N_F</i>		<i>N_R</i>		<i>L_T</i>		<i>L_M</i>		<i>L_F</i>		<i>W_F</i>	
	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value	<i>F</i> 值 <i>F</i> value	<i>P</i> 值 <i>P</i> value
<i>Sp10</i>	7.860	0.005	12.555	<0.001	0.462	0.497	2.167	0.142	16.332	<0.001	14.836	<0.001
<i>Sp14</i>	7.860	0.005	12.555	<0.001	0.462	0.497	2.167	0.142	16.332	<0.001	14.836	<0.001
<i>Sp16</i>	15.496	<0.001	21.769	<0.001	15.278	<0.001	34.184	<0.001	3.341	0.068	2.965	0.086
<i>Sp42</i>	7.860	0.005	12.555	<0.001	0.462	0.497	2.167	0.142	16.332	<0.001	14.836	<0.001
<i>Sp47</i>	7.860	0.005	12.555	<0.001	0.462	0.497	2.167	0.142	16.332	<0.001	14.836	<0.001
<i>Sp51</i>	1.373	0.242	1.992	0.159	12.831	<0.001	22.858	<0.001	4.711	0.031	4.398	0.037
<i>Sp52</i>	7.860	0.005	12.555	<0.001	0.462	0.497	2.167	0.142	16.332	<0.001	14.836	<0.001
<i>Sp53</i>	8.129	<0.001	11.525	<0.001	9.482	<0.001	19.750	<0.001	8.304	<0.001	7.559	<0.001

¹⁾ *N_F*: 单株叶状体数 Number of frond per plant; *N_R*: 单叶状体根数 Number of root per frond; *L_T*: 单叶状体总根长 Total length of root per frond; *L_M*: 单叶状体平均根长 Mean length of root per frond; *L_F*: 叶状体长度 Length of frond; *W_F*: 叶状体宽度 Width of frond.

由表 5 可以看出: 除 *Sp51* 位点, 其余位点 (即 *Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点) 与兰氏萍单株叶状体数和单叶状体根数的关联性极显著; *Sp10*、*Sp14*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp52* 和 *Sp53* 位点与兰氏萍叶状体的长度和宽度的关联性极显著, *Sp51* 位点则与兰氏萍叶状体的长度和宽度的关联性显著; *Sp16*、*Sp51* 和 *Sp53* 位点与兰氏萍单叶状体的总根长和平均根长的关联性极显著。

2.4 紫萍和兰氏萍各微卫星位点不同基因型间生长性状的多重比较

各微卫星位点不同基因型间紫萍和兰氏萍生长性状的多重比较结果分别见表 6 和表 7。

由表 6 可以看出: *Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53* 位点不同基因型间紫萍单株叶状体数的差异均不显著。 *Sp25* 位点 CE 基因型、*Sp30* 位点 AB 基因型、*Sp47* 位点 BD 基因型和 *Sp53* 位点 BD 基因型紫萍单叶状体

表 6 各微卫星位点不同基因型间紫萍生长性状的多重比较¹⁾Table 6 Multiple comparison on growth traits of *Spirodela polyrhiza* (Linn.) Schleid. among different genotypes at each microsatellite locus¹⁾

基因型 Genotype	单株叶状体数 Number of frond per plant	单叶状体根数 Number of root per frond	单叶状体总根长/mm Total length of root per frond	单叶状体平均根长/mm Mean length of root per frond	叶状体长度/mm Length of frond	叶状体宽度/mm Width of frond
<i>Sp25</i>						
AE	2.7±0.1a	2.4±0.1b	15.933±1.377b	1.875±0.122c	6.029±0.212a	4.702±0.167ab
BE	2.8±0.1a	2.6±0.1ab	20.457±1.938b	2.746±0.211b	5.764±0.233a	4.167±0.184b
CE	2.8±0.1a	2.9±0.1a	35.769±2.767a	3.532±0.174a	6.398±0.170a	4.944±0.148a
<i>Sp30</i>						
AB	2.8±0.1a	2.9±0.1a	35.769±2.767a	3.532±0.174a	6.398±0.170a	4.944±0.148a
BB	2.8±0.1a	2.5±0.1b	18.438±1.243b	2.357±0.132b	5.882±0.160b	4.406±0.127b
<i>Sp47</i>						
BD	2.8±0.1a	2.8±0.1a	27.435±1.713a	3.104±0.142a	6.053±0.149a	4.521±0.123a
BE	2.7±0.1a	2.4±0.1b	15.933±1.377b	1.875±0.122b	6.029±0.212a	4.702±0.167a
<i>Sp53</i>						
AC	2.7±0.1a	2.4±0.1b	15.933±1.377b	1.875±0.122b	6.029±0.212a	4.702±0.167a
BD	2.8±0.1a	2.8±0.1a	27.435±1.713a	3.104±0.142a	6.053±0.149a	4.521±0.123a

¹⁾ 同列中不同小写字母表示在同一微卫星位点不同基因型间差异显著 ($P < 0.05$) Different lowercases in the same column indicate the significant ($P < 0.05$) difference among different genotypes at the same microsatellite locus.

表 7 各微卫星位点不同基因型间兰氏萍生长性状的多重比较¹⁾Table 7 Multiple comparison on growth traits of *Landoltia punctata* (G. Meyer) Les et D. J. Crawford among different genotypes at each microsatellite locus¹⁾

基因型 Genotype	单株叶状体数 Number of frond per plant	单叶状体根数 Number of root per frond	单叶状体总根长/mm Total length of root per frond	单叶状体平均根长/mm Mean length of root per frond	叶状体长度/mm Length of frond	叶状体宽度/mm Width of frond
<i>Sp10</i>						
AA	3.3±0.1a	2.1±0.0b	30.669±1.998a	4.506±0.306a	3.433±0.089b	2.192±0.050b
AB	3.0±0.1b	2.3±0.1a	28.361±2.587a	3.791±0.290a	4.109±0.155a	2.538±0.077a
<i>Sp14</i>						
CC	3.3±0.1a	2.1±0.0b	30.669±1.998a	4.506±0.306a	3.433±0.089b	2.192±0.050b
CD	3.0±0.1b	2.3±0.1a	28.361±2.587a	3.791±0.290a	4.109±0.155a	2.538±0.077a
<i>Sp16</i>						
BB	3.1±0.1b	2.3±0.0a	24.885±1.691b	3.220±0.186b	3.773±0.113a	2.365±0.059a
BD	3.5±0.1a	2.0±0.0b	37.289±2.935a	5.816±0.463a	3.477±0.105a	2.215±0.061a
<i>Sp42</i>						
AB	3.3±0.1a	2.1±0.0b	30.669±1.998a	4.506±0.306a	3.433±0.089b	2.192±0.050b
BB	3.0±0.1b	2.3±0.1a	28.361±2.587a	3.791±0.290a	4.109±0.155a	2.538±0.077a
<i>Sp47</i>						
AA	3.0±0.1b	2.3±0.1a	28.361±2.587a	3.791±0.290a	4.109±0.155a	2.538±0.077a
AC	3.3±0.1a	2.1±0.0b	30.669±1.998a	4.506±0.306a	3.433±0.089b	2.192±0.050b
<i>Sp51</i>						
AC	3.1±0.1a	2.2±0.1a	20.707±1.983b	2.534±0.195b	3.369±0.158b	2.157±0.086b
AD	3.3±0.1a	2.1±0.0a	33.325±2.011a	4.917±0.294a	3.757±0.092a	2.358±0.049a
<i>Sp52</i>						
AA	3.0±0.1b	2.3±0.1a	28.361±2.587a	3.791±0.290a	4.109±0.155a	2.538±0.077a
BB	3.3±0.1a	2.1±0.0b	30.669±1.998a	4.506±0.306a	3.433±0.089b	2.192±0.050b
<i>Sp53</i>						
AD	3.5±0.1a	2.0±0.0b	37.289±2.935a	5.816±0.463a	3.477±0.105b	2.215±0.061b
BB	3.0±0.1b	2.3±0.1a	28.361±2.587ab	3.791±0.290b	4.109±0.155a	2.538±0.077a
BE	3.1±0.1b	2.2±0.1a	20.707±1.983b	2.534±0.195c	3.369±0.158b	2.157±0.086b

¹⁾ 同列中不同小写字母表示在同一微卫星位点不同基因型间差异显著 ($P < 0.05$) Different lowercases in the same column indicate the significant ($P < 0.05$) difference among different genotypes at the same microsatellite locus.

的总根长和平均根长均显著 ($P < 0.05$) 高于同一微卫星位点其他基因型, 说明这些基因型紫萍的根相对更长。此外, *Sp25* 位点 CE 基因型紫萍的单叶状体根数及叶状体的长度和宽度均最大; *Sp30* 位点 AB 基因型紫萍的单叶状体根数及叶状体的长度和宽度显著高于 BB 基因型; *Sp47* 位点和 *Sp53* 位点 BD 基因型紫萍的单叶状体根数均显著高于同一微卫星位点其他基因型。

由表 7 可以看出: 除 *Sp51* 位点外, 其余微卫星位点不同基因型间兰氏萍的单株叶状体数和单叶状体根数均差异显著; 除 *Sp16* 位点外, 其余微卫星位点不同基因型间兰氏萍叶状体的长度和宽度均差异显著; *Sp16*、*Sp51* 和 *Sp53* 位点不同基因型间兰氏萍单叶状体的总根长和平均根长均差异显著。比较发现, 8 个微卫星位点多数基因型兰氏萍的单叶状体根数偏少, 并且, *Sp51* 和 *Sp53* 位点 AD 基因型兰氏萍的根明显偏长。

3 讨论和结论

微卫星标记又称简单重复序列 (simple sequence repeats), 是常用的中性分子标记之一。由于真核生物基因组中简单重复序列的单元重复数在个体间存在高度变异, 因此, 微卫星标记已被广泛用于多种生物的种群遗传结构分析^[23-26]、亲缘分析^[27-29] 及与生长性状有关的研究工作^[30-36]。通常情况下, 微卫星标记具有物种特异性, 但也可能存在于同属不同种类或不同属种类的基因组 DNA 中, 也就是说微卫星标记可能具有种间标记通用性 (cross-species amplification) 或属间标记通用性 (cross-genera amplification)^[37-42]。

本研究结果表明: 紫萍 3 个克隆在 15 个微卫星位点上具有相同的基因型, 其中 11 个微卫星位点的基因型为纯合子; 而兰氏萍 3 个克隆在 11 个微卫星位点上具有相同的基因型, 其中 9 个微卫星位点的基因型为纯合子。紫萍和兰氏萍的所有克隆在 *Sp4*、*Sp12*、*Sp28*、*Sp29* 和 *Sp43* 位点基因型相同, 并且, 除 *Sp28* 位点外, 其余 4 个微卫星位点均只有 1 个等位基因, 说明 *Sp28* 位点的基因型为杂合子, 其余微卫星位点的基因型均为纯合子。值得注意的是, 紫萍 3 个克隆在 *Sp6*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp25*、*Sp36*、*Sp45*、*Sp47* 和 *Sp51* 位点的基因型和等位基因与兰氏萍 3 个克隆不

同。上述研究结果说明虽然紫萍和兰氏萍的 DNA 序列有一定的相似性, 但供试的微卫星标记仍对紫萍和兰氏萍具有很好的属间标记通用性, 可用于紫萍和兰氏萍的基因型分析。

关联性分析结果表明: 与紫萍生长性状相关的微卫星位点有 4 个, 分别为 *Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53*; 与兰氏萍生长性状相关的微卫星位点有 8 个, 分别为 *Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp51*、*Sp52* 和 *Sp53*; 并且, 与紫萍和兰氏萍生长性状共同相关的微卫星位点只有 2 个, 分别为 *Sp47* 和 *Sp53*。各微卫星位点与紫萍和兰氏萍生长性状的关联性存在差异, 总体来看, 各微卫星位点与紫萍单叶状体的根数、总根长和平均根长的关联性极显著 ($P < 0.01$), 而与兰氏萍单株叶状体数、单叶状体根数及叶状体的长度和宽度的关联性极显著。值得注意的是, *Sp53* 位点与紫萍和兰氏萍根生长性状的关联性均极显著。比较发现, *Sp47* 和 *Sp53* 位点 BD 基因型紫萍的根明显偏多且偏长, *Sp51* 和 *Sp53* 位点 AD 基因型兰氏萍的根明显偏长; 并且, *Sp25* 位点 CE 基因型紫萍的叶状体最多且最大, 其根也最多且最长。

综上所述, 供试的微卫星标记具有属间标记通用性, 能用于紫萍和兰氏萍基因型分析。与紫萍生长性状相关的微卫星位点分别为 *Sp25*、*Sp30*、*Sp47* 和 *Sp53*, 这些微卫星位点与紫萍根的长度和数量密切相关; 与兰氏萍生长性状相关的微卫星位点分别为 *Sp10*、*Sp14*、*Sp16*、*Sp42*、*Sp47*、*Sp51*、*Sp52* 和 *Sp53*, 这些微卫星位点与兰氏萍叶状体的数量和大小以及根的数量密切相关。

参考文献:

- [1] APPENROTH K J, BORISJUK N, LAM E. Telling duckweed apart: genotyping technologies for the Lemnaceae [J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2013, 19: 1-10.
- [2] BOG M, LAUTENSCHLAGER U, LANDROCK M F, et al. Genetic characterization and barcoding of taxa in the genera *Landoltia* and *Spirodela* (Lemnaceae) by three plastidic markers and amplified fragment length polymorphism (AFLP) [J]. Hydrobiologia, 2015, 749: 169-182.
- [3] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志: 第十三卷第二分册 [M]. 北京: 科学出版社, 1979: 207-209.
- [4] WANG W, HABERER G, GUNDLACH H, et al. The *Spirodela polyrrhiza* genome reveals insights into its neotenus reduction fast growth and aquatic lifestyle [J]. Nature Communications, 2014, 5: 3311.
- [5] 刘翠敏, 熊 延, 王淑芳, 等. 紫萍 P143 品系植物 *rbcS* 基因的 cDNA 克隆与表达 [J]. 植物生理学通讯, 2002, 38 (3):

- 221-224.
- [6] XU Y, MA S, HUANG M, et al. Species distribution, genetic diversity and barcoding in the duckweed family (Lemnaceae) [J]. *Hydrobiologia*, 2015, 743: 75-87.
- [7] CAO H X, VU G T H, WANG W, et al. The map-based genome sequence of *Spirodela polyrhiza* aligned with its chromosomes, a reference for karyotype evolution [J]. *New Phytologist*, 2016, 209: 354-363.
- [8] APPENROTH K-J, SREE K S, FAKHOORIAN T, et al. Resurgence of duckweed research and applications: report from the 3rd International Duckweed Conference [J]. *Plant Molecular Biology*, 2015, 89: 647-654.
- [9] DOSNON-OLETTE R, COUDERCHET M, ARFAOUI A E, et al. Influence of initial pesticide concentrations and plant population density on dimethomorph toxicity and removal by two duckweed species [J]. *Science of the Total Environment*, 2010, 408: 2254-2259.
- [10] LEBLEBICI Z, AKSOY A. Growth and lead accumulation capacity of *Lemna minor* and *Spirodela polyrhiza* (Lemnaceae): interactions with nutrient enrichment [J]. *Water Air and Soil Pollution*, 2011, 214: 175-184.
- [11] KRISTANTI R A, TOYAMA T, HADIBARATA T, et al. Sustainable removal of nitrophenols by rhizoremediation using four strains of bacteria and giant duckweed (*Spirodela polyrhiza*) [J]. *Water Air and Soil Pollution*, 2014, 225: 1928.
- [12] MEITEI M D, PRASAD M N V. Adsorption of Cu(II), Mn(II) and Zn(II) by *Spirodela polyrhiza* (L.) Schleiden: equilibrium, kinetic and thermodynamic studies [J]. *Ecological Engineering*, 2014, 71: 308-317.
- [13] ZHAO Z, SHI H, LIU Y, et al. The influence of duckweed species diversity on biomass productivity and nutrient removal efficiency in swine wastewater [J]. *Bioresour Technology*, 2014, 167: 383-389.
- [14] MKANDAWIRE M, DUDEL E G. Accumulation of arsenic in *Lemna gibba* L. (duckweed) in tailing waters of two abandoned uranium mining sites in Saxony, Germany [J]. *Science of the Total Environment*, 2005, 336: 81-89.
- [15] HOU W, CHEN X, SONG G, et al. Effects of copper and cadmium on heavy metal polluted waterbody restoration by duckweed (*Lemna minor*) [J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2007, 45: 62-69.
- [16] ALVARADO S, GUÉDEZ M, LUÉ-MERÚ M P, et al. Arsenic removal from waters by bioremediation with the aquatic plants water hyacinth (*Eichhornia crassipes*) and lesser duckweed (*Lemna minor*) [J]. *Bioresour Technology*, 2008, 99: 8436-8440.
- [17] YAMAGA F, WASHIO K, MORIKAWA M. Sustainable biodegradation of phenol by *Acinetobacter calcoaceticus* P23 isolated from the rhizosphere of duckweed *Lemna aoukikusa* [J]. *Environmental Science and Technology*, 2010, 44: 6470-6474.
- [18] YAN Y, CANDREVA J, SHI H, et al. Survey of the total fatty acid and triacylglycerol composition and content of 30 duckweed species and cloning of a $\Delta 6$ -desaturase responsible for the production of γ -linolenic and stearidonic acids in *Lemna gibba* [J]. *BMC Plant Biology*, 2013, 13: 201.
- [19] FAN X X, SHEN L, ZHANG X, et al. Assessing genetic diversity of *Ginkgo biloba* L. (Ginkgoaceae) populations from China by RAPD markers [J]. *Biochemical Genetics*, 2004, 42: 269-278.
- [20] XU N, HU F, WU J, et al. Characterization of 19 polymorphic SSR markers in *Spirodela polyrhiza* (Lemnaceae) and cross-amplification in *Lemna perpusilla* [J]. *Applications in Plant Sciences*, 2018, 6: e1153.
- [21] 樊佳佳, 白俊杰, 李小慧, 等. 大口黑鲈生长性状的微卫星 DNA 标记筛选 [J]. *遗传*, 2009, 31(5): 515-522.
- [22] 吴滢, 付春鹏, 蒋速飞, 等. 中华绒螯蟹微卫星标记与生长性状相关性的初步分析 [J]. *水生生物学报*, 2011, 35(2): 197-202.
- [23] 苏志豪, 李文军, 卓立, 等. 新疆濒危植物半日花居群的遗传变异及遗传结构分析 [J]. *植物资源与环境学报*, 2017, 26(4): 67-73.
- [24] 杨智鹏, 于红, 于瑞海, 等. 中国沿海脉红螺群体遗传多样性及其遗传结构 [J]. *水产学报*, 2015, 39(10): 1443-1449.
- [25] 李永权, 章伟, 徐延年, 等. 安徽羽叶报春同型花和二型花居群的遗传多样性和遗传结构分析 [J]. *植物资源与环境学报*, 2018, 27(2): 1-8.
- [26] 王成龙, 郑国栋, 陈杰, 等. 草鱼雌核发育后代不同群体的微卫星遗传分析及指纹识别 [J]. *水生生物学报*, 2016, 40(6): 1135-1143.
- [27] 李云海, 肖哈, 张春庆, 等. 用微卫星 DNA 标记检测中国主要杂交水稻亲本的遗传差异 [J]. *植物学报*, 1999, 41(10): 1061-1066.
- [28] 文萍, 赵建, 李伟, 等. 基于微卫星多重 PCR 技术的黄喉拟水龟亲子鉴定 [J]. *水生生物学报*, 2015, 39(6): 1134-1141.
- [29] 宋炜, 孟永永, 蒋科技, 等. 棘头梅童鱼七个野生群体遗传多样性的微卫星分析 [J]. *水产学报*, 2017, 41(1): 31-39.
- [30] 李孟军, 肖寒, 卢金东, 等. 花生微卫星标记的研究进展 [J]. *植物学通报*, 2008, 25(3): 373-380.
- [31] 傅建军, 徐如卫, 薛婷, 等. 3种泥鳅微卫星标记和 D-loop 部分序列遗传变异分析 [J]. *水产学报*, 2015, 39(4): 465-474.
- [32] 张新辉, 高泽霞, 罗伟, 等. 雌核发育团头鲂的形态和遗传特征分析 [J]. *水生生物学报*, 2015, 39(1): 126-132.
- [33] 宋易, 梁旭方, 田昌绪, 等. 生长相关分子标记在翘嘴鲌五代中的富集 [J]. *水生生物学报*, 2016, 40(5): 951-957.
- [34] 刘永新, 周勤, 张红涛, 等. 基于标记系谱的红鳍东方鲀生长性状遗传分析 [J]. *水产学报*, 2017, 41(1): 21-30.

- agricultural soils[J]. *Journal of Environmental Quality*, 1997, 26(4): 966-974.
- [31] 赵素达,付成秋,朱松龄. 镉对石菖光合作用和呼吸作用及叶绿素含量的影响[J]. *青岛海洋大学学报(自然科学版)*, 2000, 30(3): 519-523.
- [32] 李 丽,田小霞,毛培春,等. 马蔺对Cd胁迫的响应及其富集能力分析[J]. *草原与草坪*, 2016, 36(1): 14-19.
- [33] 刘戈宇,柴团耀,孙 涛. 超富集植物遏蓝菜对重金属吸收、运输和累积的机制[J]. *生物工程学报*, 2010, 26(5): 561-568.
- [34] 田小霞,李 丽,毛培春,等. 马蔺苗耐镉性分析及鉴定指标筛选[J]. *核农学报*, 2018, 32(3): 591-599.
- [35] 周晓慧,张丽莎. 马蔺对重金属Cd的修复作用探究[J]. *南方农业*, 2017, 11(23): 111-112.
- [36] 万雪琴,张 帆,夏新莉,等. 镉胁迫对杨树矿质营养吸收和分配的影响[J]. *林业科学*, 2009, 45(7): 45-51.
- [37] FLORIJS P J, VAN BEUSICHEM M L. Uptake and distribution of cadmium in maize inbred lines[J]. *Plant and Soil*, 1993, 150(1): 25-32.
- [38] GUO Q, MENG L, MAO P C, et al. An assessment of *Agropyron cristatum* tolerance to cadmium contaminated soil[J]. *Biologia Plantarum*, 2014, 58(1): 174-178.
- [39] CHEN L, LONG X H, ZHANG Z H, et al. Cadmium accumulation and translocation in two Jerusalem artichoke (*Helianthus tuberosus* L.) cultivars[J]. *Pedosphere*, 2011, 21(5): 573-580.
- [40] 王小雪. 海滨木槿不同家系对重金属Cd胁迫的响应[D]. 重庆:西南大学资源环境学院, 2012: 60.
- [41] 时 萌,王芙蓉,王棚涛. 植物响应重金属镉胁迫的耐性机理研究进展[J]. *生命科学*, 2016, 28(4): 504-512.

(责任编辑:张明霞)

~~~~~

(上接第56页 Continued from page 56)

- [35] 张成锋,苏胜彦,朱 健,等. 富集优势基因型的后备亲本筛选以及相关分子标记的遗传效应分析[J]. *水生生物学报*, 2017, 41(1): 79-85.
- [36] FENG J, HWANG R, CHANG K F, et al. Identification of microsatellite markers linked to quantitative trait loci controlling resistance to *Fusarium* root rot in field pea[J]. *Canadian Journal of Plant Science*, 2011, 91: 199-204.
- [37] DATTA S, MAHFOOZ S, SINGH P, et al. Cross-genera amplification of informative microsatellite markers from common bean and lentil for the assessment of genetic diversity in pigeonpea[J]. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 2010, 16: 123-134.
- [38] 李淑娴,张新叶,王英亚,等. 桉树 EST 序列中微卫星含量及相关特征[J]. *植物学报*, 2010, 45(3): 363-371.
- [39] XU N N, YU S, ZHANG J G, et al. Microsatellite primers for *Halophila ovalis* and cross-amplification in *H. minor* (Hydrocharitaceae)[J]. *American Journal of Botany*, 2010, 97: e56-e57.
- [40] GEALY D R, TAI T H, SNELLER C H. Identification of red rice, rice, and hybrid populations using microsatellite markers[J]. *Weed Science*, 2016, 50: 333-339.
- [41] MICHEL A P, ZHANG W, JUNG J K, et al. Cross-species amplification and polymorphism of microsatellite loci in the soybean aphid, *Aphis glycines*[J]. *Journal of Economic Entomology*, 2016, 102: 1389-1392.
- [42] PRATAP A, GUPTA S, TOMAR R, et al. Cross-genera amplification of informative microsatellite markers from common bean and scarlet runner bean for assessment of genetic diversity in mungbean (*Vigna radiata*)[J]. *Plant Breeding*, 2016, 135: 499-505.

(责任编辑:佟金凤)