

文章编号:1001—7380(2024)05—0042—06

白木香种质资源遗传多样性研究进展

李 斌,杨小丽,韩苗怡,陈飞飞,黄川腾,林 玲,董晓娜*

(海南省林业科学研究院,海南省红树林研究院,海南 海口 571000)

摘要:白木香是瑞香科(Thymelaeaceae)沉香属(*Aquilaria*)常绿乔木,其树体在受到外部伤害后可产生具有特殊油脂的“沉香”。长期以来人类掠夺性采伐及白木香野生树种生境被破坏,导致野生资源减少,自然种群更新减缓,种质资源的多样性和可持续发展受到极大威胁。该文从白木香形态多样性、细胞学(包含染色体和核型)、生化分析(同工酶)、生理生化指标及分子标记等方面进行细致系统的分析,并对白木香种质遗传多样性的研究提出建议,以期对白木香品种的培育,种质资源开发、利用和保护提供理论基础。

关键词:白木香;沉香;种质资源;遗传多样性

中图分类号:Q949.761.1;S794.9

文献标志码:A

doi:10.3969/j.issn.1001-7380.2024.05.008

Review of research on genetic diversity of *Aquilaria sinensis*

Li Bin, Yang Xiaoli, Han Miaoyi, Chen Feifei, Huang Chuanteng, Lin Ling, Dong Xiaona*

(Hainan Academy of Forestry Sciences, Hainan Mangrove Research Institute, Haikou 571000, China)

Abstract: *Aquilaria sinensis* (Lour.) Spreng, an evergreen tree of Genus *Aquilaria* in Family Thymelaeaceae, can produce ‘agarwood’ with special oils after being externally damaged. For a long time, human predatory logging has destroyed the habitat of wild species of *Aquilaria* and reduced the wild resources, slowed down the renewal of the natural population, and the diversity and sustainable development of germplasm resources were greatly threatened. In this article, research was reviewed on morphological characteristic, morphological diversity, cytology research (including chromosomes and karyotype), biochemical analysis (isoenzymes), physiological and biochemical indicators and molecular markers of *A. sinensis*. Some suggestions on the study of genetic diversity were put forward, especially genome sequencing of *A. sinensis* and the specific breeding of molecular markers should be strengthened. The main purpose of the review could provide a theoretical basis for the cultivation of varieties, the protection, development and sustainable utilization of germplasm resources.

Key words: *Aquilaria sinensis*; Ararwood; Germplasm resources; Genetic diversity

全世界沉香属约有22种,主要分布于不丹、印度(东北部)、柬埔寨、泰国、老挝等亚洲国家和地区。我国有白木香(土沉香)[*Aquilaria sinensis* (Lour.) Spreng]和云南沉香(*A. yunnanensis* S. C. Huang)2种^[1]。白木香,瑞香科(Thymelaeaceae)沉香属(*Aquilaria*)常绿乔木,又名土沉香,俗称女儿香、莞香、牙香树、崖香等,其结香后的“沉香”材为珍贵的香料和药材,台湾和海南的天然沉香质量最

佳,香港亦因转运沉香而得名^[2]。野生白木香自然分布于广东、广西、海南、云南、香港及澳门等地,台湾、福建、四川金沙江等地有人工栽培^[3]。白木香是我国特有珍贵药用植物,喜湿润、耐干旱,对土壤要求不高,在酸性的砂质壤土、黄壤土和红壤土上均生长良好。白木香濒危由人为因素造成,长期以来人类掠夺性采伐,白木香野生树种生境遭受破坏,导致野生资源减少,自然种群更新减缓,2010年

收稿日期:2024-08-02;修回日期:2024-09-07

基金项目:海南省省属科研院所技术创新项目“3种热带林木种质低温保存关键技术研究”(KYYSLK2023-011)

作者简介:李 斌(1986-),男,湖南宁乡人,工程师。主要从事森林资源调查与设计、林业产业规划发展和珍贵树种经营技术研究等。

*通信作者:董晓娜(1984-),女,山西运城人,高级工程师,硕士。主要从事海南珍贵用材树种种质资源培育、保存,木材结构鉴定。

E-mail:893035656@qq.com

被《濒危野生动植物种国际贸易公约》(CITES)附录Ⅱ收录,列入《世界自然保护联盟濒危物种红色名录》(IUCN red list of threatened species),同时列入《国家重点保护野生植物名录》《中国珍稀濒危植物名录》和《中国生物多样性红色名录-高等植物卷》(易危级别)^[4]。

白木香树种在遭受雷劈、火烧、真菌侵染、蚊虫啃食等伤害后,会分泌出有特殊香气的油脂,该油脂与木质素等结合,被称为“沉香”^[5],白木香是《中华人民共和国药典》中沉香药材唯一基源植物^[6]。白木香现为海南省推广种植的树种之一,在海南、广东等地均产业化大规模推广种植,而其种质多为早期野生白木香种子培育,基源种苗并未经过系统筛选,广泛栽培的白木香品种混合、种质参差不齐,筛选培育具有易结香、品质良、产量高特质的白木香品种是选育和推广白木香种苗的首要工作,白木香种质资源研究工作亟待加强。

遗传多样性是生物多样性的的重要组成部分,是研究生态系统多样性和物种多样性的基础。遗传多样性分为狭义的遗传多样性,通常指种内或种间、个体之间;而广义的遗传多样性,指全体生物所携带的遗传信息。检测遗传多样性的方法也从形态学、细胞学(染色体)、生理生化发展为分子

水平,但是任何一种检测方法都存在各自优缺点^[7]。近年来,学者们在白木香种质资源多样性方面进行了大量研究,取得一定成果。但种质资源缺少科学系统的研究、整理,种子混杂的问题并未彻底解决,亟需构建评价体系。种质资源遗传多样性是种质资源保存、培育和种质资源鉴定的首要条件,深入研究白木香的遗传性状,对于新品种的开发,种质资源的可持续利用具有重要意义。本文从白木香种质资源的形态学、细胞学、生理生化和分子标记方面对白木香种质资源遗传多样性进行归纳总结,以期对白木香种质资源发展和可持续利用提供参考。

1 基于形态水平的遗传多样性研究

植物的外在表型性状,即植物的树型、茎干、叶片、果实、花期、种子等形态学特征,可最直观地表现植株差异。形态学研究是种质资源研究的重要方法,其受生长环境、遗传物质等共同作用,一般通过形态标记进行研究^[8-9]。近年来,很多研究者通过对不同种质白木香树型、叶片、果实、种子形态等多个形态学指标做了大量研究,研究结果表明不同种质间叶片、果实、种子形态大小有明显差异(见表1)。

表 1 白木香不同表型

表型	叶型	叶尖	叶尾	果实	树冠	海拔
大叶型	多数椭圆形、阔椭圆形,少数倒卵形,长 3.3—11.5 cm,宽 1.2—5.9 cm	顶端渐尖或钝	钝圆	大,球形、扁倒卵形,长 3.2—4.3 cm,宽 1.5—2.4 cm,顶部钝圆,基部略扁而短	披散	低中海拔(145—773 m)
中叶型 (倒卵叶型)	倒卵形、长圆形,倒卵形较多,微褶皱,长 4.3—8.6 cm,宽 1.7—4.2 cm	顶端渐尖,有时尾状渐尖,尾尖可达 2 cm	渐狭	较大,圆球形。长 3.0—4.3 cm,宽 1.8—2.2 cm,顶部钝圆,基部细圆	披散	低海拔(20 m)—高海拔(1 200 m)
小叶型	小,狭椭圆形、倒披针形,长 2.2—6.4 cm,宽 0.6—1.5 cm	叶片顶端急尖/尾尖	楔形	小,扁倒卵形,长 3.6—4.3 cm,宽 1.8—2.2 cm,顶部略尖,基部扁而长	树冠小、枝条向上、树冠收拢	低海拔(20—240 m),较贫瘠
过渡型	介于大叶、小叶之间				披散	

1.1 叶片

大多数研究者、沉香种植户根据白木香叶片形态特征,将白木香分为大叶型、中叶型、小叶型^[10],亦有部分研究者根据白木香叶片和树型特征,将白木香种质进一步细化为大叶型、倒卵叶型(中叶型)、小叶型和过渡型^[11]。叶片形态指标比较多采用叶片长、宽,叶柄长,叶厚等,研究表明,大叶型的叶长、宽最大,倒卵叶型、过渡型居中,小叶型最小;叶片厚度为过渡型最大,大叶型、倒卵叶型居中;而

大叶型、小叶型叶柄长反而最小,倒卵叶型最大。

1.2 叶下表皮

不同叶型白木香,叶下表皮细胞数量、气孔器形状等略有差别。白木香叶片下表皮气孔轴式有不定式和不等式两种。不同叶型白木香叶下表皮细胞基本一致,多呈多角形,但大叶种型白木香叶下表皮以不定式为主,副卫细胞 3—5 个,以 5 个居多,气孔器多呈长圆形,保卫细胞隆起,周围表皮细胞表面有角状附着物,气孔器密度 158.5 个/mm²;

中叶种型副卫细胞个数亦以 5 个居多,但副卫细胞个数为 4—5,气孔器周围平滑,无附着物,气孔器密度 152.8 个/mm^2 ,略少于大叶种型;小叶种型以不等式为主,副卫细胞个数略少,以 4 个最为常见,细胞个数 4—6,6 个偶见,气孔器形状偏圆形,保卫细胞凹陷,周围平滑,气孔器密度可达 228.1 个/mm^2 [10]。

1.3 蒴果/种子

白木香种子为蒴果,内多有种子 2 粒,亦有 1 粒或 3 粒情况,蒴果性状指标多采用蒴果长、宽、长宽比,其中蒴果长宽比差异更大,且蒴果形态与叶片形态具有相关性,蒴果宽变化规律与叶片规律类似,二者可以结合作为形态区别指标。

小叶型种子较其他叶型种子小而且轻,但长、宽均为最大,大叶型和倒卵叶型的种子附属物最大,且倒卵叶型种子千粒重最大。

现有研究表明,不同种质间白木香叶片表型确有明显差异 [12],用形态特征检测种质遗传变异方便快捷,但是叶片表型选取何种数量性状作为评判标准尚有争议 [13],叶片表型受环境因素影响较大,如海拔、气温、降雨量、光照强度等差异,均可影响叶片性状。叶片差异是否可以作为单一因素来区分种质,还是和果实、种子形态结合或采用分子标记方式尚需确定。变异白木香不同表型种质所形成的“沉香”药材品质是否存在差异,亦有待进一步研究。

2 基于细胞学标记的遗传多样性研究

细胞学标记研究多包括染色体数量、核型、带型、减数分裂等,白木香细胞学标记研究主要集中于白木香核型及带型分析。白木香染色体核型与 C—带带型研究,多采用常规压片法和改良 BSG 法 [14-16]。染色体取样可选择在晴天上午 9—10 时为宜,茎尖可采用秋水仙素预处理 2 h 或风油精预处理效果较好。植物染色体核型是由对称向不对称进化的,目前研究发现,白木香的核型有 2A 和 2B 两种类型,印度沉香 (*A. agallocha* Roxb.) 的核型相较白木香对称,故白木香核型较印度沉香进化程度高,而小叶型白木香相较其他叶型白木香较为原始。黄崇才 [11] 发现广东中医药大学校区小叶型白木香核型为 2A 型,核型公式为 $2n = 10 m + 4 sm + 2 st$;而广西南宁、广东茂名、海南屯昌等地 3 个居群染色体核型均为 2B 型, Giemsa C—带带型为 CIT

型,且 3 个居群白木香 C—带的分布、数目和类型不完全一样,其中广西居群核型公式为 $2n = 4 m + 8 sm + 4 st$;其他 2 个居群白木香的核型公式为 $2n = 16 = 6 m + 6 sm + 4 st$ [15-16]。

细胞学标记与形态特征不同,其不受环境因素的影响,但细胞学标记的研究对染色体切片制作的要求较高及标记的数量有限,对于染色体内部所有基因的变化无法准确观测。对同一居群的不同个体,采用单一细胞学标记无法准确识别。

3 基于生化标记的等位酶遗传多样性研究

等位酶是不同等位基因所编码的同工酶,是一种有效的、稳定的遗传标记分析方法,多通过电泳方式检测、分析研究不同居群等位酶的多态性来研究遗传多样性。黄崇才 [11] 采用聚丙烯酰胺凝胶电泳分析比较广东茂名电白沉香 GAP (Good Agricultural Practice) 种植基地 4 种不同叶片表型(大叶型、倒卵叶型、小叶型、过渡类型)的白木香的过氧化物酶(POD)和苹果酸脱氢酶(MDH)酶体系发现,白木香过氧化物酶等位酶有 5 个等位基因,其中 POD-4 位点差异最显著。

生化标记因同工酶、等位酶所要求的技术条件高,标记数量少、染色方法和电泳技术困难等问题,早期开展的相关研究并不多,现在也基本无相关研究。

4 基于生理生化的遗传多样性研究

植物生长是植物内部与外界环境共同作用的结果,植物生理性状表达与植物表型性状相比,受外界干扰小,是植物内部不同基因调控更为直观的表达,可比植物表型更真实地反映植物多样性 [17-18]。

现研究结果表明不同白木香植株叶片化学成分、树皮纤维等有显著差异,且不同类型白木香结香难易程度略有差异。陈积优等 [19] 对不同叶型(大叶型、小叶型、椭圆叶型、过渡叶型)白木香叶片的 MDA、SOD、POD、CAT、可溶性糖和可溶性蛋白质含量等 6 项生理生化指标进行对比研究,结果表明不同叶型的可溶性糖含量差异显著;POD, CAT, SOD 无显著差异;MDA 含量仅 3 月过渡叶型与其他叶型有显著差异;可溶性蛋白含量 5 月时过渡叶型显著大于小叶型。李慧婷等 [20] 以海香 1 号、2 号、3 号

(认定良种),皮油种、大叶种和囊泡种(待审品种)6个种质白木香树干木材为研究对象,比对分析不同种质之间 pH、淀粉、可溶性糖、纤维素含量存在显著差异;可溶性蛋白含量无显著差异。根据白木香植株对黄野螟虫的抵抗程度不同,又可分为抗虫植株和感虫植株,陈彧等^[21]对黄野螟虫6种不同抵抗程度的植株叶片的挥发物质、差异代谢产物对比分析表明,感虫植株和抗虫植株的黄酮与黄酮醇生物合成、苯丙氨酸生物合成、苯丙氨酸代谢、酪氨酸代谢和异喹啉生物碱生物合成通路不同,感虫植株的诱虫成分较高、驱虫成分较低,抗虫植株的单宁酸含量、类黄酮含量最高,可溶性蛋白、可溶性糖含量最低。根据白木香结香难易程度分为易结香品种和普遍白木香,2014年市场上出现了100余种白木香易结香品种(奇楠沉香),这些易结香品种具有特有的化学型,叶片、木质部、韧皮部更有利于沉香形成^[22-23],且沉香形成途径与普通白木香不同。海南省现认定的13个白木香品种中有8个易结香品种(栽培奇楠沉香),栽培奇楠沉香的乙醇浸出物得率与野生奇楠沉香的相近,2-(2-苯乙基)色酮类化合物含量高、结构多样性低,倍半萜类化合物类型丰富,芳香小分子含量低^[24]。

目前白木香新品种还处于选择育种阶段,后续可根据植株的生理成分差异,定向筛选培育抗虫植株、易结香植株。

5 基于分子标记的遗传多样性研究

分子标记是目前采用的一种评价植物物种遗传多样性和种群结构的广泛手段,常用的分子标记方法有随机扩增多态性标记技术(RAPD)、扩增片段长度多态性标记技术(AFLP)、简单重复间序列标记技术(SSR)、核糖体DNA基因间隔序列标记技术(ITS)、相关序列扩增多态性标记技术(SRAP)等,关于沉香分子方面的研究较多,如采用SRAP标记分析土沉香遗传多样性^[25]、ISSR标记白木香种质资源的多样性^[26],其中ISSR标记研究多用于奇楠沉香种质多样性研究。白木香基因组DNA多采用改良CTAB法提取^[27],RNA提取较DNA提取困难,目前研究表明采用异硫氰酸胍-SDS法、Nor-gen试剂盒法可得到完整的高质量总RNA,其中Norgen试剂盒相对异硫氰酸胍-SDS法而言,操作简便,但试剂盒价格稍贵^[28]。

5.1 RAPD 标记

RAPD 是1990年由Williams发明的一种基于PCR的分子标记方法,是普及率最高的一种分子标记方法,该方法虽存在重复性、稳定性不高,不能鉴别杂合子、纯合子等缺点,但其优点在于操作简单、快捷、成本低、DNA用量少等。

目前关于采用RAPD分子标记法分析白木香种质资源遗传多样性的研究不多。邵敏等^[29]提出适用于白木香RAPD的最佳反应体系,即20 μL反应体系中,20 ng DNA为模板,随机引物浓度0.6 μmol/L,1.0 U Taq 酶,0.3—0.4 mmol/L dNTPS,1.5—2.0 mmol/L Mg²⁺。PCR反应条件为94℃,10 min;94℃,1 min;36℃,1 min;72℃,2 min;45个循环,72℃,8 min。野生型白木香和栽培品种的遗传多样性研究结果表明,大叶种型、中叶种型亲缘关系较近,与野生种亲缘关系较远^[30],奇楠沉香种质物种水平遗传多样性比居群水平高,遗传稳定性较高(0.85),居群间Gst 0.751,奇楠沉香种质居群内、居群间均存在遗传变异,但居群间变异远大于居群内^[31]。

5.2 AFLP 标记

AFLP 是基于PCR、RELP发展的一种DNA分子标记方法,该方法优点在于简单、高效且分辨率高、重复性好、多态检测能力高,缺点即成本较高、对技术要求高,模板反应不灵敏等。目前采用AFLP方法检测白木香的研究也较少。宴小霞等^[33]对海南省各市县29份白木香种质资源多样性研究表明,AFLP检测效率很高,3种引物扩增831条谱带中多态性条带744条,扩增率89.53%,以E-AAC/M-CTG引物扩增的多态性带百分率为98.08%。杨春勇等^[33]进一步对比了ISSR、AFLP两种分子标记法,结果表明AFLP标记相较ISSR,多态性位点检测效率更高(86.94%),高于ISSR(73.95%),可有效应用于白木香遗传多样性的分析,后续可深入开展该方面的研究。

5.3 ISSR 标记

ISSR 是由Zietkiewicz于1994年提出的一种基于SSR特点而发展的分子标记技术,具有适用性广、信息量大、稳定性、重复性好等特点,多用于濒危植物的遗传多样性分析。针对白木香遗传多样性研究,相较其他方法,此方法开展研究较多。白木香ISSR-PCR反应体系和程序可采用贾文杰等^[34]构建的方法,对白木香8个居群126个个体扩增结果表明,白木香遗传多样性居群水平较低,物种水

平遗传多样性较高,其中广东茂名居群的遗传性最高。张玉秀等^[35]以市场上常见的 4 种奇楠沉香(DNA 条形码鉴定为白木香)16 个居群为试验材料,ISSR 标记结果表明多态性程度 PPL(Percentage of polymorphic loci) 82.8%,遗传一致性高,遗传距离小(除 T41 外),居群间遗传分化程度大于居群内($G_{ST}=0.82$),推测可能目前市面上奇楠种质多通过嫁接方式繁育,造成同一居群遗传变异低。何梦玲等^[26]以广东、海南、云南 3 个省 14 个地区 232 份白木香叶片为试样,采用 ISSR 标记方法分析其遗传多样性,结果表明 14 个种群间存在高度遗传分化,种群间基因流动较弱($H=0.1127$, $G_{st}=0.5676$, $N_m=0.3810$)。

5.4 ITS 序列分析

ITS 是核糖体 DNA 的非编码转录区,位于 18S 和 26S 之间,因该序列具有种内多态性且进化速率较快,多用于种、亚种或居群间分析。白木香此方向研究不多。牛宪立等^[36]以广东珠海白木香叶片为试材,采用改良 CTAB 法提取 DNA 后,以 P1(5'-CGT AAC AAG GTT TTC GTA GGT GAA C -3'), P2(5'-TTA TTG ATA TGC TTA AAC TCA GCG GG-3'), P3(5'-GCT ACGTTC TTC ATC GAT-3') 和 C P4(5'-CCA TCG AGT CTT TGA ACG CAA-3') 为引物,对 ITS1 和 ITS2 进行扩增,并与广东白木香 rDNA ITS 序列比对,二者在 ITS1 区有 5 对碱基差异,ITS2 区有 1 对碱基差异,表明白木香不同植株 rDNA ITS 序列存在稳定、明显差异,可用于白木香遗传多样性分析。申彦晶等^[16]以 HY、DG、HG 等 9 个居群白木香叶片为试样,采用改良 CTAB 法提取 DNA,用 ISSR 扩增、ITS 标记技术,分析不同居群间遗传变异,ISSR 筛选扩增出多态性条带占比 60.0%,其中 IS-8 引物扩增条带的 820 bp 和 730 bp 处可为白木香居群共有,可作为特异性条带;1 460 bp 处是云南沉香特有。白木香 9 个居群共有 6 个变异位点,其中 ITS1 区有 5 个、ITS2 区有 1 个变异位点。

5.5 SRAP 分析

SRAP 是 2001 年由 Li、Quiros 提出的基于 PCR 的新分子标记技术,原理是利用引物对 ORFS 进行扩增,具有操作简单、高信息量、高重复性、测序容易、可靠性好,共显性高等特点,目前多应用于遗传图谱构建、基因定位研究等。白木香相关研究较少。邹枚伶等^[37]对模板 DNA、 Mg^{2+} 、dNTP、引物、Taq 酶等 5 个因素进行优化研究,获得适合白木香

的 SRAP 反应体系:50 ng DNA 模板,0.3 $\mu\text{mol/L}$ 引物,1.5 mmol/L Mg^{2+} ,0.4 mmol/L dNTP,1.0 U Taq DNA 聚合酶。蒋开彬等^[25]以广西(1)、广东(6)、海南(3)、云南(1)、越南(2)等地 13 个种源的沉香材料为试样,采用 SRAP 分子标记法分析各种源之间的遗传多样性,试验结果表明 13 个土沉香种群间存在中度的遗传多样性($G_{ST}=0.30$),其中 70% 遗传变异存在种群内,PPL 56.74%。

6 讨论与展望

种质资源遗传多样性研究起始于 19 世纪 20 年代,由早期(60 年代之前)的形态学和核型为主的细胞学标记研究开始,发展为等位酶、同工酶为主的生化标记研究,直至现在的分子标记为主。细胞学标记因操作复杂、准确性不高目前基本不开展;生化标记因同工酶等标记数量过少、染色方法和电泳技术困难,现开展的也不多^[38]。

白木香由于长期以来人为干扰破坏,种子易失活,植株天然更新能力差等因素导致野生资源匮乏,早期人工种植白木香因缺乏系统选育,种质资源参差不齐,导致沉香质量、品质不高,极大影响白木香种植收益。基于以上问题,开展白木香种质资源研究,可为白木香优良品种选育、探讨白木香遗传变异以及制定有效保护措施奠定基础。

6.1 深入调查研究种质资源

目前针对白木香种质资源研究,多集中在人工栽培种群,关于野生白木香资源研究较少。深入开展白木香遗传多样性研究,种质是关键,应加强沉香属白木香野生资源的调查、收集、研究,尽可能覆盖所有自然分布地和人工种植区域,系统开展分子鉴定,指纹图谱构建,建议可建立白木香种植资源保存圃,原地保存基地。

6.2 研究奇楠沉香与白木香遗传相关性

关于奇楠沉香,说法不一,部分研究者认为“奇楠”又称迦南,来源于梵文,是指沉香最高品质;另有学者认为奇楠沉香(*Aquilaria crassna* Pierre. /*A. agallocha* Roxb)是一种不同于白木香的树种,分布于柬埔寨、老挝、泰国等地^[39],我国早期引种种植;现奇楠沉香多指广东省茂名市电白区香农培育的“易结香”白木香品种,因该品种所产沉香与古籍记载的“奇楠”有相似之处而得名。笔者认为,确认奇楠沉香种质,对市场奇楠品种深入系统研究,更利于该品种的市场化推广应用。

6.3 建立种质资源核心种质库

目前国家大力开展种质资源的收集、利用,白木香作为国家二级保护植物,其在受损后所产生的沉香经济、药用价值极高,现有的白木香收集、保存工作多是人工种源的收集,应进一步扩大收集范围,特别是野生、半野生种质资源的收集,构建丰富、完整的种质资源库,并开展种质资源表型、分子数据收集,分析遗传多样性,构建核心种质资源库。

6.4 发掘有益基因,开展定向培育研究

仅基于形态特征,无法有效开展白木香群体遗传性研究,因形态学受环境因素,如海拔、气温、降雨量、光照强度等影响较大。植物生理生化特性较形态特征稳定,是内在基因差异的外在表现,而DNA分子标记不受环境影响,具有灵敏性好、准确性高的特点,可采用ISSR/ITS/SRAP标记法,将白木香形态表型分类、生理生化指标与分子生物技术有效结合,开展系统深入的研究。采用现有分子标记技术,分析白木香全组基因,进一步揭示白木香形态的遗传变异与分子水平遗传多样性的相关性,构建指纹图谱,挖掘沉香合成关键基因,揭示沉香形成机制,并对具有经济性状的基因定位分析,如抗病虫害性状、易结香性状,优良沉香品质性状等,开展优良品种定向选育,可为白木香的良种认定、DUS测定合理开发利用提供基因资源。

除此之外,还可利用新的标记技术,基于转录组、基因组、测序技术等,建立种质资源条形码数据库,为日后白木香种质资源的追踪、分类鉴定提供技术支撑。

参考文献:

- [1] YIN Y, JIAO L, DONG M, et al. Wood resources, identification, and utilization of agarwood in China[J]. Springer Singapore, 2016: 21-38.
- [2] 李锦开, 李振纪. 中国木本药材与广东特产药材[M]. 北京: 中国医药科技出版社, 1994: 110.
- [3] 李林海, 寿海洋, 马清温. 土沉香(瑞香科)的地理分布研究[J]. 安徽农业科学, 2012, 40(17): 9254-9256.
- [4] MOHAMED R. The origin and domestication of *Aquilaria*, an important agarwood-producing genus[J]. Springer Singapore, 2016, 10: 978-981.
- [5] SAIKIA P, KHAN M L. *Aquilaria malaccensis* Lam. a Red-listed and highly exploited tree species in the Assamese home garden[J]. Current Science, 2012, 102(4): 546-547.
- [6] 陈树思, 唐为萍. 白木香资源的开发利用[J]. 韩山师范学院学报, 2003, 24(3): 65-68.
- [7] 胡守荣, 夏 铭, 郭长英, 等. 林木遗传多样性研究方法概况[J]. 东北林业大学学报, 2001, 29(3): 72-75.
- [8] 陈志晖, 陈京锐, 韦素娟, 等. 沉香属植物的遗传多样性及分子鉴定研究进展[J]. 广东农业科学, 2024, 51(5): 81-92.
- [9] 张旭丽, 冯晓敏, 李鑫磊, 等. 黄芩种质资源遗传多样性研究进展[J/OL]. 分子植物育种: 1-20[2024-9-03]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.s.20230421.1905.018.html>.
- [10] 吴 蔓, 刘军民, 潘超美, 等. 白木香不同种质类型的形态多样性研究[J]. 吉林中医药, 2012, 32(3): 290-292.
- [11] 黄崇才. 白木香 *Aquilaria sinensis* (Lour.) Gilg. 种质形态学与细胞学研究[D]. 广州: 广州中医药大学, 2009.
- [12] 周元元, 王 军, 杨照剑, 等. 不同白木香种质叶表型遗传多样性分析[J]. 分子植物育种, 2022, 20(21): 7281-7294.
- [13] 赵 翀, 赵树进. 白木香群体的表型多样性分析[J]. 华南理工大学学报(自然科学版), 2007, 35(4): 117-122, 133.
- [14] 唐历波, 陈 平, 张鉴诚, 等. 白木香染色体制片方法的研究[J]. 海南大学学报(自然科学版), 2009, 27(2): 144-146.
- [15] 申彦品, 赵树进. 白木香核型与 Giemsa C-带带型研究[J]. 中药材, 2007, 30(7): 762-765.
- [16] 申彦品, 焦旭雯, 赵树进. 不同居群白木香的染色体研究[J]. 广西植物, 2009, 29(2): 192-197.
- [17] 苗以农, 石连旋, 刘立侠, 等. 大豆形态结构和生理生化性状的多样性[J]. 大豆科学, 2004, 23(2): 132-133.
- [18] 夏 薇, 吴文婧, 许 云, 等. 大薯种质资源多样性研究进展[J]. 植物生理学报, 2017, 53(5): 781-784.
- [19] 陈积优, 熊 颖, 邓敏红. 不同叶型白木香叶片生理生化特性研究[J]. 中药材, 2011, 34(11): 1664-1666.
- [20] 李慧婷, 徐诗涛, 王 军, 等. 白木香 6 个不同种质的树干木材生理特性研究[J]. 热带作物学报, 2023, 44(4): 746-756.
- [21] 陈 彧, 周国英, 陈国德, 等. 白木香不同抗黄野螟植株代谢物质对比分析[J]. 环境昆虫学报, 2024, 46(4): 988-997.
- [22] YU M, LIU Y Y, FENG J, et al. Remarkable phytochemical characteristics of Chi-Nan agarwood induced from new-found Chi-Nan germplasm of *Aquilaria sinensis* compared with ordinary agarwood[J]. International Journal Analytical Chemistry, 2021: 5593730.
- [23] LI X, CUI Z, LIU X, et al. Comparative morphological, anatomical and physiological analyses explain the difference of wounding-induced agarwood formation between ordinary agarwood nongrafted plants and five grafted Qi-Nan clones (*Aquilaria sinensis*) [J]. Forests, 2022, 13: 1618.
- [24] 王 昊, 丁旭坡, 曾 军, 等. 沉香种质资源、品质评价与形成机制研究进展[J/OL]. 中国科学: 生命科学: 1-22[2024-09-06]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.5840.Q.20240527.1650.002.html>.
- [25] 蒋开彬, 祝文娟, 潘 文, 等. 基于SRAP标记的土沉香遗传多样性分析[J]. 中南林业科技大学学报, 2020, 40(1): 131-136.
- [26] 何梦玲, 林 丹, 李嘉惠, 等. 白木香种质资源ISSR标记的遗传多样性分析[J]. 中草药, 2022, 53(11): 3441-3447.
- [27] 高志晖, 赵文婷, 张 争, 等. 白木香愈伤组织与叶片DNA快速提取方法的确定[J]. 安徽农业科学, 2014, 42(14): 4194-4196.

(下转第56页)

- sing Google Earth Engine and random forest classifier—The role of image composition[J]. Remote Sensing, 2020, 12(15):2411.
- [16] HUANG C, YANG J, JIANG P. Assessing impacts of urban form on landscape structure of urban green spaces in China using Landsat images based on Google Earth Engine [J]. Remote Sensing, 2018, 10(10):1569.
- [17] 陶 宇,李 锋,王如松,等.城市绿色空间格局的定量化方法研究进展[J].生态学报, 2013, 33(8):2330-2342.
- [18] 邵大伟,吴殿鸣.基于景观指数的南京主城区绿色空间演变特征研究[J].中国园林, 2016, 32(2):103-107.
- [19] 李启珍,胡希军,韦宝婧,等.长沙市绿色空间与城市扩张耦合关系研究[J].经济地理, 2022, 42(11):87-94.
- [20] WU S Z, WANG D Y, YAN Z R, et al. Spatiotemporal dynamics of urban green space in Changchun: Changes, transformations, landscape patterns, and drivers [J]. Ecological Indicators, 2023, 147(3):109958.
- [21] BREIMAN L. Random forests [J]. Machine Learning, 2001, 45: 5-32.
- [22] 邬建国.景观生态学——格局、过程、尺度与等级[M].北京:高等教育出版社, 2000:34-38.
- [23] HUANG C H, YANG J, LU H, et al. Green spaces as an indicator of urban health: Evaluating its changes in 28 Mega-Cities[J]. Remote Sensing, 2017, 9(12):1266.
- [24] 许 浩,李 蔚,刘 伟,等.南京市域绿地格局时空演变特征及其影响因素[J].浙江农林大学学报, 2023, 40(2):407-416.
- [25] 杨振山,张 慧,丁 悦,等.城市绿色空间研究内容与展望[J].地理科学进展, 2015, 34(1):18-29.
- [26] YUAN Y Y, TANG S Q, GUO W, et al. Spatio-temporal dynamics and driving factors of green-blue space in High-Density Cities: Evidence from central Nanjing[J]. Ecological Indicators, 2024, 160:111860.
- [27] WANG J, ZHANG Y Z, ZHANG X, et al. The spatio-temporal trends of urban green space and its interactions with urban growth: Evidence from the Yangtze River Delta region, China[J]. Land Use Policy, 2023, 128(2):106598.
- [28] 成超男,胡 杨,赵 鸣.城市绿色空间格局时空演变及其生态系统服务评价的研究进展与展望[J].地理科学进展, 2020, 39(10):1770-1782.
- [29] CHOUMERT J. An empirical investigation of public choices for green spaces[J]. Land Use Policy, 2010, 27(4):1123-1131.
- [30] 冯一凡,冯君明,李 翹.生态韧性视角下绿色空间时空演变及优化研究进展[J].生态学报, 2023, 43(14):5648-5661.
- [31] 赵海霞,范金鼎,骆新燎,等.绿色基础设施格局变化及其驱动因素——以南京市为例[J].生态学报, 2022, 42(18):7597-7611.
- [32] 何楠琴,许 浩,刘 伟.大城市郊区绿色空间格局演变及驱动力研究——以南京市江宁区为例[J].西北林学院学报, 2023, 38(5):235-242.
- [33] 王一鸣,尹海伟,孔繁花,等.顾及屋顶绿化的城市三维生态网络构建——以南京市中心城区为例[J].生态学报, 2023, 43(22):9121-9132.

(上接第 47 页)

- [28] 高志晖,魏建和,熊焕英,等.几种提取白木香茎干总 RNA 方法的比较[J].生物技术通讯, 2012, 23(5):718-721.
- [29] 邵 敏,周鹤峰,唐历波,等.沉香随机扩增多态性 DNA 反应体系的建立[J].时珍国医国药, 2009, 20(1):74-76.
- [30] 刘军民,张桂芳,徐鸿华,等.白木香不同种质类型的 RAPD 分析[C]//中药资源生态专业委员会.全国第二届中药资源生态学学术研讨会论文集, 2006.
- [31] 吕菲菲,刘培卫,纪宏亮,等.利用 RAPD 分子标记快速鉴定 3 个奇楠种质[J].生物资源, 2021, 43(4):388-394.
- [32] 晏小霞,王祝年,王建荣,等.白木香种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[C]//中国植物学会药用植物及植物药专业委员会,中国科学院昆明植物研究所.第十届全国药用植物及植物药学术研讨会论文摘要集, 2011.
- [33] 杨春勇,李海涛,李学兰,等.栽培沉香遗传多样性的 ISSR 和 AFLP 分析比较[J].植物遗传资源学报, 2013, 14(3):553-559.
- [34] 贾文杰,李恩香,杨柏云,等.白木香遗传多样性研究[J].热带亚热带植物学报, 2010, 18(2):159-164.
- [35] 张玉秀,杨 云,吕菲菲,等.基于 ISSR 技术的白木香奇楠种质遗传多样性分析[J].分子植物育种, 2021, 19(15):5204-5212.
- [36] 牛宪立,姬可平,吕国庆.白木香 rDNA ITS 序列测序鉴定的初步研究[J].广东农业科学, 2010, 37(2):167-169.
- [37] 邹枚伶,夏志强,吉家敏,等.白木香 SRAP-PCR 反应体系的建立[J].基因组学与应用生物学, 2009, 28(1):137-140.
- [38] 李伟楠.黑松、赤松无性系遗传多样性分析[D].泰安:山东农业大学, 2021.
- [39] 赵 冬,李 明.白木香种子贮藏过程的生理生化指标变化[J].湖北农业科学, 2013, 52(22):5556-5560.