

基于 SRAP 标记的不同产区黄精的遗传多样性

李亚萍^{1,2}, 戴惠明³, 姜武², 陈家栋², 段晓婧², 陶正明^{1,2}

(1. 浙江农林大学 食品与健康学院 浙江省特色中药资源保护与创新利用重点实验室, 浙江 杭州 311300; 2. 浙江省亚热带作物研究所, 浙江 温州 325005; 3. 永嘉县自然资源和规划局, 浙江 永嘉 325199)

摘要: 【目的】研究不同产区黄精 *Polygonatum* spp. 的遗传多样性, 为其资源保护及品种选育提供更多理论依据。

【方法】使用相关序列扩增多态性 (SRAP) 分子标记技术, 分析来自华东 (浙江、福建、安徽、江西)、西北 (河北、陕西)、华中 (湖南)、西南 (四川、贵州、云南) 等 4 个居群的 47 份黄精种质资源的遗传多样性。【结果】对 88 对 SRAP 引物进行筛选, 有 7 对可用于黄精种质资源的 SRAP-PCR 分析, 共得到 159 条扩增条带, 其中多态性条带 140 条。物种水平上, 多态性比率为 88.05%, 有效等位基因数 (N_e) 为 1.600 6, Nei's 基因多样性指数 (H) 为 0.204 1, Shannon 信息指数 (I) 为 0.308 0; 居群水平上, 多态性比率为 42.14%~86.16%, H 和 I 分别为 0.188 1~0.259 1 和 0.238 2~0.399 4; 4 个居群的基因分化系数 (G_{st}) 为 0.194 1, 表明有 80.59% 的遗传变异在种群内进行, 基因流 (N_m) 为 2.075 4, 表明居群间存在一定的基因流动; 从非加权组平均法 (UPGMA) 聚类结果可知: 当相似系数为 0.66 时, 47 份样品分成 4 组, I、III、IV 类的均为华东地区浙江种质资源, 当相似系数为 0.68 时, II 类分成 2 支。西南与西北聚为一类, 浙江庆元黄精聚类结果复杂, 表明地理位置差异与亲缘关系远近没有特定关系。整体上华东居群遗传多样性丰富, 而庆元黄精种质遗传多样性最丰富。【结论】黄精遗传多样性水平较高, 居群间存在一定的基因交流, 可为黄精新品种选育工作提供参考。图 3 表 4 参 22

关键词: 黄精; 相关序列扩增多态性 (SRAP) 分子标记; 遗传多样性; 产区

中图分类号: S722 文献标志码: A 文章编号: 2095-0756(2023)03-0658-07

Genetic diversity of *Polygonatum* spp. from different production areas based on SRAP markers

LI Yaping^{1,2}, DAI Huiming³, JIANG Wu², CHEN Jiadong², DUAN Xiaojing², TAO Zhengming^{1,2}

(1. Provincial Key Laboratory of Conservation and Innovative Utilization of Traditional Chinese Medicine Resources, College of Food and Health, Zhejiang A&F University, Hangzhou 311300, Zhejiang, China; 2. Zhejiang Institute of Subtropical Crop, Wenzhou 325005, Zhejiang, China; 3. Natural Resources and Planning Bureau of Yongjia County, Yongjia 325199, Zhejiang, China)

Abstract: [Objective] The objective is to study the genetic diversity of *Polygonatum* spp. from different production areas and provide further theoretical support for its resource protection and variety breeding.

[Method] The genetic diversity of 47 *Polygonatum* spp. germplasm resources from 4 populations, including East (Zhejiang, Fujian, Anhui, Jiangxi), Northwest (Hebei, Shaanxi), Central (Hunan), Southwest (Sichuan, Guizhou and Yunnan) China, was analyzed using related sequence amplification polymorphism (SRAP) molecular markers technology. [Result] A total of 88 pairs of SRAP primers were screened, and 7 pairs could

收稿日期: 2022-06-28; 修回日期: 2023-02-20

基金项目: 浙江省中药资源保护与创新利用重点实验室项目 (2021E10013); 温州市农业新品种选育协作组项目 (2019ZX003-1)

作者简介: 李亚萍 (ORCID: 0000-0003-1220-0838), 从事中药材新品种选育及开发研究。E-mail: Lyy100400@163.com。通信作者: 陶正明 (ORCID: 0000-0001-8704-5604), 研究员, 从事药用植物资源评价利用研究。E-mail: zmtao2002@aliyun.com.cn

be used for SRAP-PCR analysis of *Polygonatum* spp.. A total of 159 amplified bands were obtained, including 140 polymorphic bands. At the species level, the polymorphism ratio (PPB) was 88.05%, the effective allele number (N_e) was 1.600 6, the Nei's genetic diversity (H) was 0.204 1, and Shannon's information index (I) was 0.308 0. At the population level, PPB was 42.14%–86.16%, H and I were 0.188 1–0.259 1 and 0.238 2–0.399 4, respectively. The genetic differentiation coefficient (G_{st}) of the 4 populations was 0.194 1, indicating that 80.59% of the genetic variation was carried out within the population, and the gene flow (N_m) was 2.075 4, indicating that there was a certain gene flow between populations. According to the clustering results of the unweighted group average method (UPGMA), when the similarity coefficient was 0.66, 47 samples were divided into 4 groups. Class I, III and IV were all Zhejiang germplasm resources in East China. When the similarity coefficient was 0.68, Class II was divided into 2 branches. Those in Southwest and Northwest were clustered into one class, and the clustering results of *Polygonatum* spp. in Qingyuan County of Zhejiang Province were complex, indicating that there was no specific relationship between the geographical difference and the distance of kinship. On the whole, the genetic diversity of populations in East China was rich, while Qingyuan had the richest. [Conclusion] The level of genetic diversity is high and there is certain gene flow between populations, which can provide reference for the breeding of new varieties. [Ch, 3 fig. 4 tab. 22 ref.]

Key words: *Polygonatum* spp.; SRAP molecular markers; genetic diversity; production areas

黄精 *Polygonatum* spp. 的干燥根茎是常用的一味中药^[1], 具有补气养阴、健脾、益肾等功效, 临床常用于脾胃气虚、胃阴不足、精血不足、腰膝酸软等证^[2-3]。现代研究发现: 黄精含有多糖、甾体皂苷、木质素等多种化合物, 其中黄精多糖被认为是黄精主要的活性成分, 可清除自由基, 延缓衰老, 降低乳酸, 缓解疲劳等。黄精多糖的降血糖和抗炎等多种作用相互协作, 为研究治疗糖尿病提供了较好的思路。黄精药性平和, 不仅具有多种药理作用, 还有一定滋补作用, 故在复方汤剂以及中成药的守正创新中具有较好的应用前景^[4-5]。另外, 黄精因具有独特风味和较好的口感, 已被开发出多种保健食品, 如黄精药膳、黄精酒、黄精饮料、黄精酸奶等^[6]。随着大健康产业的发展, 黄精保健食品的复合开发具有极大的市场潜力。

黄精品种多, 适应能力强, 分布广^[7]。黄精遗传多样性保护与优良品种选育可以提高黄精品质与产量, 促进黄精产业高质量发展。叶钱等^[8]对多花黄精 *P. cyrtoneuma* 有效成分与主要环境因子的相关性进行研究, 发现不同种源的多花黄精化学成分存在差异, 这为进一步探讨黄精品质与环境因素之间关系提供了理论依据。

相关序列扩增多态性 (SRAP) 分子标记技术在植物遗传多样性方面研究应用较多, 但在药用植物应用较少, 如何首乌^[9]。另有研究表明: SRAP 分子技术能较好地用于铁皮石斛 *Dendrobium officinale* 品种亲缘关系的研究^[10], 但此技术尚未见用于黄精遗传多样性分析。与之前研究使用的简单重复序列 SSR 多态位点分析方法^[11]、多态性分子标记 (SCoT) 方法^[12] 和简单序列间重复 (ISSR) 分子标记方法^[13]、叶绿体基因联合序列分析^[14] 等技术相比, SRAP 分子标记技术以基因的开放阅读框 (open reading frames, ORFs) 的特定区域进行扩增, 具有简单、可靠、共显性高等特点^[15]。本研究采用 SRAP 分析技术对华东、西北、华中、西南 4 个居群 47 份黄精种质资源的遗传多样性进行研究, 为黄精的遗传多样性与优良品种选育研究提供依据, 以更好地保护和开发黄精种质资源。

1 材料与方 法

1.1 材 料

收集华东居群 (浙江省、福建省、安徽省、江西省), 西北居群 (河北省、陕西省), 华中居群 (湖南省), 西南居群 (四川省、贵州省、云南省) 的黄精干燥叶片, 共 47 份种质资源, 各种质资源位置信息如

表1所示。样品采集后置于密封袋中干燥保存,经浙江省亚热带作物研究所陶正明研究员鉴定后为多花黄精、长梗黄精 *P. filipes*、黄精 *P. sibiricum*、滇黄精 *P. kingianum*。

表1 黄精种质采集信息

Table 1 Collected information of *Polygonatum* spp.

编号	采样点	样品数	基源	北纬(N)	东经(E)	海拔/m	居群
ZJTS1	浙江省温州市泰顺县竹里畲族乡	1	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	27.70°	119.79°	229	华东
ZJCA2~3	浙江省杭州市淳安县里商乡	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	29.50°	118.95°	169	华东
ZJYJ4	浙江省温州市永嘉县岩头镇	1	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	28.44°	120.79°	919	华东
ZJJD5	浙江省杭州市建德市寿昌镇	1	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	29.43°	119.15°	300	华东
ZJOH6	浙江省温州市瓯海区景山街道	1	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	28.00°	120.64°	10	华东
ZJYQ7	浙江省温州市乐清雁荡山风景区	1	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	28.39°	121.06°	123	华东
ZJQY8~14	浙江省丽水市庆元县荷地镇	7	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	27.59°	119.24°	943	华东
ZJSY15	浙江省丽水市松阳县玉岩镇	1	长梗黄精 <i>P. filipes</i>	28.41°	119.25°	606	华东
ZJSY16~17	浙江省丽水市松阳县玉岩镇	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	28.41°	119.25°	145	华东
ZJLQ18~20	浙江省丽水市龙泉市城北乡	3	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	28.30°	119.08°	671	华东
ZJJN21~22	浙江省丽水市景宁畲族自治县东坑镇	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	27.89°	119.69°	1190	华东
HBBD23~24	河北省保定市易县塘湖镇	2	黄精 <i>P. sibiricum</i>	39.16°	115.36°	103	西北
FJZH25~26	福建省南平市政和县杨源乡	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	27.16°	119.02°	519	华东
FJFZ27	福建省福州市鼓岭旅游度假区	1	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	26.06°	119.40°	789	华东
SXLT28	陕西省西安市临潼区斜口街道	1	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	34.36°	109.19°	454	西北
HNAH29~32	湖南省益阳市安化县江南镇	4	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	28.35°	111.43°	149	华中
SCBZ33~34	四川省巴中市南江县南江镇	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	31.25°	106.45°	441	西南
GZTR35~36	贵州省铜仁市印江自治县杨柳镇	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	27.74°	108.49°	1394	西南
YN DG37~40	云南省昭通市大关县翠华镇	4	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	27.75°	103.89°	2611	西南
AHQM41~42	安徽省黄山市祁门县芦溪乡	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	29.68°	117.57°	487	华东
JXWY43~44	江西省上饶市婺源县珍珠山乡	2	多花黄精 <i>P. cyrtonema</i>	29.19°	117.51°	183	华东
YNPE45~47	云南省普洱市镇沅自治县者东镇	3	滇黄精 <i>P. kingianum</i>	24.00°	101.30°	1280	西南

1.2 DNA提取

将150~450 mg叶片于液氮下研成粉末,采用杭州莱枫生物科技有限公司的 plant DNAzol 试剂,逐一提取DNA后用核酸蛋白分析仪测定其质量浓度及质量分数,均稀释至20 mg·L⁻¹,于-20℃保存待用。

1.3 SRAP-PCR扩增

PCR反应体系参照文献[16]。具体为:12.5 μL 2×预混型 *Taq* 酶,1.0 μL 浓度为10 mmol·L⁻¹的引物,模板DNA 40~60 ng,补水至25.0 μL。扩增程序为:预变性94℃ 5 min;变性94℃ 30 s,退火52℃ 30 s,延伸72℃ 2 min,35个循环后结束。72℃延伸7 min,4℃保存。电泳方法:反应产物5.0 μL,质量分数为1.2%聚丙烯酰胺凝胶电泳,5×TBE缓冲液,150 V跑胶40 min,结束后凝胶成像系统拍照留存。

1.4 数据分析

由SRAP-PCR电泳结果获得0/1矩阵。使用PopGene version 1.32进行数据分析,计算多态位点百分率(PPB)、等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Nei's基因多样性指数(H)、Shannon's多态性信息指数(I)、Nei's基因分化系数(G_{st})、居群总基因多样性(H_t)、居群内基因多样性(H_s)、基因流(N_m);使用Ntsys-PC 2.1进行非加权组平均法(UPGMA)聚类分析。

2 结果与分析

2.1 SRAP-PCR结果

88对SRAP引物中筛选出7对扩增条带清晰且多态性明显的SRAP引物。引物序列见表2。47份样

品共检测到 159 条扩增条带，其中 140 条为多态性条带，PPB 为 88.05%。引物 ME4/em3 扩增条带数最多，但其多态率最低，为 68.29%。而引物 ME5/em9、ME6/em4 两者多态性条带数与扩增条带数量一致，多态率为 100.00%(表 3，图 1)。

表 2 SRAP 引物序列

引物名称	ME引物序列(5'→3')	em引物序列(5'→3')
ME2/em9	TGAGTCCAAACCGGAGC	GACTGCGTACGAATTCGA
ME4/em3	TGAGTCCAAACCGGACC	GACTGCGTACGAATTCGAC
ME4/em11	TGAGTCCAAACCGGACC	GACTGCGTACGAATTCCA
ME5/em9	TGAGTCCAAACCGGAAG	GACTGCGTACGAATTCGA
ME6/em4	TGAGTCCAAACCGGTAA	GACTGCGTACGAATTTGA
ME8/em4	TGAGTCCAAACCGGTGC	GACTGCGTACGAATTTGA
ME8/em9	TGAGTCCAAACCGGTGC	GACTGCGTACGAATTCGA

表 3 SRAP 引物组合的扩增结果

引物名称	扩增条带数/条	多态性条带数/条	PPB/%	条带大小/bp
ME2/em9	23	23	100.00	100~2 000
ME4/em3	41	28	68.29	100~2 000
ME4/em11	17	16	94.12	100~2 000
ME5/em9	19	19	100.00	100~2 000
ME6/em4	19	19	100.00	100~2 000
ME8/em4	17	14	82.35	100~2 000
ME8/em9	23	21	91.30	100~2 000
总计	159	140	88.05	

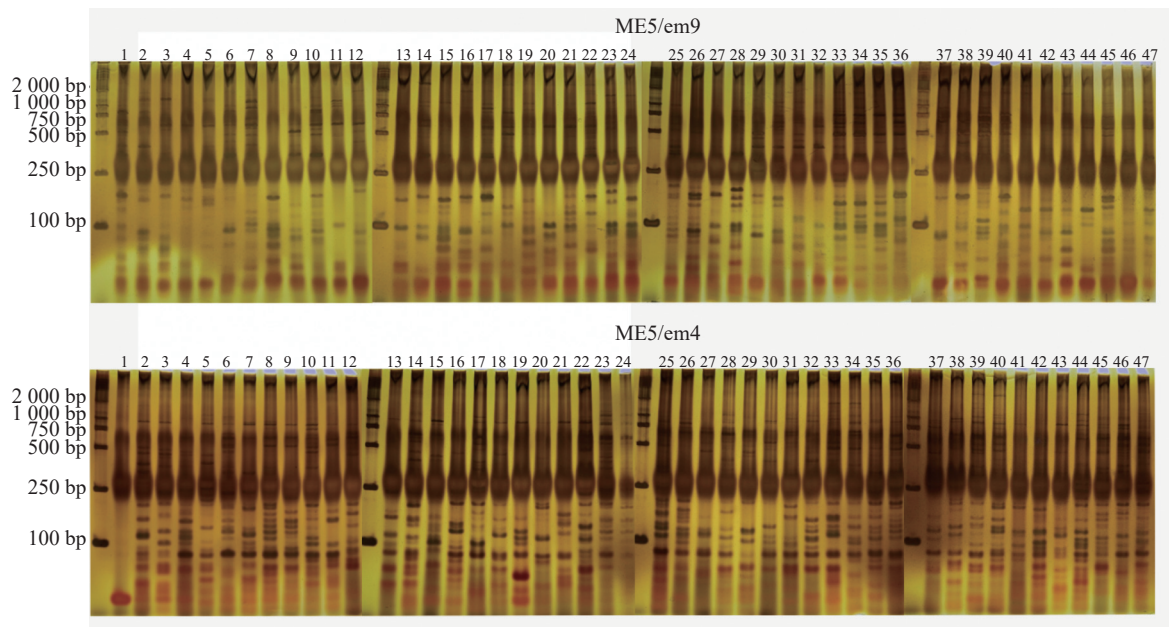


图 1 引物 ME5/em9 和 ME6/em4 对 47 份黄精种质资源总 DNA 的扩增结果

Figure 1 Amplification results of total DNA based on primer ME5/em9 and ME6/em4 from 47 samples of *Polygonatum* spp.

2.2 遗传多样性分析

物种水平上黄精 PPB 为 88.05%， H 为 $0.259\ 8 \pm 0.166\ 9$ ， I 为 $0.401\ 0 \pm 0.227\ 2$ (表 4)，表明黄精有较高的遗传多样性和遗传变异度。居群水平上， N_a 为 $1.421\ 4 \sim 1.861\ 6$ ，平均值为 $1.600\ 6$ ； N_e 为 $1.276\ 1 \sim 1.421\ 2$ ，平均值为 $1.343\ 6$ ； H 为 $0.188\ 1 \sim 0.259\ 1$ ，平均值为 $0.204\ 1$ ； I 为 $0.238\ 2 \sim 0.399\ 4$ ，平均值为 $0.308\ 0$ ；PPB 为 $42.14\% \sim 86.16\%$ (表 4)，从高到低依次是华东居群、西南居群、华中居群、西北居群，表明华东居群遗传多样性丰富，遗传变异度较高。4 个黄精居群之间的 H_t 为 $0.253\ 3 \pm 0.029\ 4$ ， H_s 为 $0.204\ 1 \pm 0.020\ 1$ ，基因分化系数 G_{st} 为 $0.194\ 1$ ，即居群间遗传变异占居群遗传变异的 19.41%，80.59% 的遗传变异在居群内进行；种群间的遗传分化系数基因流 N_m 为 $2.075\ 4$ ，表明居群间存在一定的基因流动。

2.3 聚类分析

对样品个体进行聚类分析 (图 2)，47 份黄精种质资源的遗传相似系数为 $0.63 \sim 0.84$ 。当相似系数为 0.63 ，浙江泰顺种质资源单独聚为一类，表明此种质资源与其他黄精种质资源的遗传距离较远。当相似系数为 0.66 ，聚为 4 类，I、III、IV 类为浙江部分种质资源单独聚类，表明这些地区的黄精种质资源在亲缘关系上比较接近，可能与引种有关。当相似系数为 0.68 时，II 类分聚为 2 支，华东地区的安徽、江

表4 黄精居群遗传多样性

Table 4 Genetic diversity of *Polygonatum* spp.

居群	N_a	N_e	H	I	PPB/%
华东(HD)	1.861 6±0.346 4	1.421 2±0.325 1	0.259 1±0.167 1	0.399 4±0.229 1	86.16
西北(XB)	1.421 4±0.495 3	1.276 1±0.366 2	0.160 6±0.198 4	0.238 2±0.287 6	42.14
华中(HZ)	1.522 0±0.500 1	1.318 2±0.363 8	0.188 1±0.197 1	0.281 9±0.285 0	52.20
西南(XN)	1.597 5±0.492 0	1.358 8±0.381 1	0.208 7±0.201 3	0.312 3±0.286 0	59.75
居群水平	1.600 6	1.343 6	0.204 1	0.308 0	60.06
物种水平	1.880 5±0.325 4	1.422 6±0.325 7	0.259 8±0.166 9	0.401 0±0.227 2	88.05

说明：华东种质资源数29个；西北种质资源数3个；华中种质资源数4个；西南种质资源数11个。

西与浙江龙泉、庆元、松阳部分种质资源以及少数华中居群聚为一支，另一支为华东地区的浙江景宁、庆元和松阳部分种质资源与多数华中、西南、西北居群聚类，西北居群与西南居群虽然地理差异大，但黄精种质资源之间的遗传距离相差并不大，种质资源之间亲缘关系较近，可能与黄精引种栽培有关。庆元地区是黄精种植开始较早的地方，因此种质引进种植比较多样，所以采集数量最多。由图2可以看出，庆元7份种质资源分别聚为4类：ZJQY8和ZJQY13与ZJSY15、ZJLQ18~20、AHQM41~42、JXWY43~44以及HNAH32聚为一类；ZJQY11与ZJYQ7聚为一类；ZJQY14与ZJCA2~3、ZJOH6聚为一类；ZJQY9~10和ZJQY12与部分华东、华中以及西北、西南种质资源聚为一大类，遗传多样性丰富。

对4个居群的种质资源进行聚类，遗传相似系数为0.90~0.97(图3)。相似系数为0.90时，可分为2类，华东居群、西南居群与华中居群聚为一类，西北居群单独为一类。

3 讨论

遗传多样性是生物多样性的核心，是物种保持进化潜能的基本条件，也是优良品种选育的主要依据^[17]。本研究采用SRAP分子标记技术对47份黄精种质资源进行分析，多态性比率为88.05%，表明黄精遗传多样性丰富，其中华东居群遗传多样性相对其他地区更丰富一些。推测有2种原因：一是与地区采样量有关，二是华东地区黄精种质资源以多花黄精为主。多花黄精遗传多样性高于黄精^[18]。相对于SRAP分子标记方法，使用ISSR方法，对福建多花黄精与长梗黄精多态性比率可达100%，使用SCoT分子标记技术，多态性比率可达为99.6%^[12-13]。从多态位点来看，另外2种标记方法优于SRAP技术。物种或者居群的遗传多样性越高，对环境变化的适应能力就越强。在本研究中，华东居群整体上遗传多样性高，与朱巧等^[19]的研究结果相反。他们对60份黄精种质资源进行SSR分子标记分析，其结果为西部地区黄精种质资源遗传多样性最高，与黄精属起源中心为西南地区染色体基数较高有关，但结合居群聚类结果，华东与西南遗传相似系数最近，且聚为一类。这可能是由于黄精自西南引种之后，在华东地区对环境变化的适应力较强，保留了一定的遗传多样性，所以华东地区在黄精遗传多样性保护以及优良品种选育方面有一定的地理优势，可充分利用以促进

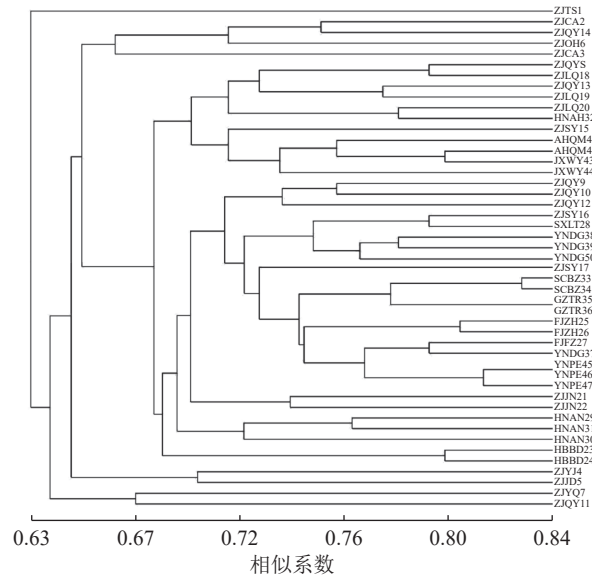


图2 基于SRAP的黄精种质资源UPGMA分析聚类图

Figure 2 UPGMA dendrogram of *Polygonatum* spp. based on SRAP



图3 基于SRAP的黄精居群UPGMA分析聚类图

Figure 3 UPGMA dendrogram of *Polygonatum* spp. populations based on SRAP

黄精产业高质量发展。

遗传分化是指遗传多样性在居群内和居群间的分布^[20]。本研究 47 份黄精资源的 G_{st} 为 0.194 1, 表明 80.59% 的遗传分化发生在居群内, 19.41% 的遗传分化存在于居群间, 居群内有较高的遗传分化。这一结果与籍蓉蓉^[21]对安徽省多花黄精遗传变异研究结果一致, 居群内变异要大于居群间变异。基因流大于 1 时, 表明居群间有一定程度的基因交流。本研究中黄精基因流 N_m 为 2.075 4, 表明不同居群间存在一定的基因交流。黄精可自花授粉, 也可借助昆虫等媒介进行异花授粉。对各种质资源的聚类分析发现: 华东居群有较高的遗传多样性, 这可能与引种其他地区黄精种质资源有关, 引种在同一地区增加了不同居群间的基因交流, 从而提高了黄精遗传多样性。

遗传距离能判断种质资源间遗传关系远近。云南普洱和贵州铜仁采集的黄精种质资源都有最小的遗传距离, 遗传相似度高, 亲缘关系较近, 与刘新等^[22]研究结果一致, 相同或相近地区种质资源基本聚在一起, 可能与黄精无性繁殖有关。浙江庆元黄精种质资源则不同, 遗传距离远近不一, 具有复杂的亲缘关系, 这与庆元地区为早期种植黄精的地区, 种质资源引进种植多样有关。浙江一带黄精种质资源有较为复杂的亲缘关系, 这种复杂性增加了黄精的遗传多样性。浙江一带引种栽培较多, 为各种质资源之间遗传交流提供基础, 有助于优质黄精品种选育。

4 参考文献

- [1] 王雨婷, 刘婉滢, 沈舶宁, 等. 黄精的本草考证[J]. 中医药学报, 2019, 47(3): 81 – 86.
WANG Yuting, LIU Wanying, SHEN Boning, et al. Textual research of *Polygonatum sibiricum* [J]. *Acta Chinese Medicine and Pharmacology*, 2019, 47(3): 81 – 86.
- [2] 杨迎, 侯婷婷, 王威, 等. 黄精多糖的药理作用研究进展[J]. 现代药物与临床, 2022, 37(3): 659 – 665.
YANG Ying, HOU Tingting, WANG Wei, et al. Research progress on pharmacological effects of polysaccharides from *Polygonati rhizoma* [J]. *Drugs & Clinic*, 2022, 37(3): 659 – 665.
- [3] 刘京晶, 斯金平. 黄精本草考证与启迪[J]. 中国中药杂志, 2018, 43(3): 631 – 636.
LIU Jingjing, SI Jinping. Herbal textual research on Chinese medicine ‘Huangjing’ (*Polygonati rhizoma*) and some enlightenments [J]. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2018, 43(3): 631 – 636.
- [4] CUI Xiaowei, WANG Shiyuan, CAO Hui, et al. A review: the bioactivities and pharmacological applications of *Polygonatum sibiricum* polysaccharides [J/OL]. *Molecules*, 2018, 23(5): 1170[2022-05-28]. doi: 10.3390/molecules 23051170.
- [5] 张月琴, 王紫薇, 叶文峰. 黄精应用开发现状[J]. 当代化工研究, 2020(22): 133 – 134.
ZHANG Yueqin, WANG Ziwei, YE Wenfeng. Application and development status of *Polygonatum sibiricum* [J]. *Modern Chemical Research*, 2020(22): 133 – 134.
- [6] 郑玲艳, 马小龙, 孙艺琦. 药食同源黄精的资源分布与开发应用现状[J]. 浙江农业科学, 2022, 63(8): 1679 – 1684.
ZHENG Lingyan, MA Xiaolong, SUN Yiqi. Resource distribution and application status of medicine food homology *Polygonati rhizoma* [J]. *Journal of Zhejiang Agricultural Sciences*, 2022, 63(8): 1679 – 1684.
- [7] 崔阔澍, 肖特, 李慧萍, 等. 我国黄精种质资源研究进展[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(11): 35 – 39.
CUI Kuoshu, XIAO Te, LI Huiping, et al. Research progress of China’s *Polygonatum* germplasm resources [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2021, 49(11): 35 – 39.
- [8] 叶钱, 蒋燕锋, 冯家骏, 等. 多花黄精有效成分与主要环境因子的相关性[J]. 浙江农林大学学报, 2017, 34(1): 192 – 196.
YE Qian, JIANG Yanfeng, FENG Jiajun, et al. Correlation between environmental factors and active constituents of *Polygonatum cyrtonea* [J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2017, 34(1): 192 – 196.
- [9] 李嘉惠, 欧晓华, 刘晓莹, 等. 基于SRAP分子标记的何首乌种质遗传多样性和群体结构研究[J]. 中草药, 2022, 53(7): 2115 – 2124.
LI Jiahui, OU Xiaohua, LIU Xiaoying, et al. Genetic diversity and population structure of *Polygonum multiflorum* germplasm based on SRAP molecular markers [J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2022, 53(7): 2115 – 2124.
- [10] 杨柳燕, 杨贞, 蔡友铭, 等. SRAP分子标记在铁皮石斛后代品种鉴定中的应用[J]. 分子植物育种, 2018, 16(17): 5690 – 5695.

- YANG Liuyan, YANG Zhen, CAI Youming, *et al.* Application of SRAP markers in offspring identification of *Dendrobium officinale* [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2018, **16**(17): 5690 – 5695.
- [11] 王世强, 王立儒, 刘帅, 等. 基于SSR标记的黄精品种(系)DNA指纹图谱库构建[J]. 分子植物育种, 2018, **16**(6): 1878 – 1887.
- WANG Shiqiang, WANG Liru, LIU Shuai, *et al.* Construction of DNA fingerprint database based on SSR markers for *Polygonatum* varieties (lines) [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2018, **16**(6): 1878 – 1887.
- [12] 刘跃钧, 张媛, 蒋燕锋, 等. 黄精种质资源遗传多样性研究[J]. 浙江农林大学学报, 2016, **33**(6): 1085 – 1091.
- LIU Yuejun, ZHANG Yuan, JIANG Yanfeng, *et al.* Genetic diversity of *Polygonatum* germplasm [J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2016, **33**(6): 1085 – 1091.
- [13] 徐惠龙, 汪英俊, 陈鸣, 等. 基于ISSR标记的福建省多花黄精与长梗黄精种质鉴别及遗传多样性分析[J]. 福建农业学报, 2017, **32**(6): 619 – 624.
- XU Huilong, WANG Yingjun, CHEN Ming, *et al.* Identification and genetic diversity of *Polygonatum cyrtoneuma* Hua and *P. filipes* Merr. based on ISSR marker [J]. *Fujian Journal of Agricultural Sciences*, 2017, **32**(6): 619 – 624.
- [14] 丛悦, 李莉, 关佳莉, 等. 基于叶绿体基因序列黄精和多花黄精遗传多样性分析[J]. 现代中药研究与实践, 2021, **35**(3): 12 – 15.
- CONG Yue, LI Li, GUAN Jiali, *et al.* Genetic diversity analysis of *Polygonatum* by chloroplast gene sequence [J]. *Research and Practice on Chinese Medicines*, 2021, **35**(3): 12 – 15.
- [15] LI G, QUIROS C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, **103**: 455 – 461.
- [16] 姜武, 吴志刚, 陶正明, 等. 基于ISSR和SRAP标记的栀子种质遗传多样性研究[J]. 中草药, 2019, **50**(2): 510 – 516.
- JIANG Wu, WU Zhigang, TAO Zhengming, *et al.* Genetic diversity analysis of *Gardenia jasminoides* based on ISSR and SRAP molecular markers [J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2019, **50**(2): 510 – 516.
- [17] ZHANG Fei, GE Yaying, WANG Weiyong, *et al.* Genetic diversity and population structure of cultivated bromeliad accessions assessed by SRAP markers [J]. *Scientia Horticulturae*, 2012, **141**: 1 – 6.
- [18] 张恒庆, 贾鑫, 刘华健, 等. 大连地区黄精与多花黄精遗传多样性的ISSR比较分析[J]. 辽宁师范大学学报(自然科学版), 2018, **41**(2): 233 – 238.
- ZHANG Hengqing, JIA Xin, LIU Huajian, *et al.* Comparison and analysis of ISSR marker for genetic diversity of *Polygonatum sibiricum* and *Polygonatum cyrtoneuma* Hua in Dalian area [J]. *Journal of Liaoning Normal University (Natural Science Edition)*, 2018, **41**(2): 233 – 238.
- [19] 朱巧, 邓欣, 张树冰, 等. 黄精属6种植物的SSR遗传差异分析[J]. 中国中药杂志, 2018, **43**(14): 2935 – 2943.
- ZHU Qiao, DENG Xin, ZHANG Shubing, *et al.* Genetic diversity of 6 species in *Polygonatum* by SSR marker [J]. *China Journal of Chinese Materia Medica*, 2018, **43**(14): 2935 – 2943.
- [20] 姜武, 吴时武, 吴志刚, 等. 基于SRAP分子标记技术研究浙产栀子遗传多样性[J]. 浙江农业学报, 2019, **31**(3): 408 – 413.
- JIANG Wu, WU Shiwu, WU Zhigang, *et al.* Genetic diversity of *Gardenia jasminoides* in Zhejiang based on SRAP molecular markers technique [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2019, **31**(3): 408 – 413.
- [21] 籍蓉蓉. 安徽省多花黄精的遗传多样性及分布格局研究[D]. 芜湖: 安徽师范大学, 2020.
- JI Rongrong. *Study on Genetic Diversity and Distribution Structure of Polygonatum cyrtoneuma in Anhui Province* [D]. Wuhu: Anhui Normal University, 2020.
- [22] 刘新, 斯金平, 段承俐, 等. 多花黄精遗传多样性和遗传变异规律研究[J]. 中草药, 2020, **51**(10): 2835 – 2841.
- LIU Xin, SI Jinping, DUAN Chengli, *et al.* Study on genetic diversity and genetic variation of *Polygonatum cyrtoneuma* [J]. *Chinese Traditional and Herbal Drugs*, 2020, **51**(10): 2835 – 2841.