

湖南农业大学
博士学位论文
RAPD分子标记重建我国苧麻属(Boehmeria Jacq)植物亲缘关系的研究
姓名：郭安平
申请学位级别：博士
专业：作物栽培学与耕作学
指导教师：李宗道
19990601

RAPD分子标记重建我国苕麻属 (*Boehmeria* Jacq) 植物亲缘关系的研究

摘 要

采用改良的SDS法和CTAB法成功地提取了苕麻属植物总DNA。通过对RAPD分析中各影响因素的研究,建立的苕麻属植物RAPD反应优化体系为: DNA模板浓度40ng/25 μ l、 Mg^{2+} 浓度1.5mMol/L、dNTPs浓度0.20mMol/L、Taq酶1.0单位; 95℃预变性5分钟后, 94℃1分钟、36℃1分钟、72℃2分钟5个循环, 接着94℃30秒、36℃1分钟、72℃2分钟40个循环后72℃保温10分钟。

从Operon-E、G、H、N、P五组100个随机引物中筛选出适合苕麻属植物RAPD反应的引物47个。

利用46种随机引物对17份苕麻栽培品种进行RAPD扩增, 共产生613个条带。其中单态性带145条, 占23.65%; 多态性带占468条, 占76.35%。这一结果表明, 苕麻品种间存在较大的遗传变异。应用RAPD技术, 可以从遗传上鉴别苕麻基因型。通过对RAPD资料聚类分析, 明确了17份品种间的遗传亲缘关系。当相似系数为82.6%时, 17份品种可划分为三类。研究还发现苕麻品种类型与地理区域有较大关系。

利用47种RAPD引物对苕麻属15个种19份材料, 其中包括苕麻组4个种8份材料、腋球苕麻组2个种、叶序苕麻组2个种、帚序苕麻组1个种、大叶苕麻组6个种, 进行了基因组指纹图谱构建。共获得702个RAPD标记, 其中特征带61条, 占8.69%; 多态性带641条, 占91.31%。通过对获得的基因组指纹图谱的量化分析, 利用单链锁法 (Single Matching Coefficient) 重建了15个种的亲缘关系, 绘出了它们的系统进化树。结果表明, 苕麻属15个种可划分为五大类, 它们分别对应于王文采根据形态特征划分的五个组群, 这说明苕麻属根据形态特征的传统分类是正确的。研究还表明, 苕麻组可细分为两类, 一类为栽培苕麻, 另一类包括贴毛苕麻、青叶苕麻和微绿苕麻三个种; 大叶苕麻组中的六个种可细分为三类, 第一类包括海岛苕麻、细野麻和悬铃叶苕麻三个种, 第二类为长序苕麻一个种, 第三类包括柔毛苕麻和糙叶水苕麻两个种。这一研究结果是对苕麻属植物分类的发展。

本研究结果还表明, 在苕麻属植物的演化关系上, 帚序苕麻组与其它四组的亲

缘关系均较远，在进化上处于最低位置，是苎麻属植物中最原始的组群；腋球苎麻组和叶序苎麻组处于中等位置；苎麻组和大叶苎麻组处于较高位置。五个组群的演化亲缘关系较为复杂，苎麻组可由腋球苎麻组进化而来，也可由叶序苎麻组进化而来；大叶苎麻组由叶序苎麻组进化而来；叶序苎麻组可由腋球苎麻组进化而来，也可由帚序苎麻组进化而来；腋球苎麻组由帚序苎麻组进化而来。这与前人根据形态特征的研究结果不一致。

苎麻组中四个种的演化亲缘关系为：微绿苎麻→青叶苎麻→贴毛苎麻→苎麻。

关键词：苎麻属 RAPD 亲缘关系 分类 演化

Phylogeny of Genus *Boehmeria* Jacq Reconstructed by RAPD Fingerprinting

Abstract

The methods namely SDS and CTAB were modified and successfully used for total DNA extraction from the plants of genus *Boehmeria* Jacq. The factors which affecting RAPD amplification were studied. The results revealed that the optimum DNA template concentration was 40ng/25 μ l, Mg^{2+} concentration was 1.5mMol/L, dNTPs concentration was 0.20mMol/L, Taq polymerase concentration was 1U/25 μ l. The optimum protocol programmed for 1 cycle of 5 min at 95°C to predenature; 5 cycles of 1 min at 94°C to denature, 1 min at 36°C for annealing primer, and 2 min at 72°C for extension; 40 cycles of 30 seconds at 94°C, 1 min at 36°C and 2 min at 72°C; 1 cycle of 10 min at 72°C.

47 random primers were screened from 100 primers obtained from Operon Technologies by using two samples of DNA template, which gave clear bands.

For 17 cultivar accessions of *Boehmeria nivea*, 613 RAPD bands were obtained by using 46 random primers for amplification. Among 613 bands, 145 were monomorphic while 468 were polymorphic bands. The polymorphic rate was 76.35% which showed that relatively greater variation existed in cultivar accessions. Using several primers, the genotype for the cultivar accessions of *Boehmeria nivea* can be distinguished. Based on the analyses of the fingerprints for all the 46 primers, the most parsimonious cladogram obtained for all the primers combined using Single Matching Coefficient, 17 cultivar accessions were classified into three clusters.

The results also indicated that there existed ecotypes in the cultivar accessions of *Boehmeria nivea*.

Genomic fingerprints of 19 accessions of genus *Boehmeria* Jacq, belonging to 2 species of Sect. *Boehmeria*, 1 species of Sect. *Zollingerianae*, 2 species of Sect. *Phyllostachys*, 4 species of Sect. *Tilocnide* and 6 species of Sect. *Duretia*, have been constructed with 47 RAPD primers. 702 bands were used as markers, among them 61 bands were monomorphic while 641 bands were polymorphic. It showed that greater variation existed in *Boehmeria* Jacq. By the analysis of the data of the genomic fingerprints, the genetic relationship was reconstructed with Single Matching Coefficient, the evolutionary pathways among the accessions were expressed in terms of treelengths to give the most-parsimonious reconstructions of ancestral states. The reconstruction phlogeny showed that 19 accessions of 15 species were classified into 5 clusters while the similarity was 66.5%~64.3%, which corresponded to the 5 sections classified according to the morphological characters. It proved that the 5 sections namely *Boehmeria*, *Zollingerianae*, *Phyllostachys*, *Tilocnide* and *Duretia* classified by Mr. Wang Wencai based on the morphological characters was correct. For the evolutionary pathways of those 5 sections, the results indicated that Sect. *Zollingerianae* was at the preliminary level, Sect. *Boehmeria* and Sect. *Phyllostachys* were at the relatively higher level, Sect. *Tilocnide* and Sect. *Duretia* were at the highest level, the species of Sect. *Zollingerianae* were the ancestral species of genus *Boehmeria* Jacq. The evolutionary pathways within 5 Sections of genus *Boehmeria* Jacq might be as follows: Sect. *Boehmeria* or Sect. *Phyllostachys*→Sect. *Tilocnide*, Sect. *Boehmeria* or Sect. *Zollingerianae*→Sect. *Phyllostachys*, Sect. *Zollingerianae*→Sect. *Boehmeria*, Sect. *Phyllostachys*→Sect. *Duretia*.

The most parsimonious cladogram also showed that 4 species of Sect. *Tilocnide* were classified into 2 clusters, one was *B. nivea*; the other was including *B. nivea* (L.) Gaud, *B. nivea* var. *nipponnivea* (Koidz.) W. T. Wang

and *B. nivea* var. *viridula*, the evolutionary pathway was *B. nivea* var. *viridula* → *B. nivea* var. *nipononivea* (Koidz.) W. T. Wang → *B. nivea* (L.) Gaud → *B. nivea*. 6 species of Sect. *Duretia* were classfied into three clusters, the first one included *B. formosana* Hayata, *B. gracillis* C. H. Wright and *B. tricuspis* (Hance.) Makino, the second one was *B. dolichostachya* W. T. Wang, the third one included *B. strigosifolia* var. *mollis* W. T. Wang and *B. macrophylla* var. *scabrella* (Roxb.) Long.

Author: Guo Anping, was born on Feb. 23 1962.

Major: Plant Cultivation

Advisor: Professor Li Zendao

Key words: Genus *Boehmeria* Jacq, RAPD-fingerprinting, Genetic relationship, Classification, Evolutionary

引 言

苧麻是我国主要纤维作物之一，是纺织工业的重要原料，它是传统的绳线、衣着原料，目前主要用来生产夏布和服装面料，是重要的出口创汇作物，其副产物可用来生产饲料、纤维板、食用菌等。

我国目前是世界上最大的苧麻生产国，面积、单产及总产均居世界首位，其面积和总产分别约占世界的80%和90%。

苧麻属 (*Boehmeria* Jacq) 约有120种^[1]，主要分布于热带、亚热带，少数达温带。该属中有很多具有经济价值的物种，其中作为重要经济作物栽培的有白叶种苧 (*B. nivea*) 和青叶种苧麻 (*B. nivea* var. *tenacissima*)^[2-5]。

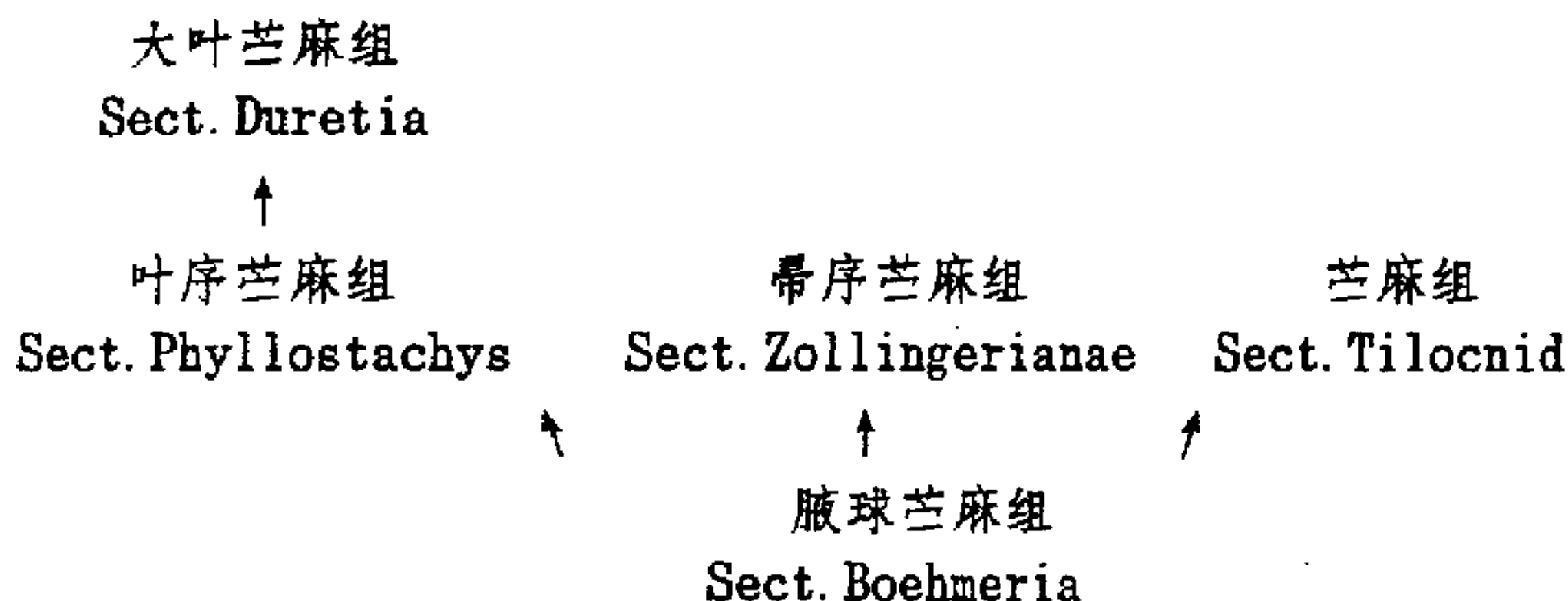
我国是苧麻原产地，栽培历史悠久，其苧麻属植物资源最为丰富，约有32种11变种，其中主要产于我国的有12种5变种^[6-8]，分布于云南、广西、广东、四川、贵州等21个省区，其类型之繁多、材料之丰富、分布地域之广阔举世瞩目。迄今为止，我国是收集、保存苧麻属种质资源最多的国家，已拥有15个种共2000多份材料，其中的栽培种资源已广泛为育种和生产所利用，在我国苧麻生产上发挥了重要作用。通过对已收集保存的14个近缘野生种共200多份材料的初步研究，发现它们中间蕴藏着丰富的优质、抗病、抗虫、耐逆境、无融合生殖等优异基因型，这些都是我国苧麻育种急需获得的基因材料。由于对苧麻属植物，特别是苧麻近缘野生种缺乏深入研究，还无人对栽培苧麻及近缘野生种的种间亲缘关系从DNA分子水平研究，苧麻栽培种的遗传起源及其演化过程尚不清楚，因而对近缘野生种中有益基因的利用缺乏依据和适用的操作技术。

本研究首次采用RAPD分子标记方法探讨栽培苧麻及14个近缘野生种的种间亲缘关系，查明苧麻栽培种的祖先种及其演化过程，为充分、有效地利用近缘野生种的有益基因、创造育种急需的新种质和明确苧麻起源提供依据。

一、苧麻属植物亲缘关系研究进展

苧麻属 (*Boehmeria* Jacq) 属于荨麻科 (*Urticaceae*) 苧麻族 (*Trib. Boehmerieae*)，由N. J. Jacquin (1760) 根据美洲中部的*Boehmeria ramiflora* Jacq建立的，C. L. Blume (1856)^[9] 根据叶、花序、子房等植物学特征划分为*Genuinae*、*Margarocarpus*、*Chamabainia*、*Tilocnide*、*Durretia*、*Uricnide*等6个组。

但对苎



这一研究，将芒麻属植物的分类，由单纯地利用几个形态指标比较，发展到以主要分类形态特征的演变趋势来推演种间亲缘关系。

有关芒麻属植物形态学描述的文献较多，主要是原生境下植物形态的调查和标本比较鉴定，其中与分类有关的仅局限于叶、茎、花、果等最基本的外观形态特征，有重要参考价值的生育特性、农艺性状、地下部形态等也有一些报道^[11-18]。芒麻属植物的花粉形态、细胞染色体等方面的研究在近些年取得了一些重要进展^[19-22]，为该属植物的分类提供了一定的证据。

芒麻属植物适应性较广，不同的种对生境要求不同，有些种耐旱瘦，而有些种则喜荫湿，故能广泛生长于各种山地、林下、林边、草地、溪沟河边、田路边、甚至石壁缝中，根据其生长、分布与水的关系，张波等（1995）将该属植物分为湿性、湿中性、真中性和旱中性四个生态类群^[16]。

胡能书等（1991）^[23]研究了芒麻酯酶同工酶和过氧化物同工酶的演化，并根据酶带的变化将213个芒麻栽培品种归纳为41个生态类型。

张波（1998）^[8]对我国芒麻属15个种进行了较为系统的植物形态学和细胞学比较研究，探讨了该属植物外部形态的专化趋势，有用性状的利用价值及途径，以及花粉形态和染色体数目在该属植物分类中的作用与地位，在此基础上对我国芒麻属植物分类的组群划分和划分标准进行了评价，并探讨了组群进化关系和种间亲缘关系。他在研究中国芒麻属各组的主要代表种并参考有关文献后，观察到该属植物在外部形态和花粉形态方面表现出如下的演化趋势：

- ①木本→多年生草本；
- ②叶互生→对生→近轮生；
- ③簇生花序单个腋生→簇生花序组成穗状花序→簇生花序组成分枝型花序；

④分枝根→萝卜根或浅直根；

⑤直立茎→匍匐茎；

⑥雄花5或6基数，具长梗→雄花4或3基数，无梗或具极短梗；

⑦花粉萌孔具内陷孔膜→花粉萌孔具稍隆孔膜或无孔膜；

基于上述认识，他在C. L. Blume、王文采等人的正确分类方法基础上，提出中国芒麻属组的分类：

组1. 腋球芒麻组 (Sect. *Boehmeria*)：叶互生。簇生花序单个腋生。雄花4基数，近无梗。分枝根型，直立茎。花粉萌孔类型待定。

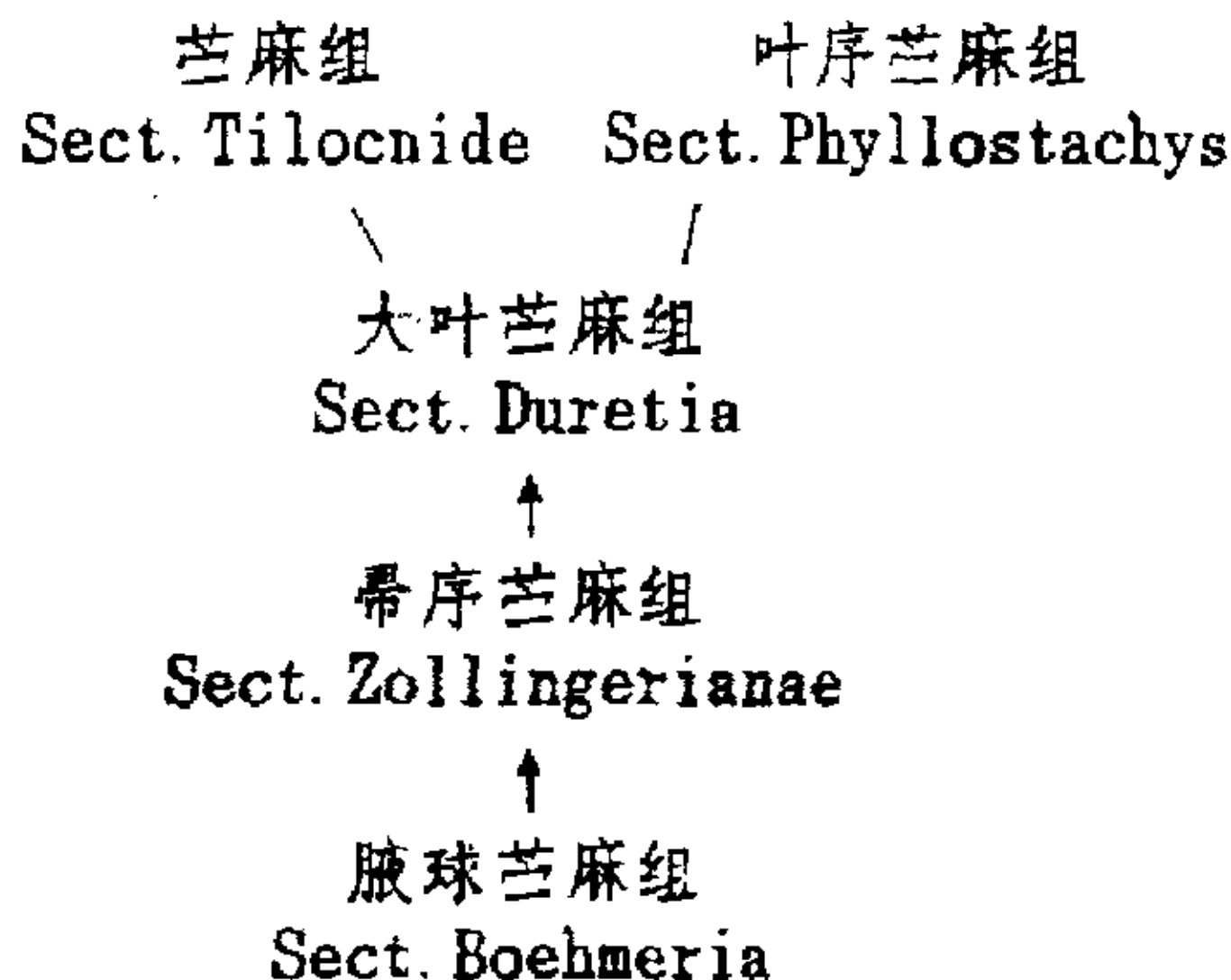
组2. 芒麻组 (Sect. *Tilocnide*)：叶互生。簇生花序组成二轴分枝型花序。雄花4基数，近无梗。萝卜根型，直立茎。花粉3稀2萌孔，具稍隆孔膜。

组3. 帚序芒麻组 (Sect. *Zollingerianae*)：叶对生，枝端叶有时互生。雌簇生花序组成穗状花序或复穗状花序，雄簇生花序单个腋生。雄花5或6基数，具长梗。分枝根型、直立茎。花粉2萌孔，具内陷孔膜。

组4. 叶序芒麻组 (Sect. *Phyllostachys*)：叶对生或互生。簇生花序组成顶端带小叶或有时不带小叶的穗状花序或复穗状花序，稀单个腋生。雄花4基数，近无梗。浅直根型、匍匐茎。花粉3稀2萌孔，无孔膜。

组5. 大叶芒麻组 (Sect. *Duretia*)：叶对生，稀互生或近轮生。簇生花序组成顶端不具小叶或有时具小叶的穗状花序或复穗状花序。雄花3或4基数，无梗。分枝根型、直立茎。花粉3稀2、4~8萌孔，具内陷孔膜。

五组的演化亲缘关系如图示：



王京

材料与方法

一、实验材料

(一) 植物材料

供试材料为我国原生环境下搜集的活体保存苧麻属植物15个种31份材料（栽培品种17份，14个近缘野生种14份材料）。17份栽培种材料的名称及主要农艺性状列于表1，15种的主要形态特征和染色体数目列于表2。

表1. 17份苧麻栽培品种的名称及其主要农艺性状
Table 1. The Name of Varieties (*Boehmeria nivea*) and Their Main Agronomic Characters Used in the Present Study

编 号 Number	名 称 Name	主 要 农 艺 性 状 Main Agronomic Characters
1	青大叶	抗花叶病，抗根腐线虫病
2	青家麻	抗花叶病，抗根腐线虫病，低产
3	芦竹青	优质，高感根腐线虫病
4	六枝苧麻	形态特征特异
5	湘苧二号	高产，抗花叶病
6	湘苧一号	高产，高感根腐线虫病
7	黄金麻	抗花叶病
8	安顺圆麻一号	特优质，抗花叶病，低产
9	宁德苧麻一号	半野生型，低产
10	红头鸡骨白二号	形态特异类型
11	湘苧六号	特优质，高产
12	黄壳铜	高产，低质，高感花叶病
13	湘苧三号	特优质，高产
14	湘乡黄九麻	高感花叶病，高感根结线虫病，低产，低质
15	黑皮菟	高产，优质
16	沅江柴火麻	低产，高感花叶病
17	牛耳青	高产，优质

表2. 芭蕉属15个种的根、茎、花序特征和染色体数

Table 2. Main Characters of Root, stem, Inflorescence and Chromosome Number of the Species (Boehmeria) Used in the Present Study

编号 No.	组名 Section	种名 Species	根型 Root type	茎型 Stem type	雄花序 Male inflorescence	雌花序 Female inflorescence	染色体数(2n) Chromosome number
Y1	皱叶芭蕉组 (I) Sect. Boehmeria	皱叶芭蕉 <i>B. malabarica</i> Wedd	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	D	D	28
Y2		长圆芭蕉 <i>B. oblongifolia</i> V.T. Wang	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	D	D	28
Y3	吊序芭蕉组 (II) Sect. Zollingerianae	醉楼芭蕉 <i>B. blinii</i> Levl.	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	D	SIH1D	28
Y4	序叶芭蕉组 (IV) Sect. Phyllostachys	白圆芭蕉 <i>B. elidenioides</i> Miq.	浅直根系 Shallow straight root system	匍匐茎 Creeping stem	S2B2S1	S2B2SIH1D	28
Y5		拟野芭蕉 <i>B. pseudotricuspis</i> V.T. Wang	浅直根系 Shallow straight root system	匍匐茎 Creeping stem	HIK2S1S2	SIH1S2H2	28
Y6	芭蕉组 (II) Sect. Tiloenide	芭蕉 <i>B. nivea</i> (L.) Gaud	萝卜根系 Storage root system	直立茎 Erect stem	G	G	28
Y7		贴毛芭蕉 <i>B. nivea</i> var. <i>nipponnivea</i> (Koidz.) V.T. Wang	萝卜根系 Storage root system	直立茎 Erect stem	G	G	28
Y8		青叶芭蕉 <i>B. nivea</i> var. <i>tenacissima</i> (Gaud.) Miq	萝卜根系 Storage root system	直立茎 Erect stem	G	G	28
Y9	大叶芭蕉组 (V) Sect. Duretia	柔毛芭蕉 <i>B. strigosifolia</i> var. <i>mollis</i> V.T. Wang	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	SIH1S2H2	SIH1S2H2	28
Y10		皱叶水芭蕉 <i>B. macrophylla</i> var. <i>scabrella</i> (Roxb.) Long	分枝根系 Branch root system	斜倚茎 Slope stem	HIH2S1S2	SIH1S2H2	28
Y11		星叶芭蕉 <i>B. tricuspis</i> (Hance.) Makino	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	SIH1S2H2	SIH1	42
Y12		海岛芭蕉 <i>B. formosana</i> Hayata	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	SIH1S2H2	SIH1H2	42
Y13		细野芭蕉 <i>B. gracillima</i> C.H. Wright	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	SIH1S2H2	SIH1S2H2	56
Y14		长序芭蕉 <i>B. dolichostachya</i> V.T. Wang	分枝根系 Branch root system	直立茎 Erect stem	SIH1S2H2	SIH1S2H2	28

* D: 簇生花序单个腋生 Fascicled inflorescence

S1: 簇生花序组成穗状花序 Spike consisted by fascicled flower

S2: 簇生花序组成顶端带小叶的穗状花序 Foliolate spike consisted by fascicled flower

H1: 簇生花序组成复穗状花序 Compound spike consisted by fascicled flower

H2: 簇生花序组成顶端带小叶的复穗状花序 Foliolate compound spike consisted by fascicled flower

G: 簇生花序组成假二轴分枝型花序 Branched inflorescence of two rachis consisted by fascicled flower

dNTPs浓度：0.10mmol/L、0.15mmol/L、0.20mmol/L、0.25mmol/L、0.30mmol/L、0.35mmol/L

Taq酶用量（单位）：0.5、1.0、1.5、2.0

(五)、RAPD随机引物的筛选

用两份材料的总DNA作模板，按照优化后的RAPD反应体系，对OPE、OPG、OPH、OPN和OPP五个系列的100个随机引物进行筛选，找出扩增效果好，结果稳定的引物作为本研究的反应引物。

(六)、数据分析

经电泳获得的基因组指纹图谱，在同一电泳迁移位置上，有DNA扩增条带记为1，没有的记为0。按下列公式计算物种X和物种Y间的同源性：

$$S_{sm}(\text{相似性系数}) = \frac{2 \times N_{xy}}{N_x + N_y} \times 100$$

N_{xy}：两个样品共有的扩增条带数
N_x：X样品的扩增条带数
N_y：Y样品的扩增条带数

亲缘关系重建采用单链锁法（Single Maching Coefficient）。以相似性矩阵和树状谱为输出结果。整个运算在中国科学院微生物研究所的 MINTS（Microbiological Information Numerical Taxonomy System）系统上进行。

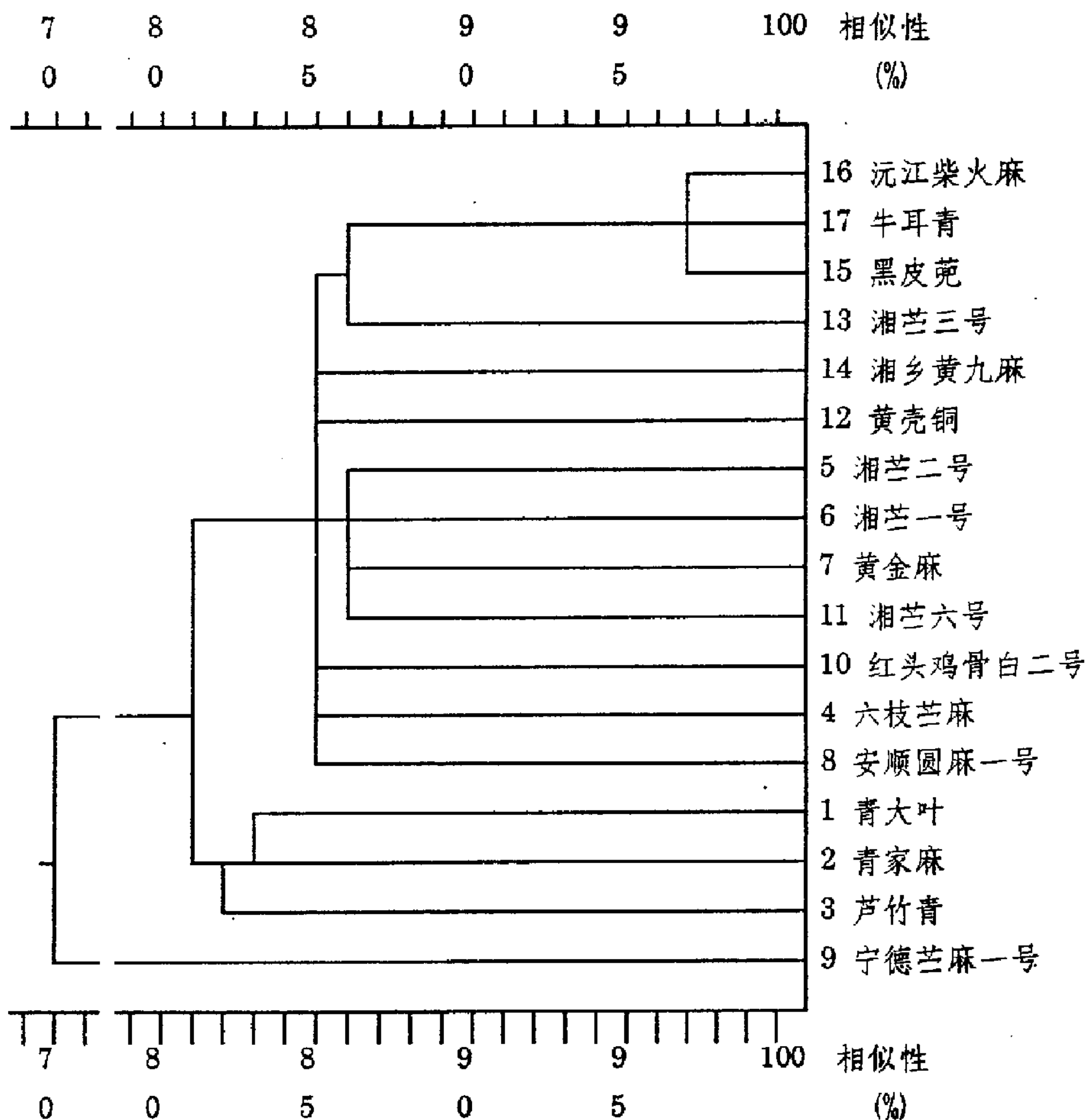
结果

72

表6. 17份苎麻品种用46种引物作RAPD 分析的平均相似性矩阵值(%)

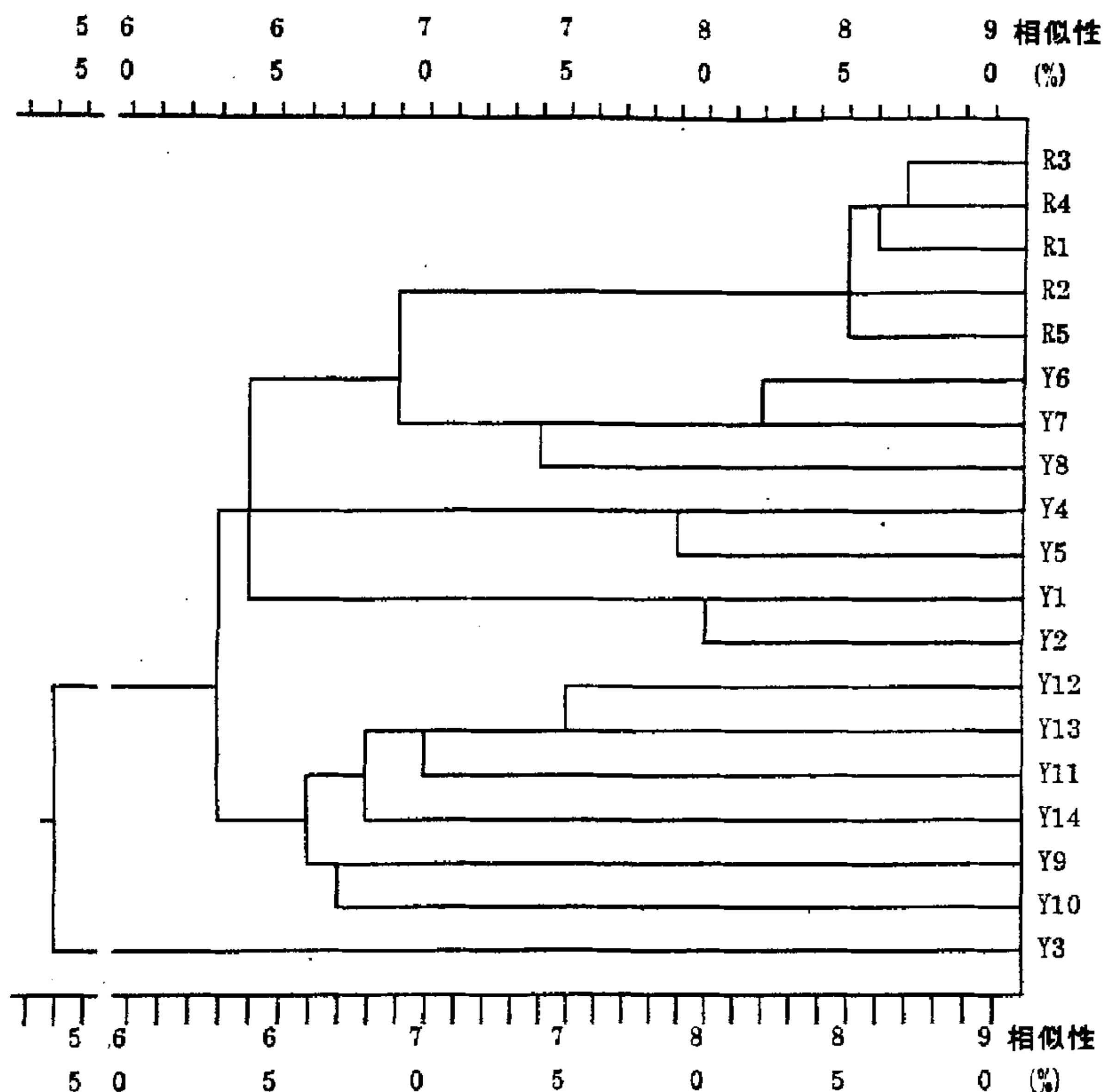
Table 6. The Average Homologous Values Based on 46 Sets of Genomic Fingerprints (%)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16
2	83.4															
3	77.0	82.6														
4	74.0	78.8	79.1													
5	78.0	81.1	80.2	85.2												
6	76.2	81.6	81.7	84.9	86.5											
7	76.7	80.2	79.3	82.6	83.9	86.0										
8	77.0	80.9	79.9	82.3	80.4	84.7	85.2									
9	67.2	65.6	64.3	67.0	68.6	67.0	69.0	67.1								
10	75.7	78.6	77.0	80.7	79.5	81.9	80.4	81.4	70.0							
11	74.5	80.1	80.2	81.8	82.5	86.0	82.1	82.2	70.0	85.4						
12	74.1	73.5	71.8	77.8	79.4	77.8	79.1	76.0	62.4	78.9	78.0					
13	76.9	78.3	76.1	80.9	83.9	83.8	81.9	78.3	66.1	78.7	80.3	84.2				
14	73.3	76.1	74.9	79.5	79.2	82.0	78.9	80.4	64.1	78.1	77.9	85.6	85.9			
15	75.0	77.9	77.0	78.9	80.9	82.3	80.6	77.1	65.7	76.7	78.2	81.0	86.3	82.4		
16	74.8	79.8	76.5	81.2	83.1	85.3	81.7	78.5	64.8	79.9	79.6	81.6	86.6	85.3	88.5	
17	72.2	76.9	75.4	79.4	79.2	82.7	81.2	79.3	63.6	79.3	78.8	78.4	81.6	82.3	83.6	88.6



17份芷麻品种采用46种引物RAPD分析的单锁链聚类分析结果

The most parsimonious cladogram showing the relationship among 17 varieties of *Boehmeria nivea*



芒麻属15个种19份材料采用47种引物RAPD分析的单链锁聚类分析结果
The most parsimonious cladogram showing the relationship among 19
accessions of 15 species in genus *Boehmeria* Jacq.

腋球芒麻组 (I) : Y1: 腋球芒麻 Y2: 长圆芒麻

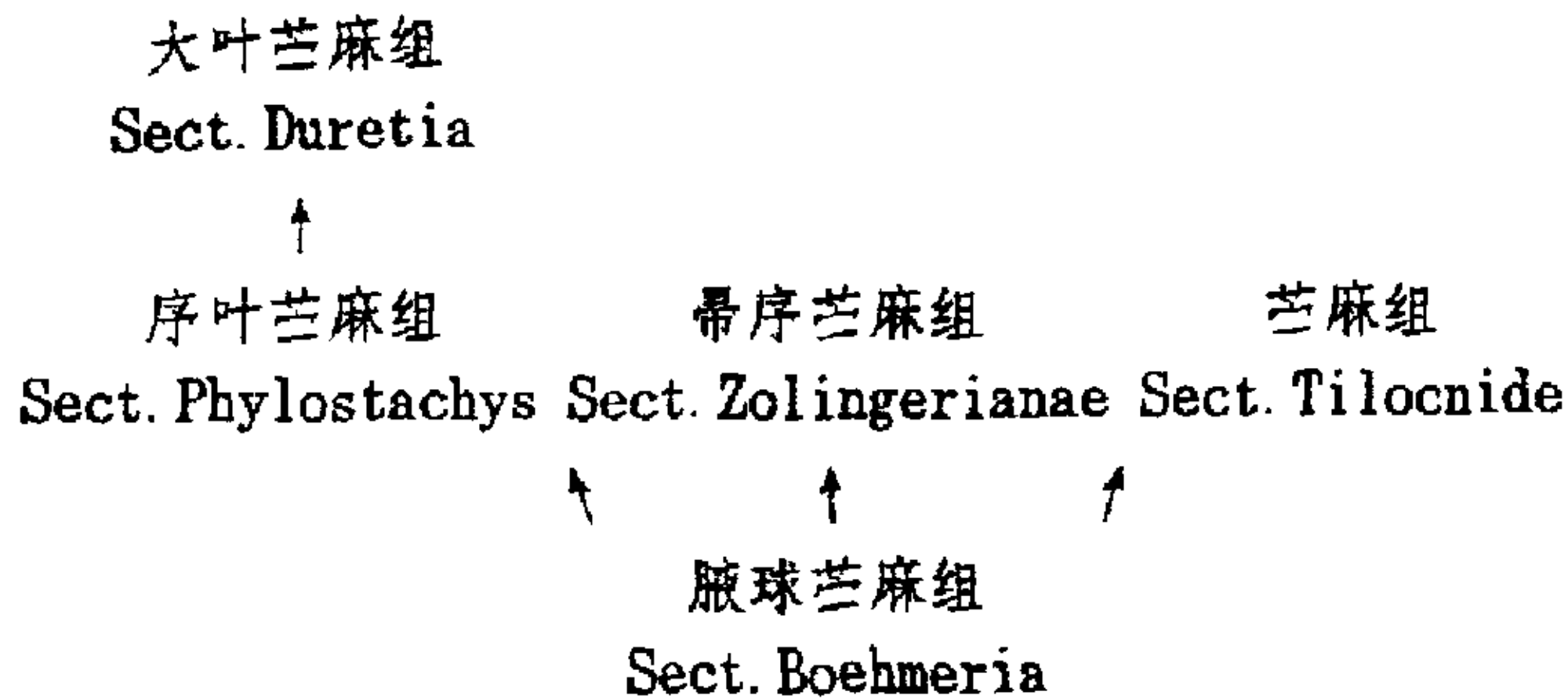
芒麻组 (II) : R1~R5为栽培种芒麻品种, Y6: 贴毛芒麻 Y7: 青叶芒麻
Y8: 微绿芒麻

帚序芒麻组 (III) : Y3: 黔桂芒麻

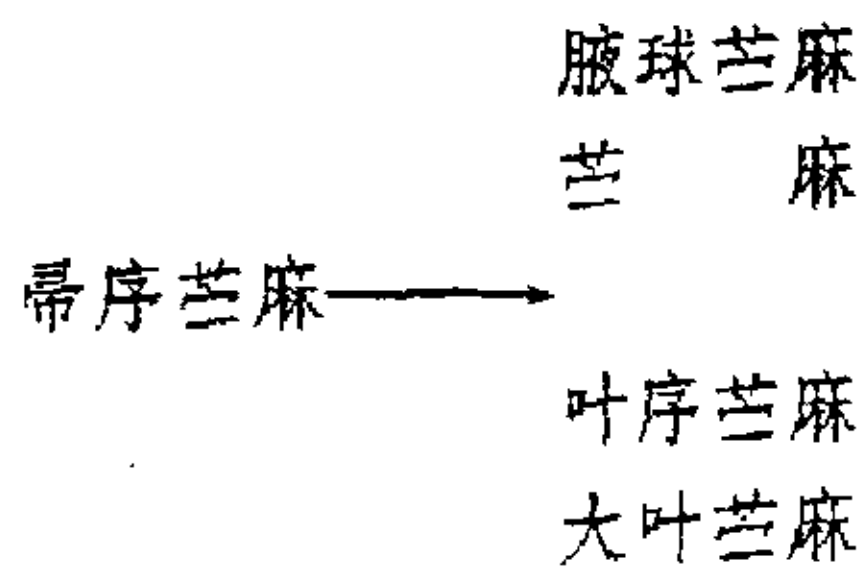
序叶芒麻组 (IV) : Y4: 白面芒麻 Y5: 滇黔芒麻

大叶芒麻组 (V) : Y9: 柔毛芒麻 Y10: 糙叶水芒麻 Y11: 悬铃叶芒麻
Y12: 海岛芒麻 Y13: 细野麻 Y14: 长序芒麻

基部圓形，边缘在下部以上有小牙齿，上面无毛，下面沿脉有少数短伏毛；雄团伞花序生雌团伞花序之下，均腋生，雌团伞花序腋或多数组成穗状花序；雌花被狭倒卵形；瘦果椭圆球形或近卵球形。



在雄花的演化上，张波认为是由雄花5或6基数，具长梗→4或3基数，无梗或具极短梗；因而其演化方向正好相反。即：



五个组群的演化亲缘关系为：

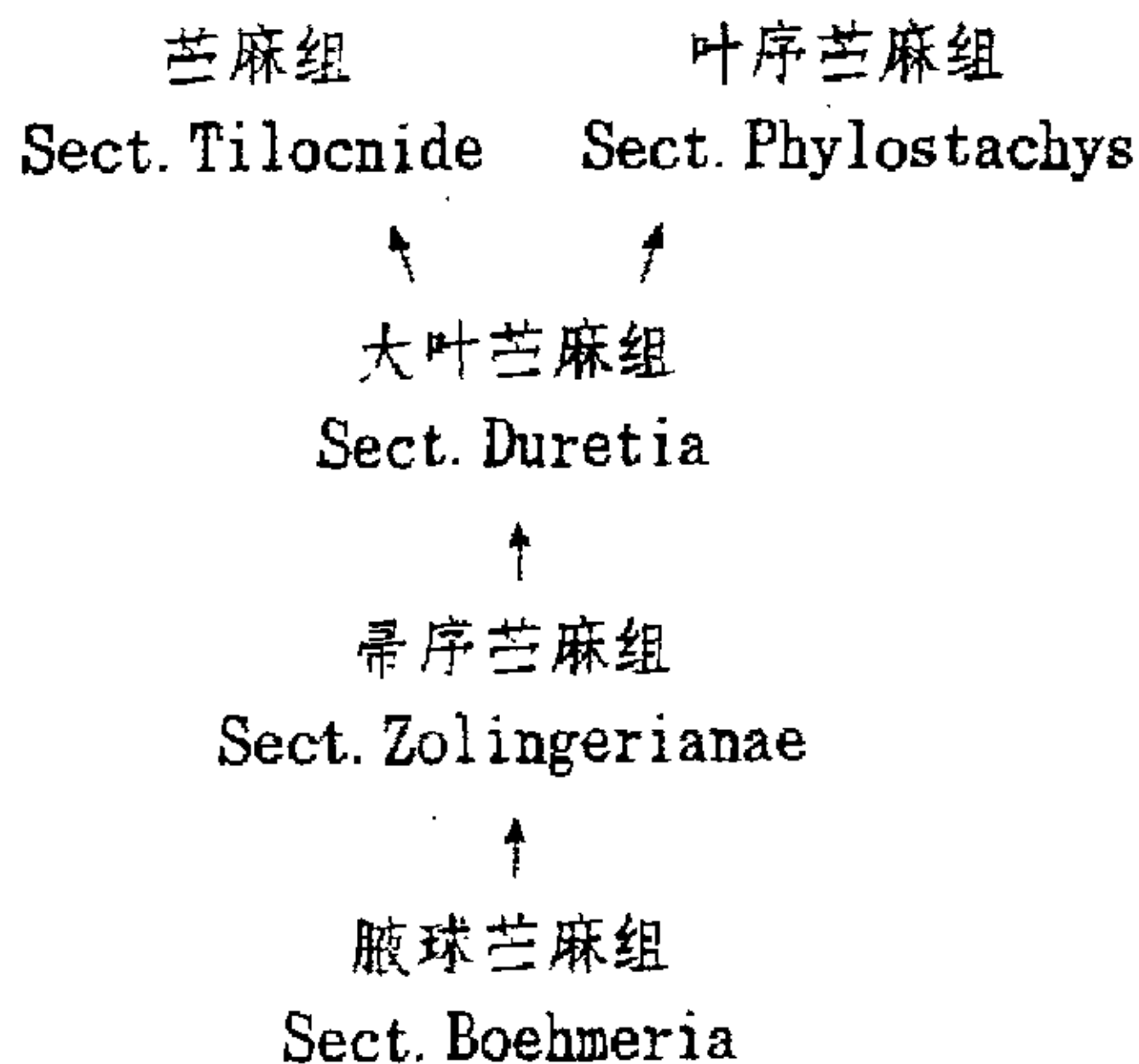




图1: SDS法提取的苎麻属15个种31份材料总DNA的琼脂糖凝胶电泳结果

M: λ DNA/HindIII 1: 青大叶 2: 青家麻 3: 芦竹青 4: 六枝苎麻 5: 湘苎二号
6: 湘苎一号 7: 黄金麻 8: 安顺圆麻一号 9: 宁德苎麻一号 10: 红头鸡骨白二号
11: 湘苎六号 12: 黄壳铜 13: 湘苎三号 14: 湘乡黄九麻 15: 黑皮苎 16: 沅江柴火麻
17: 牛耳青 18: 麻球苎麻 19: 长圆苎麻 20: 黔桂苎麻 21: 白面苎麻 22: 滇黔苎麻
23: 贴毛苎麻 24: 青叶苎麻 25: 微绿苎麻 26: 柔毛苎麻 27: 糙叶水苎麻 28: 海岛苎麻
29: 悬铃叶苎麻 30: 细野麻 31: 长序苎麻

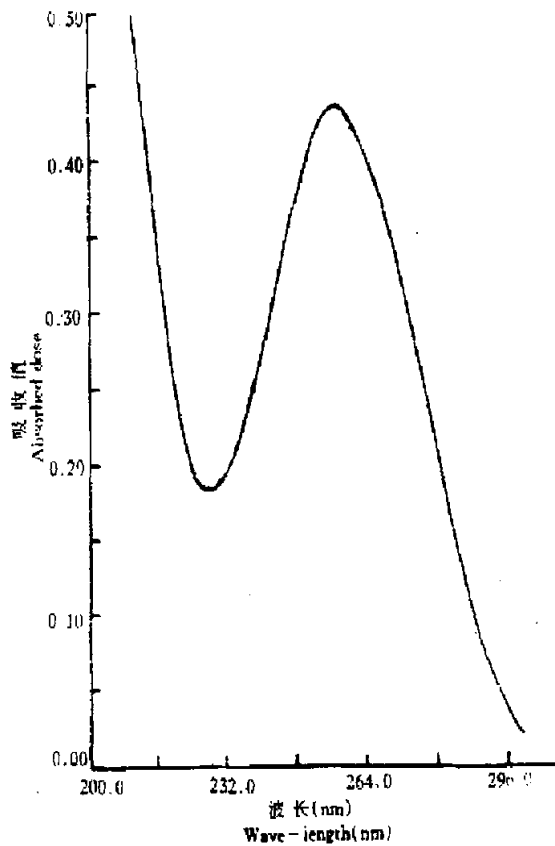


图2: SDS法提取的苎麻DNA的紫外光吸收光谱 (材料: 芦竹青)

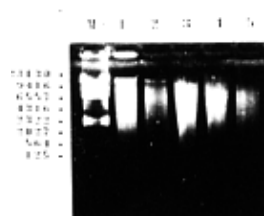


图3: 苧麻属植物总DNA经限制性内切酶HindⅢ消化后的琼脂糖凝胶电泳结果
M: λ DNA/HindⅢ 1: 芦竹青 2: 湘芒三号 3: 腋球苧麻 4: 白面苧麻 5: 细野麻

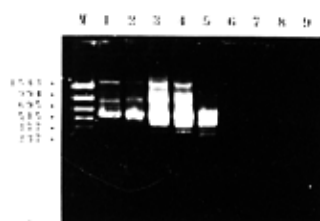


图4: 模板DNA量对RAPD扩增效果的影响

M: λ DNA/HindⅢ 1: 5ng 2: 10ng 3: 20ng 4: 40ng 5: 80ng 6: 120ng 7: 160ng
8: 200ng 9: 240ng 模板DNA: 六枝苧麻 引物: OPG-05

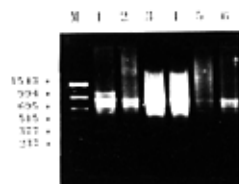


图5: Mg^{2+} 浓度对RAPD扩增效果的影响

M: PCR Marker 1: 1.5mMol/L 2: 2.0mMol/L 3: 2.5mMol/L 4: 3.0mMol/L
5: 3.5mMol/L 6: 4.0mMol/L 模板DNA: 六枝苧麻 引物: OPE-14

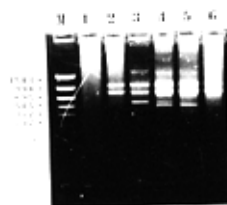


图6. dNTPs浓度对RAPD扩增效果的影响

M: PCR Marker 1: 0.10mol/L 2: 0.15mol/L 3: 0.20mol/L 4: 0.25mol/L
5: 0.30mol/L 6: 0.35mol/L 模板DNA: 六枝苎麻 引物: OPC-03

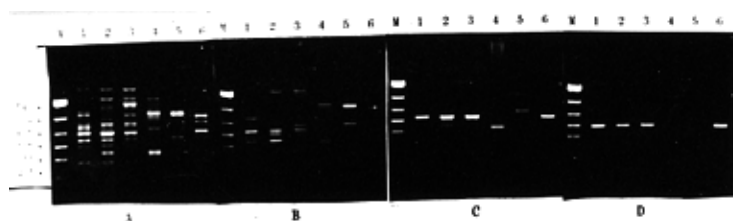


图7. 退火温度对RAPD扩增效果的影响

M: PCR Marker A: 36℃1分钟 B: 42℃1分钟 C: 45℃1分钟 D: 50℃1分钟

模板DNA: 1. 青大叶 2. 安顺圆麻1号 3. 六枝苎麻 4. 腋球苎麻 5. 黔桂苎麻 6. 贴毛苎麻
引物: OPE-01

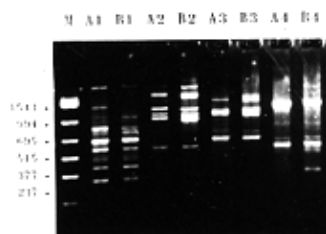


图8. 两种方法提取的DNA模板的RAPD扩增效果

方法A: SDS法 方法B: CTAB法

模板DNA: 1. 芦竹青 2. 湘苎三号 3. 青大叶 4. 贴毛苎麻

引物: 1. OPE-01 2. OPH-14 3. OPC-19 4. OPN-06

M: PCR Marker

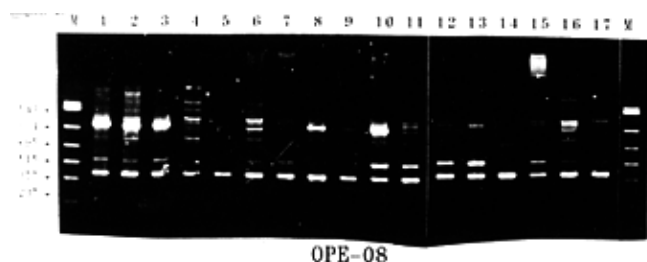


图9. 17份苎麻品种用OPE-08引物扩增的结果

M: PCR Marker 1: 青大叶 2: 青家麻 3: 芦竹青 4: 六枝苎麻 5: 湘苎二号 6: 湘苎一号
7: 黄金麻 8: 安顺圆麻一号 9: 宁德苎麻一号 10: 红头鸡骨白二号 11: 湘苎六号
12: 黄壳铜 13: 湘苎三号 14: 湘乡黄九麻 15: 黑皮莧 16: 沅江柴火麻 17: 牛耳青

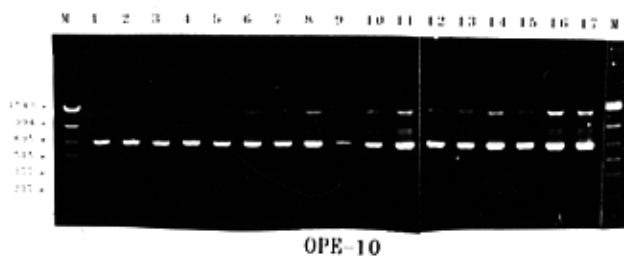


图10. 17份苎麻品种用OPE-10引物扩增的结果

M: PCR Marker 1: 青大叶 2: 青家麻 3: 芦竹青 4: 六枝苎麻 5: 湘苎二号 6: 湘苎一号
7: 黄金麻 8: 安顺圆麻一号 9: 宁德苎麻一号 10: 红头鸡骨白二号 11: 湘苎六号
12: 黄壳铜 13: 湘苎三号 14: 湘乡黄九麻 15: 黑皮莧 16: 沅江柴火麻 17: 牛耳青

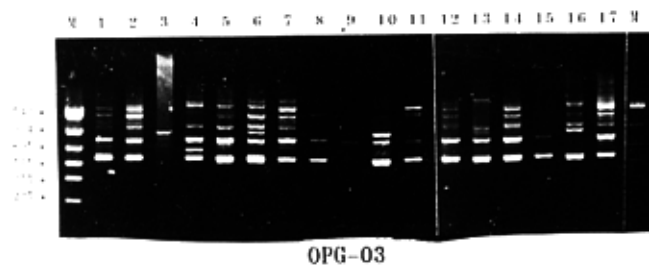


图11. 17份苎麻品种用OPG-03引物扩增的结果

M: PCR Marker 1: 青大叶 2: 青家麻 3: 芦竹青 4: 六枝苎麻 5: 湘苎二号 6: 湘苎一号
7: 黄金麻 8: 安顺圆麻一号 9: 宁德苎麻一号 10: 红头鸡骨白二号 11: 湘苎六号
12: 黄壳铜 13: 湘苎三号 14: 湘乡黄九麻 15: 黑皮莧 16: 沅江柴火麻 17: 牛耳青

