

用 AFLP 技术分析紫茎泽兰的遗传多样性

段 惠, 强 胜*, 苏秀红, 吴海荣, 朱云枝, 刘琳莉

(南京农业大学杂草研究室, 江苏 南京 210095)

摘要:利用 AFLP 技术,选择 EcoRI/MseI 这一酶切组合,应用 6 对 E+3/M+3 引物组合进行选择性地扩增,检测了 24 个地区的紫茎泽兰种群的基因组 DNA 多态性。共扩增出 509 个遗传位点,其中 392 个多态位点,多态率为 77.01%。有效等位基因数 (N_e) 为 1.50, Nei's 基因多样性指数 (H) 为 0.29, Shannon 信息指数 (I) 为 0.42。并通过 Jaccard 的方法将电泳带矩阵转化为遗传相似性系数矩阵,进行了 UPGMA 聚类分析。结果表明:被检测的 24 个紫茎泽兰种群遗传多样性丰富;丰富程度与入侵定植时间有关,最早受紫茎泽兰入侵的云南省遗传多样性最丰富,变异最大,大致分为 9 个类群,紫茎泽兰的遗传基因可能对该省多样的气候条件或生境产生了明显的适应性变化;新入侵地区的则遗传多样性相对较低,并与云南省临近地区具有明显的种源地的地源性亲缘关系。子实的风媒传播是紫茎泽兰入侵的主要途径,样点间均具有明显的地源性亲缘关系;水媒也可能是该草传播的途径之一。紫茎泽兰可能首先从缅甸、越南、老挝经风媒入侵我国云南南部,逐渐扩散入侵中北部,又从云南北部和东部传入四川、贵州、广西、湖北等省。

关键词:紫茎泽兰; AFLP; 遗传多样性; 多态性

文章编号:1000-0933(2005)08-2109-06 中图分类号:Q145 文献标识码:A

Genetic diversity of *Eupatorium adenophorum* determined by AFLP marker

DUAN Hui, QIANG Sheng*, SU Xiu-Hong, WU Hai-Rong, ZHU Yun-Zhi, LIU Lin-Li (Weed Research Laboratory, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China). *Acta Ecologica Sinica*, 2005, 25(8): 2109~2114.

Abstract: *Eupatorium adenophorum*, a troublesome weed in the world, is one of the most important invasive organisms in China. Since it was first introduced to China in the 1940's, it has spread rapidly throughout southwestern China. Now it can be found in Yunnan, Guizhou, and Sichuan Provinces and in the Guangxi and Tibet Autonomous Region. Its invasion has caused seriously economic and ecological consequences for agriculture, forestry, and natural environments. The invasive characteristics of exotic organisms such as invasion pathway and dispersal are highly related to genetic diversity. A study on genetic diversity would be beneficial to predict the invasiveness and potential areas threatened by *E. adenophorum*, but little is known about the genetic diversity of this weed. AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) technique was used to analyze genetic diversity of 24 different populations of *E. adenophorum* collected from 23 locations in China and one location in Australia. Genomic DNA was digested with EcoRI and MseI enzymes and amplified with six E + 3 and M + 3 Primer combinations. AFLP analysis produced 509 scoreable bands, of which 392 (77.01%) were polymorphic. The effective number of alleles per locus (N_e) of the 24 populations was 1.50, and the mean Nei's gene diversity index (H) was 0.29, the Shannon's information index (I) was 0.42, indicating that genetic diversity of this weed is very rich. Cluster Analysis based on the UPGMA method indicated that *E. adenophorum* was first introduced in Yunnan Province. Populations in Yunnan provinces showed the greatest genetic variability as all populations sampled in this province could be classified into nine groups. This

基金项目:国家 973 基础研究专项资助项目(2002CB111402-3-6); 国家自然科学基金资助项目(30170619)

收稿日期:2004-05-15; **修订日期:**2005-03-10

作者简介:段惠(1978~),女,云南人,硕士生,主要从事外来杂草适应性研究。

* 通讯作者 Author for correspondence. E-mail: wrl@njau.edu.cn

感谢:加拿大 Alan Watson, Professor, Department of Plant Science, McGill University 润色英文摘要

Foundation item: The State Basic Research Program (No. 2002CB111402-3-6); The National Natural Science Foundation of China (No. 30170619)

Received date: 2004-05-15; **Accepted date:** 2005-03-10

Biography: DUAN Hui, Master, mainly engaged in adaptation of invasive plant.

indicated that genome DNA of *E. adenophorum* diversified due to adaptation to diverse climates and environments in Yunnan Province. In other newly-invaded areas, genetic diversity of *E. adenophorum* populations was less, and distinctly related to the geographically nearby populations collected from the place of Yunnan. Seeds of *E. adenophorum* are spread by wind and water resulting in close biogeographic relationships among the populations occurring in neighboring regions. These results suggest that *E. adenophorum* invaded the southern part of Yunnan Province from Myanmar, Vietnam and Laos on multiple occasions, and then spread to the central and northern parts. The established populations of *E. adenophorum* in Yunnan have provide the seed source which has spread the infestation into Guangxi, Guizhou, Sichuan, Tibet and even Hubei Provinces.

Key words: *Eupatorium adenophorum*; AFLP; genetic diversity; polymorphism

紫茎泽兰(*Eupatorium adenophorum* Sprenge)原产墨西哥和哥斯达黎加,是我国最具侵染性和危害性的外来杂草。目前在我国的云南、四川、广西、贵州、湖北和西藏等省区广泛发生,且正以每年 60km 的速度向东、北入侵^[1]。定殖之处均成纯群,导致生态系统组成和结构的完全改变,破坏生物多样性^[2],严重影响土地的利用^[3],给社会经济造成重大损失^[4]。以往对紫茎泽兰的研究主要集中在其传播入侵模式^[5]、生理生态^[6,7]、个体生物学特性^[7]、生物防除^[8~13]、化学防除^[14]和利用^[15]等方面。虽然基因变化和适应反应对入侵物种的最终种群建立是起关键作用的^[15],但是利用分子生物学手段对紫茎泽兰入侵机制、遗传变异的研究尚未见报道。因此,对紫茎泽兰入侵种群的遗传多样性研究非常重要。本研究采用灵敏度高、重复性好、多态性丰富的 AFLP 技术^[16],对广西、贵州、云南、四川、湖北、澳大利亚不同种群紫茎泽兰之间的遗传多样性进行分析。一方面为将来更进一步的研究提供理论基础和重要遗传背景;另一方面有助于确定种群地理起源和入侵路线和方式,预测入侵种的潜在入侵趋势,为采取相应管理措施提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料采集

样品采集于广西、贵州、云南、四川、湖北等 24 个样地,每种群选取 5 株,并确定植株是由有性繁殖产生的,将 5 株个体的幼叶等量混匀后置于 7mL 离心管中。样品采集后立即放入液氮灌中冷藏。同时记录样地的生态环境(表 1)。

表 1 紫茎泽兰试验材料的编号和采集地点一览表

Table 1 A list of the number and the location of the materials of <i>Eupatorium adenophorum</i> populations					
编号 No.	地点 Location	海拔 Altitude(m)	经纬度 Latitude and longitude	气候带 Climate	生境 Habitat
1	广西百色 Baise Guangxi Autonomous Region	139	22° 53' 23N 106°32' 44E	南亚热带 Lower subtropics	公路边山坡,水边 The sloping field beside the road and scream
2	广西隆林 Longlin Guangxi Province	572	24°44' 24N 105°36' 20E	南亚热带 Lower subtropics	公路边山坡 The sloping field beside the road
3	贵州黄果树 Huangguoshu Guizhou Province	1060	25°58' 92N 105°39' 60E	中亚热带 Central subtropical zone	公路边开阔地 Open wasteland by the road
4	云南曲靖 Qujing Yunnan Province	1923	25°30' 24N 103°46' 47E	南温带 Southern temperate zone	铁路边坡地 The sloping field beside the railway
5	云南罗平 Luoping Yunnan Province	1494	24°53' 50N 104°17' 88E	北亚热带 Northern subtropical zone	路边荒地、废墟上 Wasteland by the road
6	云南昆明 Kunming Yunnan Province	1974	25°08' 44N 102°44' 97E	北亚热带 Northern subtropical zone	柏树林下 Dankness zone In the cypress forest
7	云南玉溪 Yuxi Yunnan Province	1696	24°20' 94N 102°33' 34E	中亚热带 Central subtropical zone	山路边墙脚下 Beside the basement by the mountain road
8	云南元江 Yuanjiang Yunnan Province	395	23°36' 90N 101°59' 75E	北热带 Northern tropics	公路边林下荫湿地带 In the forest by the road
9	云南思茅 Simao Yunnan Province	1298	22°48' 33N 100°58' 33E	南亚热带 Lower subtropics	路旁水沟边 Beside the slot by the road
10	云南勐腊 Mengna Yunnan Province	751	21°30' 37N 101°31' 58E	北热带 Northern tropics	公路边树荫下 In the forest by the road
11	云南景洪 1 Jinghong 1 Yunnan Province	1096	22°07' 62N 100°38' 86E	北热带 Northern tropics	林间荒地,树下 Wasteland in the forest
12	云南景洪 2 Jinghong 2 Yunnan Province	1903	22°10' 45N 100°36' 45E	北热带 Northern tropics	山顶开阔地 One the top of the mountain

续表

13	云南景洪 3 Jinghong 3 Yunnan Province	545	21°59' 71N 100°47' 65E	北热带 Northern tropics	小路边棕榈树下 Under palmte
14	云南楚雄 Chuxiong Yunnan Province	1823	25°02' 58N 101°31' 49E	中亚热带 Central subtropical zone	山坡墓地旁 Beside the tomb on the slope
15	云南大理 1 Dali 1 Yunnan Province	2047	25°33' 67N 100°14' 04E	北亚热带 Northern subtropical zone	公路边荒地 Wasteland by the road
16	云南大理 2 Dali 2 Yunnan Province	2440	25°32' 12N 100°15' 63E	北亚热带 Northern subtropical zone	公路边坡地,风口处 The sloping field facing the wind beside the road
17	云南大理 3 Dali 3 Yunnan Province	2222	25°32' 79N 100°15' 02E	北亚热带 Northern subtropical zone	公路边坡地 The sloping field beside the road
18	云南元谋 Yuanmou Yunnan Province	1112	25°43' 36N 101°52' 00E	南亚热带 Lower subtropics	公路边田埂旁 The ridge beside the road
19	四川攀枝花 Panzhihua Sichuan Province	1016	26°33' 20N 101°41' 54E	南亚热带 Lower subtropics	金沙江边山石下 Beside the diff by the Jinsha River
20	四川西昌 Xichang Sichuan Province	1543	27°52' 83N 102°13' 52E	中亚热带 Central subtropical zone	铁路边坡地 The sloping field beside the railway station
21	云南屏边 Pingbian Yunnan Province	1414	23. 0°N 103. 42'E	南亚热带 Lower subtropics	公路边坡地 The sloping field beside the road
22	湖北秭归 Zigui Hubei Province	200	30°38' N 110°18' E	中亚热带 Central subtropical zone	江边 Riverside of Changjiang River
23	悉尼 Sydeny Australia	42	33°54' S 151°12' E	亚热带 Subtropical zone	公路边坡地 The sloping field beside the road
24	云南临沧 Linchang Yunnan Province	1400	25°02' N 100°33' E	中亚热带 Central subtropical zone	公路边坡地 The sloping field beside

1.2 DNA 提取

将幼叶用液氮研磨成细粉,转入 1.5mL 的离心管中,加入 600μL 的 2%CTAB 提取液,65℃水浴 1~1.5h 后,加入等体积的氯仿/异戊醇提取液,轻轻颠倒混匀 10~15min 后,6000 r·min⁻¹离心 20min,取上清,加入等体积异丙醇沉淀 DNA,取沉淀加入 400μL TE 缓冲液溶解沉淀,加入适量的 RNase,放入 37℃烘箱 30min 后,用等体积苯酚/氯仿/异戊醇抽提,取上清,再用等体积氯仿/异戊醇抽提 1 次;取上清,加入 1/10 体积的 3mol·L⁻¹的 NaAc,-20℃冰箱中过夜,离心;取上清,无水乙醇沉淀,用 75%乙醇洗数次后,加适量 TE 溶解。用紫外分光光度计测 OD₂₆₀/OD₂₈₀,计算样品 DNA 浓度,比值在 1.6~1.9 之间的均可用于下面的 AFLP 分析。

1.3 AFLP 实验

EcoRI,MseI 双酶切→连接 EcoRI,MseI 接头→预扩增→6 对 E+3/M+3 引物组合进行选择性的扩增→变性→5%聚丙烯酰胺凝胶电泳→银染法检测。

1.4 数据分析

选择清晰可辨的带按带的有无构建二进制矩阵,通过 Jaccard 的方法将电泳带矩阵转化为遗传相似性系数矩阵,进行 UPGMA 聚类分析。用 POPGENE version 1.32 软件计算以下遗传多样性参数:等位基因平均数 N_a (average number of alleles per loci);有效等位基因数 N_e (effective number of alleles per loci); $Nei's$ 基因多样性指数 H (gene diversity);Shannon's 信息指数 I (Shanon's information index)。

2 结果与分析

2.1 AFLP 指纹图谱

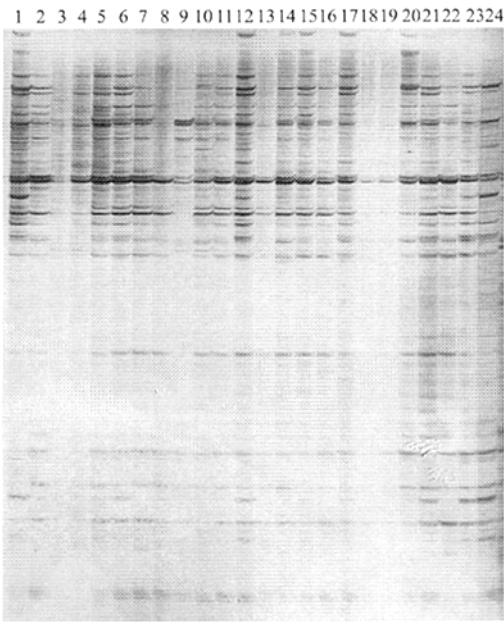


图1 供试紫茎泽兰 24 个种群的 AFLP 指纹图谱

Fig. 1 Amplified fragment length polymorphism profiles for 24 *Eupatorium adenophorum* populations using one primer combination 谱带序列号所指样品见表 1 The serial numbers of bands indicate the samples entable 1; 下同 the same below

6 对 AFLP 引物组合在 24 个种群中共扩增出 509 条带,其中 392 条为多态性带,多态率为 77.01%,平均每个引物组合产生 84.83 条带。

2.2 遗传多样性参数

2.3 遗传多样性和遗传相似性分析

根据遗传相似系数(GS)可以揭示,24 个种群的 GS 在 0.53~0.95 之间,平均 Nei's 基因多样性指数为 0.2884,Shannon's 多样性指数为 0.4241,表现出丰富的遗传多样性。其中思茅和其他种群遗传差异最大,遗传相似系数最低,GS 为 0.45~0.68;其次元江的种群与其他种群的遗传差异也较大,除了与思茅种群的 GS 为 0.68 外,与其他种群的 GS 为 0.45~0.60。楚雄、大理、元谋、西昌、攀枝花几个地方的种群的遗传差异较小,遗传相似系数较高,GS 在 0.77~0.95 之间。

2.3 聚类分析

根据聚类分析图(图 2),当取截集水平 0.77 时,可以将 24 个种群分为九大类群。广西百色和隆林、云南曲靖、罗平和景洪 3 以及贵州黄果树的亲缘关系较近,聚为一类;云南临沧和澳大利亚悉尼的种群聚为一类;云南的楚雄、大理和四川西昌的种群亲缘关系较近,云南昆明和玉溪的种群也与此较近共同聚为一类;云南东南部的屏边的种群单独聚为一类;云南南部的景洪 1、景洪 2 与勐腊的种群聚在一起;湖北秭归、四川攀枝花和云南元谋的种群聚为一类;云南的思茅和元江的种群为一类。在上述 9 类中,均有取自云南省的种群。

3 讨论

3.1 紫茎泽兰遗传多样性与其适应性的关系

遗传多样性的高低反映了物种对外界环境适应能力的强弱^[17],具有较高遗传多样性的杂草抵抗病虫害、农药的能力也就越强^[18]。本文对取自中国境内的 23 个种群和澳大利亚 1 个种群的遗传分析表明紫茎泽兰遗传多样性十分丰富,平均 Nei's 基因多样性指数为 0.2884,Shannon's 多样性指数为 0.4241,与其它已知植物的遗传多样性相比相对较高^[19~21]。是一个变异类型较为丰富的外来入侵物种。紫茎泽兰侵入我国西南地区后与本地物种相竞争,并逐渐占据主导地位,迅速扩展蔓延,迄今,有关在我国紫茎泽兰上发现的天敌已经有泽兰实蝇(*Proceidochares utilis* Stone)、飞机草绒孢菌(*Mycovellosiella eupatorii-odorati* (Yen) Yen)和链格孢菌[*Alternaria alternata* (Fr.) Keissler]等,但到目前为止还没有发现一种特别有效的,可以对其发生和扩散能够完全加以控制^[1]。这可能与较高的遗传多样性有关。但也有人认为物种多样性的高低并不能反映物种的适应能力。所以有关遗传多样性与物种和群体适应性的关系也一直存在着不同的观点和争议^[22]。

3.2 遗传多样性与紫茎泽兰入侵时间先后的关系

外来种在引进之初,种群数目较小,因此入侵新的生境后往往会遭受瓶颈、建立者效应等而导致其遗传多样性的丧失,表现为原产地及入侵较早的地区往往具有较高的遗传多样性而新入侵地区遗传多样性相对较低^[23]。因而可以据其遗传多样性的高低推测外来物种来源问题。紫茎泽兰最初是由中缅边境传入我国云南省南部,而云南南部浪沧、西双版纳、屏边和思茅,中部的元江等遗传多样性最为丰富。因而这些地区很有可能是紫茎泽兰最早在云南省入侵定居的地区。而处于该省的中北部的玉溪、景洪等地区遗传多样性与南部地区相比略低,由此认为紫茎泽兰由南向北扩散蔓延,逐渐入侵整个云南省。我国西南地区的四川、广西、贵州等省区与云南省相比遗传多样性相对较低且明显带有其邻近种源地区种群多样性的特点。如四川的西昌类群与中西北部的类群明显相似,邻近的广西隆林和百色市以及贵州的黄果树种群则与中东北部的种群非常相似,四川攀枝花种群与北部的元谋相似。由此可见四川、广西、贵州等地紫茎泽兰与云南种群具有明显的地源性亲缘关系。

3.3 外来入侵物种对入侵地气候的适应性

表 2 AFLP 检测的紫茎泽兰 24 个种群的遗传多样性水平

Table 2 Genetic diversity of the 24 *E. adenophorum* populations detected by AFLP

遗传多样性参数 Gene diversity index	N_a	N_e	H	I
平均值 Mean	1.7627	1.5037	0.2884	0.4241
标准偏差 SD	0.4291	0.3697	0.1951	0.2734

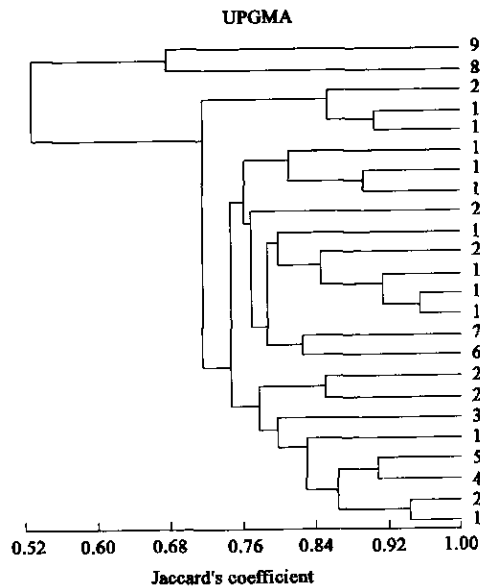


图 2 24 个紫茎泽兰种群的 AFLP 检测的聚类分析图

Fig. 2 Dendrogram for 24 *Eupatorium adenophorum* populations generated by cluster analysis from amplified fragment length polymorphism data

The serial numbers of populations indicate the dample in table 1

从聚类结果来看,攀枝花和元谋的相似系数较高为 0.905,这两个地方毗邻且都属于我国金沙江流域的干热河谷地区。反映了相邻产地之间遗传差异较小,年降水量、土壤等生态背景较为一致。同属于干热河谷气候的元江地区与上述两地聚的相对较近。表明紫茎泽兰对当地气候的适应性有其 DNA 分子基础。这既反映了植物对环境的适应,也表明环境对植物的深刻影响。

百色、隆林和景洪市区(景洪 3)的样品虽然地理差距很大,但遗传距离却较近。结合其分布生境来看,这 3 个地方的海拔都低于 600m,分布面积小、数量较少。另外,楚雄、大理、玉溪、昆明和西昌 5 个种群亲缘关系很近,从调查的资料来看,这些地区海拔高度较高,在 1600~2400m 之间。说明了紫茎泽兰的遗传适应性可能和分布地的海拔高度有关。

3.4 紫茎泽兰传播方式的探讨

紫茎泽兰是风传子实^[10],遗传相似性地理区域性分布特点相对比较明显。楚雄、大理、玉溪和昆明均在云南省中西部,地理区位比较近,而位于四川的西昌也与上述区域靠近,其种群亲缘关系也明显较近。百色、隆林、曲靖、罗平、黄果树虽分属 3 省区但其范围是云南、贵州和广西的交界区域,也具有非常接近的区位,风媒扩散是完全可能的,所以种群的遗传相似性也较高。同属西双版纳的纳版河自然保护区山上(景洪 1 和景洪 2)的种群与勐腊种群较近。攀枝花和元谋同属金沙江流域地区,遗传相似性高。

水媒传播也可能是紫茎泽兰种子传播的重要方式之一。秭归、攀枝花和元谋这 3 个地方的基因较为相似,攀枝花和元谋相邻,位于同一公路线上,都位于长江的上游,金沙江附近。湖北的采样地点位于秭归县老城长江边,只有零星分布。附近很大范围内没有见大片紫茎泽兰种群分布。推测其种源很有可能来源于上游金沙江,子实是随上游的金沙江水漂流而下的。这也提示我们防止该草的入侵还要考虑水路传播。

本实验 DNA 提取采用的是混合样品,它可以作为个体样品的代表,对整个居群的遗传多样性进行评价^[24]。故本研究集中讨论的是各地理种群间的遗传变异,种群内的变异正在作进一步研究。

References:

[1] Qiang S. The history and status of the study on crofton weed(*Eupatorium adenophorum* Spreng.):A worst worldwide weed. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 1998,**16**(4):366~372.

[2] Angiras N N, Singh S D, Singh C M. Allelopathic effects of weeds on germination and seedling growth of maize and soybean. *Indian Journal of Weed Science*, 1988, **20**(2):82~87.

[3] Verma T S, Minhas R S. Effect of *Eupatorium* incorporation in soil on growth, yield and nutrient in wheat. *Crop Research. (HISAR)*, 1988,**1**(2):146~155.

[4] Deng X, Yang Q H, Ye W H, *et al.* The adaptive rapid evolutions of the invasive biology and the impacts. *Acta Scientiarum Naturalium University Sunyatseni*, 2003, **42**(supplement): 204~210.

[5] Auld B A, Martin P M. The autoecology of *Eupatorium adenophorum* Spreng. in Australia. *Weed Research*, 1975,**15**:27~31.

[6] Liu W Y, Liu L H, Zheng Z. Photosynthetic characteristics of *Eupatorium adenophorum* Spreng. and their ecological significance. *Acta Botanical Yunnanica*,1988,**10**(2):175~181.

[7] Liu W Y, Liu L H, Zheng Z. The characteristic research of autecology ecology of Pamakani (*Eupatorium adenophorum* Spreng.). *Acta Ecologica Sinica*, 1989, **9**(1):66~70.

[8] Dodd A P. Biological control of *Eupatorium adenophorum* in Queensland. *Australia Journal of Science*, 1961,**23**:356~365.

[9] Duan J J, Messing R H. Host specificity tests of *Diachasmimorpha kraussii*(Hymenoptera: Braconidae), a newly introduced opine fruit fly parasitoid with four nontarget tephritids in Hawaii. *Biological Control*, 2000, **19**(1):28~34.

[10] Zhang Z Y. Wei Y, He D Y. The research of the biological characteristics of *Procecidochares utilis*. *Journal of Biological Control*,1998, **4**(1): 10~13.

[11] He D Y, Liu L H, Jing G F, *et al.* The Saftety of *Procecidochares utilis*. *Journal of Biological Control*, 1987,**3**(1):1~3.

[12] Guo G Y, Ma J, Yang Y R. The research of an pathogen isolated from the crofton weed(*Eupatorium adenophorum* Spreng.). *Acta Phytopathologica Sinica*,1991,**21**(4):245~250.

[13] Liu L H, Xie S C, Zhang J H. The distribution and control safty of Pamakani (*Eupatorium adenophorum* Spreng.). *Acta Ecologica Sinica*,1985,**5**(1):1~6.

[14] Auld B A. Chemical control of *Eupatorium adenophorum*, crofton weed. *Tropical. Grassland*,1972, **6**:55~60.

[15] Sakai A K, Allendorf F W, Holt J S, *et al.* The population biology of invasive species. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 2001, **32**: 305~332.

[16] Vos P, Hogers R, Bleeker M,*et al.* AFLP:A new technique for DNA fingerprinting. *Nuclear Acids Research*, 1995,**23**: 4407~4414.

[17] O'Hanlon P C ,Peakall R ,Briese D T. A Review of new PCR-based genetic markers and their utility to weed ecology.*Weed Research*,

2000,(40):239~254.

[18] Muller-Scharer H, Fischer M. Genetic structure of the annual weed *Senecio vulgaris* in relation to habitat type and population size. *Molecular Ecology*,2001,**10**:17~28.

[19] Schoen D J, Brown A H D. Intraspecific variation in population gene diversity and effective population size correlates with the mating system in plants. *Proceedings of the National Academy of Science,USA*. 1991,**88**:4494~4497.

[20] Li W Y, Gu W C, Zhou S L. AFLP analysis on genetic diversity of *Quercus Mongoliuca* populations. *Scientia Silvae Sinicae*,2003, **9** (5): 29~36.

[21] Pester T A ,Ward S M, Fenwick A L, *et al.* Genetic diversity of jointed goatgrass(*Aegilops cylindrica*) determined with RAPD and AFLP markers. *Weed Science*, 2003,**51**: 287~293.

[22] Lande R. Genetics and demography in biological conservation. *Science*, 1988,**241**:1455~1460.

[23] Amsellem L, Noyer J L, Bourgeois T L, Hossaert-mckey M. Comparison of genetic diversity of the invasive weed *Rubus salceifolius* Poir. (Rosaceae) in its native range and in areas of introduction,using amplified fragment length polymorphism(AFLP)markers. *Molecular Ecology*, 2000,**9**:443~455.

[24] Qian W, Ge S, Hong D Y. Assessment of genetic variation of *Oryza granulata* detected by RAPD and ISSR. *Acta Botanica Sinica*, 2000, **42**(7):741~750.

参考文献:

[1] 强胜. 世界性恶性杂草——紫茎泽兰研究的历史及现状. 武汉植物学研究, 1998,**16**(4):366~372.

[4] 邓雄, 杨期和, 叶万辉, 等. 生物入侵的适应性进化及其影响. 中山大学学报,2003, **42**(增刊):204~210.

[6] 刘文耀, 刘伦辉, 郑征. 紫茎泽兰的光合作用特征及其生态学意义. 云南植物研究, 1988,**10**(2):175~181.

[7] 刘伦辉, 刘文耀, 郑征. 紫茎泽兰个体生物及生态学特性研究. 生态学报, 1989, **9**(1):66~70.

[10] 张智英, 魏艺, 何大愚. 泽兰实蝇生物学特性的初步研究. 生物防治通报,1998, **4**(1): 10~13.

[11] 何大愚, 刘伦辉, 荆桂芬, 等. 泽兰实蝇的安全性试验. 生物防治通报, 1987,**3**(1):1~3.

[12] 郭光远, 马俊, 杨宇容. 国内新病害——紫茎泽兰叶斑病原菌的研究. 植物病理学报,1991,**21**(4):245~250.

[13] 刘伦辉, 谢寿昌, 张建华. 紫茎泽兰在我国的分布、危害及防除策略的探讨. 生态学报, 1985,**5**(1):1~6.

[20] 李文英, 顾万春, 周世良. 蒙古栎天然群体遗传多样性的 AFLP 分析. 林业科学,2003, **39**(5): 29~36.

[24] 钱韦, 葛颂, 洪德元. 采用 RAPD 和 ISSR 标记探讨中国疣粒野生稻的遗传多样性. 植物学报,2000, **42**(7):741~750.