

# 菜头肾ddRAD测序与抗逆种质挖掘研究

颜帮国<sup>1</sup>, 蒲占滢<sup>1</sup>, 徐丹亭<sup>2</sup>, 陈方永<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>浙江省柑橘研究所, 浙江 台州

<sup>2</sup>仙居县植物保护检疫站, 浙江 仙居

收稿日期: 2026年2月25日; 录用日期: 2026年3月18日; 发布日期: 2026年3月30日

## 摘要

本研究以菜头肾(*Championella sarcorrhiza* C. Ling)在中国最主要资源地浙江省台州、温州的收集整理为基础, 分析它们的遗传结构和亲缘关系, 从而明确主要类型, 挖掘抗逆优质资源, 为种质创新创造条件。研究将收集的13份菜头肾材料采用ddRAD简化基因组测序技术进行亲缘关系分析。该测序获得整理数据19.71 Gb, Q30质量均值为92.13%, GC均值为38.71%。总SNP 1,996,340个, 其中高一一致性的836,840个用于后续分析。组装得到序列平均深度19.2, 平均杂合度0.1808、平均纯合度0.81392。群体平均期望纯合度为0.74287; 平均杂合度为0.2571。群体的平均核酸多态性 $\pi$ 值0.27257; 群体的平均近交系数0.29036。各材料间的遗传距离在0.095~1.974, 可分成4类。对此以树状图的形式予以表达。研究结合形态鉴别, 基本明确收集材料有雌株、雌雄同株(两性花)、雄株三大类型, 从中最多的是营养系雌株。在资源挖掘中, 发现了稀缺的雄株与雌雄同株种质, 表明亲本优株育成对于抗逆育种具有重要的潜在价值。

## 关键词

菜头肾, ddRAD测序, 抗逆育种, 研究

# Study on ddRAD Sequencing and Mining of Stress-Resistant Germplasm in *Championella sarcorrhiza* C. Ling

Bangguo Yan<sup>1</sup>, Xupu Zhan<sup>1</sup>, Danting Xu<sup>2</sup>, Fangyong Chen<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Citrus Research Institute of Zhejiang Province, Taizhou Zhejiang

<sup>2</sup>Plant Protection and Quarantine Station of Xianju County, Xianju Zhejiang

Received: February 25, 2026; accepted: March 18, 2026; published: March 30, 2026

\*通讯作者。

文章引用: 颜帮国, 蒲占滢, 徐丹亭, 陈方永. 菜头肾 ddRAD 测序与抗逆种质挖掘研究[J]. 林业世界, 2026, 15(2): 362-371. DOI: 10.12677/wjf.2026.152044

## Abstract

This study was based on an investigation and collection of *Championella sarcorrhiza* C. Ling from Taizhou and Wenzhou in Zhejiang Province, the primary resource area of this species in China. The aim was to analyze the genetic structure and phylogenetic relationships of the collected materials, clarify the main types, and identify stress-resistant, high-quality resources to facilitate germplasm innovation. Phylogenetic analysis was performed on 13 collected accessions using ddRAD simplified genome sequencing. The sequencing produced 19.71 Gb of clean data, with an average Q30 score of 92.13% and an average GC content of 38.71%. A total of 1,996,340 SNPs were identified, of which 836,840 high-confidence SNPs were used for subsequent analysis. The assembled sequences had an average depth of 19.2, with an average heterozygosity of 0.1808 and an average homozygosity of 0.81392. The population's average expected homozygosity was 0.74287, and the expected heterozygosity was 0.2571. The average nucleotide diversity ( $\pi$ ) was 0.27257, and the average inbreeding coefficient was 0.29036. Genetic distances among accessions ranged from 0.095 to 1.974, divided into four categories, visualized using a phylogenetic tree. Combined with morphological identification, the collected materials were classified into three main types: female plants, hermaphroditic plants, and male plants, with vegetative female lines being the most common. The discovery of rare male and hermaphroditic germplasm indicates that breeding superior parental plants holds significant potential for stress-resistant breeding.

## Keywords

*Championella sarcorrhiza* C. Ling, ddRAD Sequencing, Stress Resistance Breeding, Research

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

## 1. 引言

菜头肾(*Championella sarcorrhiza* C. Ling)又称土太子参,系爵床科马蓝属多年生草本中药材与保健药食功能兼融的植物,民间有“七肾汤”之说,有一定的补肾效果,深受当地居民喜欢。据《浙南本草新编》、姚振生等[1][2]和课题组调查统计:菜头肾自1960年代在永嘉县道志山区、瑞安市坑源乡(现湖岭镇)东坑村、温州市瓯海区泽雅山区一带生长已有报道发现。1975年林泉从植物分类学观点认定菜头肾是一个新种[3],1999年张水利等[4]对它进行组织形态鉴定。课题组发现,自2010年以来在浙江省苍南县北部、青田县南部、黄岩与仙居交界处,以及福建省福鼎县西北部等地有不同形态的零星野生和仿野生规模种植状态的菜头肾。据主产地产业现状不完全统计,2010年以后,菜头肾的生长情况已经发生重大改变,种植面积、区域变化很大,重心从温州市向台州市的高山、半高山地带相继逆转[5][6]。2020年以后又从台州市折转向温州市规模发展,其改变趋势明显。目前,菜头肾种植生长面积从原来浙江省内各地的野生零星种植状态,发展到全省区域性规模种植的300多 $\text{hm}^2$ ,第一产业附加值达15亿元左右/年。菜头肾种植生产技术从农户亲朋邻居传帮带的小户经营,向规模化、基地化发展。永嘉县一农户4年前独立组建农业发展公司开始集约化经营,流转集体山地60多 $\text{hm}^2$ 实行菜头肾林下复合种植,现在发展到近80 $\text{hm}^2$ ,从而成为省内规模最大、产量最高的产销大户,产品从原材料零包装、现场线下交易,不断向功能化的适度加工包装的线上交易发展,并以抖音+现场直播等方式扩大市场竞争力。但是随着种植

面积的扩大, 产业规模与种质、栽培、技术保障的适配性存在着巨大差距, 主要表现为植株块茎化学成分、亲缘关系不明(不稳), 导致连作障碍、品质保证等问题不断出现且日趋严重。基于此, 课题组前期进行了多年的基础研究, 混合检测发现, 仿野生种化学成分有 19 种[5], 比野生种 16 种多出 3 种。为深入研究亲缘关系, 本研究将 ddRAD 简化基因组测序技术用于亲缘关系分析, 着手从分子水平分析它们的遗传结构, 以此进行种质比较鉴定, 期望从中选育出耐(抗)根茎腐病的新种质, 努力寻求连作障碍技术瓶颈的重点突破。

## 2. 材料与方法

### 2.1. 资源收集

#### 比较收集各类种质材料

为时 3 年多在浙江省内各地比较收集整理出各类材料 13 份(淘汰了相同表型的各地材料), 并根据农艺性状进行以表型为特征的归类统计(表 1)。

**Table 1.** Summary of experimental materials

**表 1.** 供试材料统计表

材料名称	代号	采集地	特征简述
永嘉 1 号	Y1	永嘉县	尖叶
永嘉 2 号	Y2	永嘉县	长秆
永嘉 3 号	Y3	永嘉县	短圆
永嘉 4 号	Y4	永嘉县	高产
乐清 1 号	I5	乐清市	长块茎, 产量较高, 但易感病
乐清 2 号	I6	乐清市	短块茎, 产量较高。但易感病
乐清 3 号	I7	乐清市	大块茎, 产量较高。但易感病
乐清 4 号	I8	乐清市	小块茎, 产量较高。但易感病
黄岩 1 号	H9	台州市黄岩区	软秆, 品质好
黄岩 2 号	H10	台州市黄岩区	硬秆, 产量高, 品相一般较粗糙
黄岩 3 号	H11	台州市黄岩区	低产
黄岩 4 号	H12	台州市黄岩区	疑杂交, 产量较高
黄岩 5 号	H13	台州市黄岩区	雄株

### 2.2. 方法

#### 2.2.1. 基因组测序分析

##### 1. DNA 提取

取当季生长的菜头肾叶片嫩尖, 采用 CTAB 法(Cetyltrimethylammonium ammonium bromide, 十六烷基三甲基溴化铵)提取 DNA。先后用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的完整性, 用 NanoDrop 分光光度计检测 DNA 浓度。

##### 2. 酶切方案确定

利用多种限制性内切酶对收集的菜头肾材料的 DNA 分别进行酶切。采用 Read1 端 NlaIII (Hin1II, CATG<sup>^</sup>)和 Reads<sup>2</sup> 端 EcoRI (G<sup>^</sup>AATTC)进行双酶切实验。

### 3. 基因组 dd-RAD 测序

本实验与南京集思慧远生物科技有限公司合作,对抽提的 DNA 进行质检,采用 RAD/ddRAD 建库方式,构建长度范围在 300-500 bp 的 pair-end 文库。接着进行 Illumina HiSeq PE150 测序,将有效数据用于分析寻找海量 SNP 标记。

#### 2.2.2. 生长结果形态分析比较

在形态分析与遗传机理研究的基础上,结合前期调查的相关结果进行综合比较分析,明确抗逆材料,从中优选单株,实现成果产业化应用示范。

## 3. 结果与分析

### 3.1. 基因组检测结果分析

#### 3.1.1. 酶切方案与建库评估

根据基因组电子酶切预测结果,确定限制性内切酶为 NlaIII (Hin1II, CATG<sup>^</sup>)和 EcoRI (G<sup>^</sup>AATTC)。酶切效率平均为 99.08%,最大为 99.96%、最小为 86.06%,结果达到建库要求。

#### 3.1.2. 测序数据统计与评估

为保证测序数据分析质量,前述以无参基因组测序结果作为评估实验建库的准确性。测序后各样品所获得的数据见表 2。其中 y3 获得的数据量最大,为 6,174,039; H12 获得的数据量最小,为 4,580,122。测序质量 Q30 值的范围在 91.36%~92.39%,均值为 92.13%。测序获得 GC 含量范围在 38.27%~41.03%,均值为 38.71%,平均质量值 35.65%,测序达到了相应要求。

**Table 2.** Summary of sequencing data for experimental materials

**表 2.** 供试材料测序数据统计表

Samples ID	Read Number	Base Number	A (%)	T (%)	G (%)	C (%)	N (%)	GC (%)	Q30 (%)	Q20 (%)	Average Q
H9	5,637,344	1,623,555,072	30.82	30.95	18.82	19.4	0	38.22	92.22	97.13	35.66
H10	5,125,987	1,476,284,256	30.8	30.93	18.87	19.4	0	38.27	92.27	97.17	35.68
H11	4,627,130	1,332,613,440	30.78	30.92	18.88	19.42	0	38.3	92.11	97.11	35.65
H12	4,580,122	1,319,075,136	29.59	29.37	20.47	20.57	0	41.03	92.21	97.05	35.65
H13	5,552,893	1,599,233,184	30.72	30.87	18.94	19.47	0	38.41	92.33	97.19	35.69
I5	4,644,248	1,337,543,424	30.73	30.82	18.94	19.51	0	38.45	91.91	96.97	35.61
I6	4,824,353	1,389,413,664	30.58	30.73	19.07	19.62	0	38.69	92.2	97.13	35.66
I7	5,718,738	1,646,996,544	30.57	30.69	19.08	19.66	0	38.74	92.24	97.14	35.67
I8	5,646,361	1,626,151,968	30.64	30.78	19	19.59	0	38.59	92.17	97.1	35.65
y1	4,176,931	1,202,956,128	30.57	30.66	19.11	19.66	0	38.77	91.36	96.8	35.51
y2	5,987,678	1,724,451,264	30.55	30.65	19.11	19.69	0	38.8	92.17	97.1	35.65
y3	6,174,039	1,778,123,232	30.66	30.8	18.98	19.56	0	38.54	92.23	97.13	35.67
y4	5,754,933	1,657,420,704	30.69	30.83	18.95	19.53	0	38.48	92.39	97.23	35.7

#### 3.1.3. SNP 分子标记的鉴定

通过序列分析,从 13 份材料里共获得 nSNP 数量均值为 402,223、转换与颠换的 SNP 均值数量分别

为 237,850、118,210；转换与颠换类型的比值 2.0 (表 3、表 4)；杂合类型的 SNP 数量、纯合类型的 SNP 数量均值分别为 182,131、97,467；平均深度 15.02；基因型缺失的 SNP 数量与参考相同的 SNP 数量均值分别为 953,777、762,964。组装得到序列条数 502647；组装得到序列覆盖总深度 8,816,020；组装得到序列平均深度 19.2，平均杂合度 0.1808、平均纯合度 0.81392。群体平均期望纯合度为 0.74287，群体平均期望杂合度为 0.2571。并根据完整度 > 0.8、次要等位基因频率(MAF) > 0.05，共获得总 snp 1,996,340 个，过滤共得到 836,840 个高一一致性的群体 SNP 用于后续分析。

**Table 3.** Summary of original variant information

**表 3.** 原始变异信息统计表

ID	nSNP	nTs	nTv	Ts/Tv	nHet	nHom	AD	nMiss	nRef
H10	302,117	202,077	100,040	2.02	182,563	119,554	15.07	848,302	845,921
H11	280,476	186,931	93,545	2	192,760	87,716	13.67	929,041	786,823
H12	52,176	33,904	18,272	1.86	51,827	349	23.17	1,943,598	566
H13	308,955	205,543	103,412	1.99	215,896	93,059	14.28	857,865	829,520
H9	300,877	200,562	100,315	2	190,040	110,837	16.44	847,602	847,861
I5	289,122	191,804	97,318	1.97	204,802	84,320	13.6	914,742	792,476
I6	288,948	193,306	95,642	2.02	186,214	102,734	14.56	908,010	799,382
I7	297,234	198,415	98,819	2.01	185,868	111,366	16.73	851,162	847,944
I8	296,023	198,250	97,773	2.03	188,481	107,542	16.24	862,561	837,756
pop	1,996,340	903,642	446,419	2.02	-	-	2.18	-	-
y1	278,312	185,684	92,628	2	177,940	100,372	13.69	938,933	779,095
y2	318,475	213,784	104,691	2.04	197,929	120,546	17.49	820,628	857,237
y3	314,294	210,035	104,259	2.01	199,549	114,745	16.76	821,389	860,657
y4	307,769	205,964	101,805	2.02	193,836	113,933	16.35	855,272	833,299
$\bar{x}$	402,223	237,850	118,210	2.00	182,131	97,467	15.02	953,777	762,964

注：pop: Population; nSNP: SNP 数量; nTs: 转换类型的 SNP 数量; nTv: 颠换类型的 SNP 数量; Ts/Tv: 转换与颠换类型的比值; nHet: 杂合类型的 SNP 数量; nHom: 纯合类型的 SNP 数量; AD: 平均深度; nMiss: 基因型缺失的 SNP 数量; nRef: 与参考相同的 SNP 数量。

**Table 4.** Average depth of assembled sequences

**表 4.** 组装序列平均深度

ID	otal_tags	total_depth	average_dept	ID	otal_tags	total_depth	average_dept
H9	465,115	9,600,914	20.6	I7	454,828	9,767,094	21.5
H10	461,971	8,559,419	18.5	I8	452,582	9,536,795	21.1
H11	437,055	7,647,678	17.5	Y1	414,423	6,805,119	16.4
H12	457,742	7,340,768	16.0	Y2	489,007	10,202,703	20.9
H13	502,647	9,185,509	18.3	Y3	491,143	10,324,729	21.0
I5	438,149	7,730,193	17.6	Y4	459,147	9,810,374	21.4
I6	433,111	8,096,969	18.7	均值	502,647	8,816,020	19.2

注：otal\_tags 组装得到序列条数; total\_depth, 组装得到序列覆盖总深度; average\_dept, 组装得到序列平均深度。

### 3.1.4. 群体遗传结构和亲缘关系分析

对开发的 SNP 分子标记根据次要基因型频率(Minor allele frequency, MAF) > 0.05、完整度 > 0.8 进行过滤, 基于过滤后的高质量 SNP, 利用统计软件 Admixture、MEGA5 和 Eigensoft 分别进行群体结构、亲缘关系及主成分分析(表 5)。居群变异 SNP 位点、多态性位点数均为 836840; 居群多态性位点的百分比例 100%; 群体中每个位点的平均个体数 9.18703; 变量 2.72683 和标准误 0.00181; 群体中每个位点的个体数方差和标准误差 2.72683、0.00181; 群体中每个位点上主要等位基因的平均频率 0.82609; 群体中观察到的平均杂合度 0.18608, 群体的纯合度 0.81392; 群体的平均期望杂合度 0.2571, 群体纯合度 0.74287; 群体的平均核酸多态性  $\pi$  值 0.27257, 群体的平均近交系数 0.29036。

### 3.1.5. 群体进化树聚类分析

在探明 13 份菜头肾材料间的亲缘关系后, 将筛选出的高一一致性 SNP 标记, 利用 MEGA5 软件的 Neighbor-joining 算法构建遗传关系聚类结果(表 5、表 6、图 1、图 2), 由此可以得出测序结果的遗传距离分析大致可分成两大类 4 小类。其中差异最大、遗传距离最远的是疑为杂交植株 H12, 它与其它 12 份材料呈极显著差异, 可独立自成一类; 第二大类为其它材料。4 小类依次 H12; H13; H10、H11; 第 4 小类为其它 9 份材料, 它们遗传距离较近, 这为推进深入研究进行综合分析提供鉴别之便。

### 3.1.6. 主成分分析

基于筛选的 SNP, 利用 EIGENSOFT 软件对供试材料进行主成分分析(Principal components analysis, PCA), 得到 13 份菜头肾材料的主成分聚类图(图 3)。将各类样本主成分分析显示: 主成分 PC1 的解释为 47.20%; 主成分 PC2 的解释为 8.37%; 主成分 PC3 的解释为 5.81%。从图 3 系列可以看出, 13 份材料

Table 5. Population genetic distance statistics  
表 5. 群体遗传距离统计

species	Distance	species	Distance	species	Distance	species	Distance	species	Distance
H10, H11	0.095	H9, I5	0.138	H10, I8	0.233	I6, y1	0.184	H11, y3	0.188
H10, H12	-21,474,8364	H10, I6	0.163	H11, I8	0.19	I7, y1	0.193	H12, y3	-214,748,364
H11, H12	-214,748,364	H11, I6	0.129	H12, I8	2.034	I8, y1	0.184	H13, y3	0.177
H10, H13	0.108	H12, I6	1.974	H13, I8	0.176	H10, y2	0.24	H9, y3	0.178
H11, H13	0.076	H13, I6	0.119	H9, I8	0.158	H11, y2	0.193	I5, y3	0.14
H12, H13	-214,748,364	H9, I6	0.201	I5, I8	0.138	H12, y2	-214,748,364	I6, y3	0.202
H10, H9	0.232	I5, I6	0.154	I6, I8	0.199	H13, y2	0.18	I7, y3	0.165
H11, H9	0.19	H10, I7	0.233	I7, I8	0.179	H9, y2	0.178	I8, y3	0.167
H12, H9	-214,748,364	H11, I7	0.19	H10, y1	0.215	I5, y2	0.14	y1, y3	0.185
H13, H9	0.18	H12, I7	-214,748,364	H11, y1	0.167	I6, y2	0.2	y2, y3	0.18
H10, I5	0.188	H13, I7	0.174	H12, y1	-214,748,364	I7, y2	0.188	H10, y4	0.236
H11, I5	0.147	H9, I7	0.177	H13, y1	0.158	I8, y2	0.18	H11, y4	0.192
H12, I5	-214,748,364	I5, I7	0.142	H9, y1	0.193	y1, y2	0.183	H12, y4	-214,748,364
H13, I5	0.132	I6, I7	0.205	I5, y1	0.145	H10, y3	0.236	H13, y4	0.178
H9, y4	0.176	I6, y4	0.199	I8, y4	0.177	y2, y4	0.177		
I5, y4	0.138	I7, y4	0.179	y1, y4	0.181	y3, y4	0.177		



Figure 1. Phylogenetic tree  
图 1. 遗传关系树状图

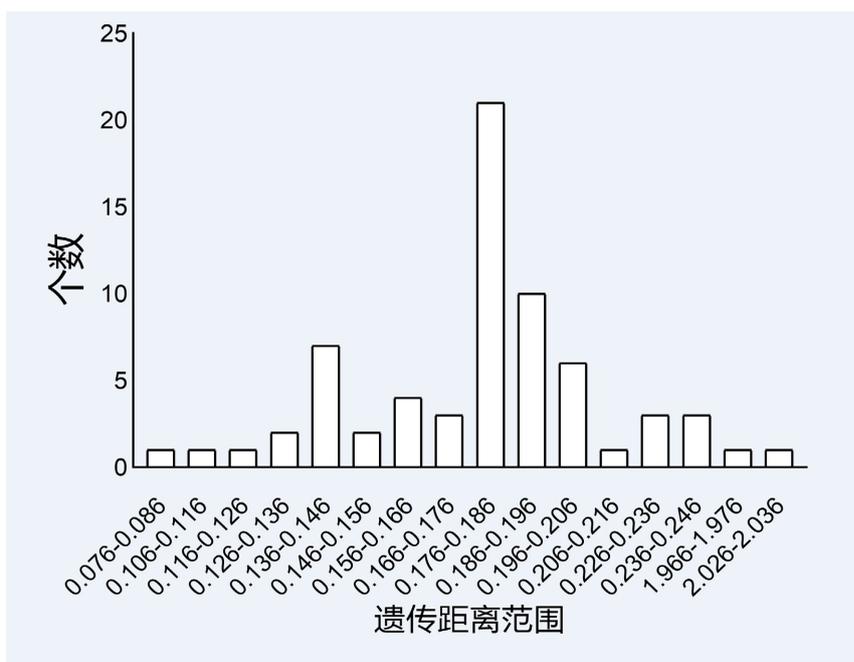


Figure 2. Genetic distance plot  
图 2. 遗传距离图

Table 6. Statistics of population genetic relationship detection factors  
表 6. 群体亲缘关系检测要素统计

Pop ID	Private Sites	Variant_Sites	Polymorphic_Sites	%Polymorphic_Loci	Num_Indv	Var	StdErr	P	
All	0	836,840	836,840	100	9.18703	2.72683	0.00181	0.82609	
Var	StdErr	Obs_Het	Var	StdErr	Obs_Hom	Var	StdErr	Exp_Het	Var
0.01511	0.00013	0.18608	0.03215	0.0002	0.81392	0.03215	0.0002	0.25713	0.01697
StdErr	Exp_Hom	Var	StdErr	Pi	Var	StdErr	Fis	Var	StdErr
0.00014	0.74287	0.01697	0.00014	0.27257	0.01913	0.00015	0.29036	0.21485	0.00181

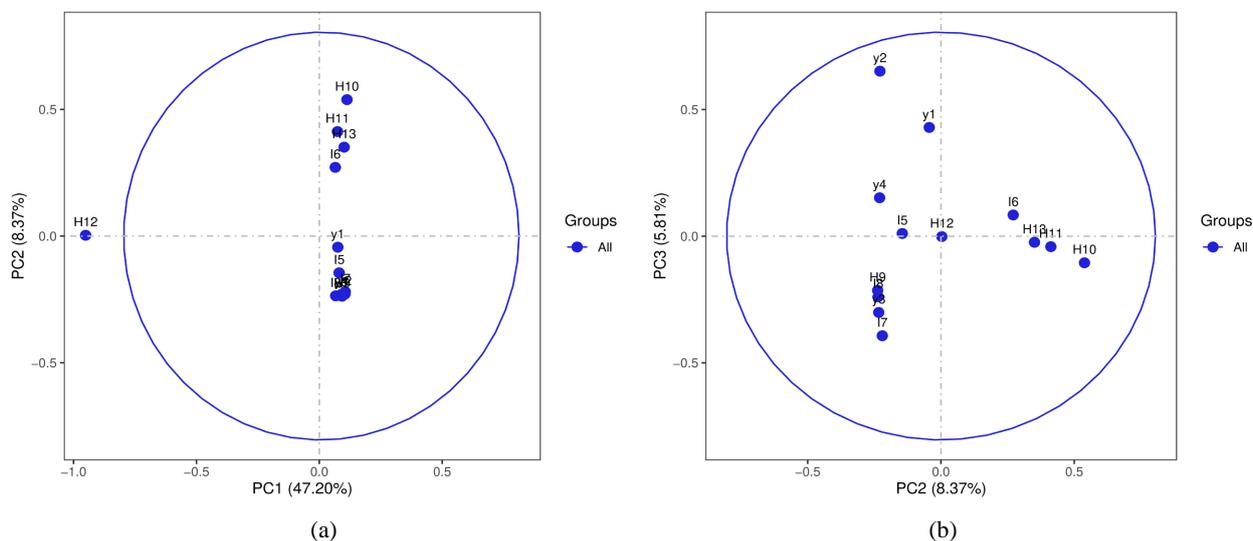


Figure 3. PCA analysis plot  
图 3. PCA 分析图

聚在一起，群体相对集中，种群类型比较丰富。因此，亲缘关系较近的材料聚在一起，差异明显截然分开(如，H12)。该结果与群体结构分析结果、聚类结果基本一致。

### 3.2. 调查后的菜头肾生长现状综合评价

13 份菜头肾种质是基于大量林间植物调查筛选的基础上取得的。经过表型比较，各个种质材料特征特性存在一定的差异。从性别的基本类型分析评判，它们中既有依靠大批量营养生长育苗的块茎或茎秆扦插种植的单株，也挖掘发现了比较稀缺的未见报道的雄株、自然杂交的雌雄同株(两性花)，如 H13、12。这样可区分为雌株、雄株、雌雄同株(花)三大类。从感病抗逆的功能性作用分析，它们绝大多数会出现根茎或茎秆腐烂病害，此属真菌病害，因此无法连作持续丰产高产优质。但也从中发现能抗(耐)真菌病害的种质。试验感知，发现雄株是育种优先培育的亲本种质。雌雄同株是目前稳定产量提高品质的一项重要举措。试验以 1% 的雄株对 99% 的营养系各类植株进行自然或人工异花杂交授粉获得初步结果：当年优质率可从 30% 显著提高到 80% 以上；根茎腐烂病感染率从连作障碍的 90%~100%，可显著下降，但不同材料、管理水平差异极显著。综合分析生长势，菜头肾抗逆性强的植株类型依次为筛选出的雄株与雌株组合、雌雄同株(自然授粉或少数人工授粉)。雄株在雌株生长边际园地，其作为授粉亲本，还对抗茎腐烂病有着重要作用，抗逆性显著于其它类型。难度在于抗菌能力强的雄株筛选后如何用于亲本单株。

## 4. 讨论

菜头肾属于我国特有的小众植物。对此进行遗传多样性分析，如鸭儿芹、羊栖菜、啤酒花等开展简化基因组测序已经取得较好成果[7]-[9]。对菜头肾利用 ddRAD 测序技术进行资源的鉴别，揭开了遗传多样性研究的序幕，代表该植物研究由传统的形态分类直接进入分子水平研究，且获得相应的效果。研究基本明确了我国现有菜头肾的亲缘关系情况，从中发现雄株(H13)、雌雄同株(H12)、雌株(Y3、Y4 等)三大性别类型；从遗传距离与树状图聚类分析结果表明，供试的 13 份材料可以比较明确地划分为四大类。这个研究结果对于菜头肾尚属首次。此前种质不清，亲缘关系不明。既往的结果都是涉及农艺性状的生态与生产调查，至于花性研究中存在自花授粉亲和，异花授粉可育现象，尤其是抗逆育种未见涉及过。研究初步涉及了居群间存在自花授粉和异花授粉的杂交结果现象。本研究对于菜头肾在不同生境下植物

连作障碍技术方法的突破可能有着借鉴作用。

菜头肾出现雄株与雌雄同株(花)现象对于种质创新不同方法的开展有着重要意义,尤其是雄株发现可作为当年的授粉亲本培育,为异花授粉创造珍贵的种源。雌雄同株现象的发现和作用,则在调研和生产中得到证实,菜头肾的雌雄花自然授粉表示它是客观存在的亲和性现象。这一研究发现,为亲本的高品质筛选组合提供育种的客观基础条件,这对缓解或解决连作障碍有着重要的学术研究与生产应用价值。董林林等[10]通过选育并结合分子标记鉴定种质的办法使二年生以上“三七”的根腐病、锈腐病同比下降43.6%、62.9%;同样,苗圃内种苗发病率分别下降83.6%、71.8%。这个方法与本研究相同,不同的是,本研究首次发现并明确了菜头肾存在不同性别及其作用现象。

连作障碍是一种植物生长存在的普遍问题,尤其是对于性价比高的中药材产业的发展显得尤为迫切,比如“三七”、“白术”等。植物中由于重茬导致自毒效应难以有效改变。这里存在缺素陷阱导致的单一营养透支问题。为此,营养消耗出现的单盐毒害和超量元素出现的肥害结果现象。同时还存在生境和栽培技术的过度干预现象,那样,使大量病原菌人为快速繁殖,其结果是使有益菌大量抑制,相对应的是病原菌失去平衡调控后快速占据主导地位,最终结果是病菌日益增多,导致生态环境恶化,病害日趋严重,为此产量品质每况愈下,产业可持续发展受挫严重。本研究对象菜头肾[12]-[14]也是如此,无论是组织培养还是露地仿野生栽培出现的主要病原菌——根(茎)腐病。因此,除战略观点的抗逆育种外,当前要现实地采取改良耕作模式,比如采取轮作、减少种植密度、矮化单株或增加生境透光率、优化或丰富营养元素比例等措施作为长短结合的有效办法。此前,课题组为此在实践中摸索菜头肾耐(抗)连作障碍技术,制订了行业技术标准,2024年为此获得浙江省林学会通过,2025年度获浙江省林业局主推技术。这样,可缓解连作障碍对于产品质量、数量和农民收入带来的直接影响。

## 5. 结论

本研究明确了菜头肾生长的基本资源,从植株色泽分析,分为黑色、红(紫)色、白色3类;从植株高度分析分为高秆、矮秆2类;从性别生长情况进行调查分类,分为雌株、雄株、雌雄同株3类;从抗逆性分析,分为感病、耐(抗)病植株2种;从基因层面分析它们的亲缘关系,并根据遗传相似性研究结果可分为两大类4小类。研究认定,菜头肾的生长并非依靠营养系栽培、块茎繁殖,指出雌雄株优化组合,当年杂交及其后代对于抗逆种质的高产优质作用具有重要意义。

## 基金项目

浙江省台州市与黄岩区项目《菜头肾病原菌分离鉴定和防治技术》(浙台科23nya03等)。

## 参考文献

- [1] 甘慈尧. 浙南本草新编[M]. 北京: 中国中医药出版社, 2016.
- [2] 姚振生, 陈京, 尤志勉, 张森尧, 刘宇文. 浙江省永嘉县道志地区菜头肾资源调查[J]. 江西科学, 2007, 4(25): 398-401.
- [3] 林泉. 浙南药用植物中的一新种——菜头肾[J]. 植物分类学报, 1975, 13(2): 94.
- [4] 张水利, 陈柳蓉, 朱安东, 等. 菜头肾的形态组织鉴定[J]. 中草药, 1999(10): 502-503.
- [5] 陈方永, 王平, 程玉芳, 倪海枝, 王引, 颜帮国, 吴江, 邱智敏, 柳新红. 菜头肾林下仿野生不同栽培方式对其品质影响研究[J]. 农业科技通讯, 2023(5): 91-94.
- [6] 程玉芳, 吴江, 王平, 王引, 倪海枝, 颜帮国, 陈方永. 不同树种林下套种菜头肾土壤微生物多样性分析[J]. 浙江农业科学, 2025, 66(11): 2764-2771.
- [7] Asiaherb (2024) *Cryptotaenia japonica* Hassk. (Apiaceae) Based on Genomic SNP Data Generated by ddRAD Sequencing, *Frontiers in Genetics*, **15**, Article 1368760.

- 
- [8] Lin, L., Wang, F., Wu, M. and Wang, S. (2022) ddRAD Sequencing-Based Scanning of Genetic Variants in *Sargassum fusiforme*. *Journal of Marine Science and Engineering*, **10**, Article 958. <https://doi.org/10.3390/jmse10070958>
- [9] 赵亚琴, 樊丛照, 张际昭, 邱远金, 辛海量, 李晓瑾, 王果平, 等. 基于简化基因组技术的啤酒花栽培种和野生种 SNP 位点开发及遗传结构分析[J]. 中草药, 2021, 20(52): 6365-6371.
- [10] 董林林, 陈中坚, 王勇, 魏富刚, 张连娟, 徐江, 等. 药用植物 DNA 标记辅助育种(一): 三七抗病品种选育研究[J]. 中国中药杂志, 2017, 1(42): 56-62.
- [11] 张金华, 周丹, 张滢, 等. Box-Behnken 设计-响应面法优化菜头肾酚类成分的提取工艺[J]. 黑龙江农业科学, 2022(5): 80-84.
- [12] 屈玲霞, 王扬, 刘永巧, 等. 菜头肾化学成分研究[J]. 中国现代中药, 2019, 21(4): 438-440.
- [13] 郑毅, 周建武, 陈小玲, 陈臻, 潘云飞, 潘教大. 珍稀药用植物菜头肾的人工栽培技术[J]. 农业科技通讯, 2016(9): 252-253.
- [14] 姚丽娟, 胡仁勇, 徐晓薇, 等. 菜头肾离体快繁技术探讨[J]. 浙江农业科学, 2009(2): 305-307.